

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA (UNESP)
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS
CAMPUS DE DRACENA**

Danilo Pereira da Silva

Zootecnista

**REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE DE
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE BEM-
ESTAR ANIMAL EM BOVINOS DE LEITE**

DRACENA

2022

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA (UNESP),
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS,
DRACENA**

Danilo Pereira da Silva

Zootecnista

**REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE DE
PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE BEM-
ESTAR ANIMAL EM BOVINOS DE LEITE**

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas – FCAT/Unesp como parte das exigências para a obtenção de título de Mestre em Ciência e Tecnologia Animal (Programa Ciência e Tecnologia Animal).

Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca

Co-orientador: Prof. Dr. Gustavo V. Polycarpo

DRACENA
2022

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvida pela Seção Técnica de Biblioteca e Documentação
Campus de Dracena

S586r

Silva, Danilo Pereira da.

Revisão sistemática e metanálise de parâmetros genéticos para indicadores de bem-estar animal em bovinos de leite / Danilo Pereira da Silva. -- Dracena: [s.n.], 2022.

95 f. : il.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Dracena. Área do conhecimento: Produção Animal, 2022.

Orientador: Ricardo da Fonseca

Coorientador: Gustavo V. Polycarpo

1. Estatística. 2. Bovino de leite. 3. Genética animal. 4. Animais - Melhoramento genético. I. Título.

Bibliotecário Fábio Sampaio Rosas
CRB 8/6665



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Dracena



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: Revisão Sistemática e Metanálise de Parâmetros Genéticos para Indicadores de Bem-Estar Animal em Bovinos de Leite

AUTOR: DANILO PEREIRA DA SILVA

ORIENTADOR: RICARDO DA FONSECA

COORIENTADOR: GUSTAVO DO VALLE POLYCARPO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em CIÊNCIA E TECNOLOGIA ANIMAL, área: Produção Animal pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. GUSTAVO DO VALLE POLYCARPO (Participação Virtual)
Departamento de Produção Animal / FCAT / UNESP – Câmpus de Dracena

Profa. Dra. CRISTIANA ANDRIGHETTO (Participação Virtual)
Departamento de Produção Animal / FCAT - UNESP - Câmpus de Dracena

Profa. Dra. TÁSSIA SOUZA BERTIPAGLIA (Participação Virtual)
Ciências Agrárias / Universidade do Oeste de Santa Catarina

Dracena, 31 de maio de 2022

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Danilo Pereira da Silva, filho de Antônio Marcos Pereira da Silva e Vera Neusa da Silva, nascido em 30 de abril de 1991, na cidade de Álvares Machado/SP, cursou o ensino fundamental na escola EMEIF. Vereador José Molina e o ensino médio na escola Estadual Profª. Angélica de Oliveira ambas em Álvares Machado, concluindo no ano de 2008. Em 2011 iniciou o curso técnico em agropecuária pelo Centro Paula Souza, ETEC. Prof. Dr. Antônio Eufrásio de Toledo em Presidente Prudente, obtendo o título de Técnico em Agropecuária no ano de 2013. No ano de 2015 ingressou no curso de Zootecnia na Universidade do Oeste Paulista – UNOESTE, em Presidente Prudente, através do programa de universidade para todos (PROUNI), obtendo o grau de Zootecnista no ano de 2019. Durante a graduação, fez iniciação científica sem bolsa através do programa especial de iniciação científica (PEIC), nas áreas de bovinocultura de corte e leite, ovinocultura e avicultura de postura, além de desenvolver atividade de monitoria na disciplina de Anatomia Animal. No ano de 2020 ingressou no programa de mestrado em Ciência e Tecnologia Animal pela Universidade Estadual Paulista (UNESP) - Campus de Dracena.

DEDICATÓRIA

Ao meus pais, Antônio Marcos Pereira da Silva e Vera Neusa da Silva aos meus irmãos Adriano José Pereira da Silva e Daniel Pereira da Silva (*In memoriam*) e a minha querida tia e madrinha Maria Lúcia do Santos, por estarem ao meu lado em todos os momentos, sempre me apoiando me permitindo alcançar mais essa conquista.

Com amor, dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por me permitir chegar até onde cheguei, protegendo-me e guardando-me, em todos meus caminhos, desafios e conquistas.

À minha família, meus pais Antônio e Vera, por estarem ao meu lado em todos os momentos, me apoiando sempre, sem vossos conselhos, exemplos e ensinamentos não me tornaria o que sou hoje, gratidão eterna a vocês. Ao meu irmão, Adriano, por todo incentivo e companheirismo durante todos esses anos juntos. A minha tia Maria Lúcia, que só transmite coisas boas de incentivo, amor, carinho e dedicação.

Ao Professor Dr. Ricardo da Fonseca, meu orientador, agradeço pela amizade, confiança, paciência e compreensão nos momentos difíceis desta jornada, obrigado por toda troca de experiência, ajuda, conselhos e ensinamentos, gratidão sempre ao senhor.

Ao meu Co-orientador, Professor Gustavo do Valle Polycarpo, por todo auxílio e contribuição para com este trabalho, sempre me ajudando quando o solicitava, sua experiência e colaboração foram valiosas.

Aos meus primos e tias, Marcelo Galli, Leandro Rocha, Daniela Rocha, Thais Rocha e Tatiane Rocha, Fatima Rocha e Ivete Rocha por todo apoio, incentivo, conselhos e momentos de descontração agradeço de coração todo carinho, pois, sem a presença e apoio de vocês tudo seria mais difícil.

Aos meus amigos, especialmente os mais próximos, Marinês Takahara, Fernanda Ferreira, Matheus Calado, Bruno Emerick, Verônica Letícia, Maria Angélica, Michele Souza, Fraine Aléssio, Alexandre Queiroz, Renata Sampaio entre muitos outros, a amizade foi fundamental neste período, assim como sempre foi. Agradeço por me ouvirem quando precisei, pela companhia e momentos agradáveis.

Gostaria de deixar um agradecimento especial ao Prof. Dr. Marcos Aurélio Factori e sua esposa Juliana Martins, por toda ajuda, apoio, incentivo e conselhos, gratidão sempre. A secretária de seção técnica de graduação e pós-graduação Édna S.K.T. Lorenzon, obrigado por toda ajuda durante esse período, sempre muito prestativa, empenhada e solícita.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de financiamento

“ Construi amigos, enfrentei derrotas, venci obstáculos, bati na porta da vida e disse-lhe: Não tenho medo de vivê-la. ”

Augusto Cury

RESUMO

Encontrar um ponto de equilíbrio entre a produção animal sem prejudicar o bem-estar dos indivíduos, ainda é um desafio no cotidiano das grandes cadeias de produtos de origem animal. Entretanto, a busca por inovações nos sistemas de criação visando melhores condições de ambiente, saúde e alimentação animal, cresceu nas últimas décadas em virtude de medidas restritivas impostas pelos principais compradores de proteína animal do Brasil. Os objetivos deste trabalho foram realizar uma revisão sistemática acerca dos indicadores de bem-estar utilizados em programas de melhoramento de gado de leite e, posteriormente, produzir uma metanálise para estimação de herdabilidades dos principais indicadores de bem-estar. Definidas as estratégias de busca, as pesquisas realizadas nas bases de dados Web of science, Scopus, Scielo e Pubmed retornaram 2168 estudos dos quais, após passarem pelos processos de identificação, seleção, elegibilidade e inclusão, 47 estudos foram selecionados. Retiradas dos artigos selecionados, 90 estimativas de herdabilidades foram utilizadas no processo de metanálise considerando as características indicadoras de bem-estar (Mastite, Úlcera de sola, Dermatite Digital, Doença de linha Branca, Claudicação, Contagem de Células somáticas e Hiperplasia Interdigital). Utilizou-se para as estimativas um modelo de efeito aleatório, sendo todas as análises realizadas pelo programa R, por meio do pacote Metafor. As estimativas obtidas através da estatística combinada de estudos para contagem de células somáticas, mastite, hiperplasia digital, doença de linha branca, claudicação, dermatite digital e úlcera de sola, apresentaram valores de baixa magnitude (0,10, 0,06, 0,10, 0,04, 0,04, 0,09 e 0,06). Embora existam poucos trabalhos relacionados a metanálise de indicadores de bem-estar em bovinos de leite em programas de melhoramento genético, os dados obtidos neste estudo poderão ser utilizados em simulações de dados pelos programas de melhoramento, critérios de seleção animal, construção de índices, subsídios para pesquisa, ensino e outras metanálises.

Palavras Chaves: Estatística. Bovino de leite. Genética animal. Animais - Melhoramento genético.

ABSTRACT

Finding a balance between animal production without animal welfare is still a challenge not for large animal product production chains. However, the search for innovations in Brazil seeks innovations in breeding systems for the best conditions of environment, health and animal feed, restrictive measures in the latter in search of the main suppliers of animal protein in the country. The objectives of this work were a systematic review of the welfare indicators in relation to the improvement of dairy cattle and later, produce a meta-analysis to carry out heritability programs of the main welfare indicators. Defined as search strategies, as performed in the identification data bases Web of science, Scopus, Scielo and Pubmed of the studies that returned 2168 studies, after going through the study, selection, eligibility and inclusion processes, 47 were select. Ninety were taken from the estimates of heritability analyzes used in the met line process, considering as characteristics indicative of well-being (Mastitis, Sole Ulcer, Digital Dermatitis, White Line Disease, Lameness, Somatic Cell Count and Interdigital Hyperplasia). A random effect model was used for the estimates, being all the execution estimates by the R program, through the Metafor package The estimates obtained through the combined statistics of studies for somatic cell count, mastitis, digital hyperplasia, white line disease, lameness, digital dermatitis and sole ulcer, presented values of low magnitude (0.10, 0.06, 0, 10, 0.04, 0.04, 0.09 and 0.06). Although few works are related to the meta-analysis of welfare indicators in dairy cattle in breeding programs, the results obtained in this study can be used in simulations of breeding programs, animal selection criteria, construction of indices, even more for research, teaching, and other meta-analyses.

Keywords: Statistic. Dairy cattle. Animal genetics. Animal - Genetical enhancement.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários realizados neste estudo.....	38
Figura 2 - Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	42
Figura 3 - Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo de bem-estar.	43
Figura 4 - Gráfico de funil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	44
Figura 5 - Gráfico de funil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola, sem a inclusão do grupo de bem-estar.	44
Figura 6 - Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	45
Figura 7 - Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola, sem a inclusão do grupo bem-estar.	45
Figura 8 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	57
Figura 9 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	58
Figura 10 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	59
Figura 11 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	60
Figura 12 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.	61
Figura 13 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	62
Figura 14 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.	63
Figura 15 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	64
Figura 16 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo de bem-estar animal.	65

Figura 17 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.	66
Figura 18 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.	67
Figura 19 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	68
Figura 20 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.	69
Figura 21 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	70
Figura 22 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.	71
Figura 23 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	71
Figura 24 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.	72
Figura 25 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.	72
Figura 26 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.	73
Figura 27 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	73
Figura 28 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo de bem-estar animal.	74
Figura 29 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.	74
Figura 30 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.	75
Figura 31 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	75
Figura 32 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.	76
Figura 33 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	76
Figura 34 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.	77
Figura 35 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	77
Figura 36 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.	78
Figura 37 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	78

Figura 38 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	79
Figura 39 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	79
Figura 40 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	80
Figura 41 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	80
Figura 42 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	81
Figura 43 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	81
Figura 44 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.	82
Figura 45 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	82
Figura 46 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.	83
Figura 47 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	83
Figura 48 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	84
Figura 49 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	84
Figura 50 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	85
Figura 51 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	85
Figura 52 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	86
Figura 53 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	86
Figura 54 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	87
Figura 55 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	87
Figura 56 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	88
Figura 57 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	88

Figura 58 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.	89
Figura 59 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	89
Figura 60 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.	90
Figura 61 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.	90
Figura 62 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.....	91
Figura 63 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.....	91

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Herdabilidades de características indicadoras de bem-estar-animal em bovinos de leite.....	23
Tabela 2 - Estimativas da quantidade total de heterogeneidade (τ^2), raiz quadrada da estimativa de heterogeneidade total (τ), porcentagem da variabilidade total devido à heterogeneidade (I^2 %), variabilidade total dividido pela variância dentro do estudo (H^2) com seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade, desvio padrão (DP) e teste de heterogeneidade (Q) do modelo aleatório para as principais características indicadoras de bem-estar animal.....	39
Tabela 3 - Estimativas da quantidade total de heterogeneidade (τ^2), raiz quadrada da estimativa de heterogeneidade total (τ), porcentagem da variabilidade total devido à heterogeneidade (I^2 %), variabilidade total dividido pela variância dentro do estudo (H^2) com seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade, desvio padrão (DP) e teste de heterogeneidade (Q) do modelo aleatório para as principais características indicadoras de bem-estar animal, sem a utilização do grupo bem-estar animal.....	41
Tabela 4 - Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras de bem-estar animal.....	46
Tabela 5 - Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras sem a utilização do grupo bem-estar animal.....	47

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS	16
1.1 Introdução.....	16
1.2 Objetivo Geral	17
1.2.1 Objetivo específico	17
1.3 Revisão de Literatura	17
1.3.1 Revisão sistemática.....	17
1.3.2 Metanálise	19
1.3.3 Indicadores de bem-estar em gado de leite e parâmetros genéticos associados	21
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	24
CAPÍTULO 2 - REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE BEM-ESTAR ANIMAL EM BOVINOS DE LEITE.	31
2.1 Introdução	32
2.2 Metodologia.....	34
2.2.1 Definição da pergunta de pesquisa	34
2.2.2 Estratégia de busca na literatura.....	34
2.2.3 Seleção dos artigos	35
2.2.4 Extração de dados.....	35
2.2.5 Análise dos dados	36
2.2.5.1 Análise de viés de publicação	36
2.2.6 Metanálise	36
2.2.6.1 Modelos estatísticos	36
2.2.7 Estimativas de parâmetros genéticos (Herdabilidades).....	37
2.3 Resultados e Discussão	38
2.4 Considerações	48
2.5 Conclusão	51
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52
Apêndice 1	57
Apêndice 2	71
Apêndice 3	78
Apêndice 4	85
Apêndice 5	92

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

1.1 Introdução

A revisão sistemática é uma técnica que vem sendo utilizada por pesquisadores com a finalidade de apontar lacunas de conhecimento que precisam ser preenchidas, direcionando, então, a utilização de recursos para áreas em que são prioritárias a investigação científica. De modo geral, busca-se responder uma questão fundamental elaborada pelos autores. A revisão sistemática é uma pesquisa secundária, por utilizar resultados já publicados de vários estudos.

Quando possível, os dados coletados na revisão sistemática são submetidos a uma metodologia específica, denominada metanálise, a qual se baseia na aplicação de procedimentos estatísticos já bem estabelecidos. A Metanálise tem como objetivo obter uma resposta única e confiável para o conjunto dos resultados sobre um mesmo tema (GIANNOTTI, 2004). Essas técnicas podem ser utilizadas no contexto do melhoramento genético animal para se obter, por exemplo, parâmetros genéticos que sirvam como referência para estudos de simulação ou ainda para o aumento do tamanho da amostra para obtenção de estimativas mais confiáveis para utilização em estudos futuros ou mesmo para tomada de decisões em programas de melhoramento genético animal.

Especificamente no contexto do gado de leite, a revisão sistemática pode ser utilizada para estudo das características que têm sido utilizadas e seus respectivos parâmetros genéticos. A coleta dos parâmetros genéticos dos estudos também nos permite desenvolver a meta-análise para obtenção de parâmetros genéticos estimados com base nos diversos estudos selecionados, as quais, devido ao aumento do tamanho de amostra, tendem a ser mais confiáveis, podendo, portanto, ser utilizadas em trabalhos de simulação de dados, seleção de indivíduos e para tomada de decisões em programas de melhoramento genético animal.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi realizar uma revisão sistemática acerca dos indicadores de bem-estar utilizados em programas de melhoramento de gado de leite e seus respectivos parâmetros genéticos, e realizar uma meta-análise para estimação de herdabilidades para os principais indicadores de bem-estar animal encontrado.

1.2 Objetivo Geral

Realizar um levantamento dos indicadores de bem-estar utilizados em programas de Melhoramento Genético Animal e sua forma de coleta em gado de leite no Brasil.

1.2.1 Objetivo específico

Obter estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidades) para as características (Mastite, contagem de células somáticas, dermatite digital, úlcera de sola, hiperplasia interdigital, doença de linha branca e claudicação) por meio da técnica de meta-análise.

1.3 Revisão de Literatura

1.3.1 Revisão sistemática

As avaliações realizadas em um conjunto de dados provenientes de vários estudos são compreendidas como um método de pesquisa denominada de revisão sistemática (BRASIL, 2014). Segundo a organização Cochrane, revisão sistemática de literatura é um estudo secundário que tem como objetivo reunir estudos semelhantes, publicados ou não, avaliando-os criticamente em sua metodologia e reunindo-os em uma análise estatística, a metanálise, quando isto é possível. Por resumir todos os estudos originais em um mesmo tema, as revisões sistemáticas são consideradas como evidência de alta qualidade.

Embora faça parte do grupo de revisões de literatura existentes, a revisão sistemática se difere das demais revisões tradicionais, por realizar uma descrição detalhada dos métodos e critérios utilizados para selecionar, avaliar, incluir ou excluir estudos, além de reduzir possíveis vieses por meio do uso de métodos explícitos para realizar uma pesquisa bibliográfica abrangente. Assim, em comparação com as revisões tradicionais, a revisão sistemática responde a uma questão de investigação bem definida, sendo caracterizada por ser metodologicamente abrangente, transparente e reaplicável (DONATO; DONATO, 2019).

De acordo com a organização Cochrane, Higgins e Green (2011) e Galvão e Pereira (2014), uma revisão sistemática bem estruturada deve-se fixar em alguns passos importantes em sua elaboração conforme listado abaixo:

a) Formulação da pergunta - questões mal formuladas levam a decisões obscuras sobre o que deve ou não ser incluído na revisão. Assim uma pergunta bem formulada, onde são definidos população, intervenção, comparação, resultado, entre outros, é o passo inicial na realização da revisão sistemática.

b) Localização e seleção dos estudos - não existe uma única fonte de busca de estudos. Para identificar todos os estudos relevantes, utilizamos as bases de dados eletrônicas existentes da área, verificar as referências bibliográficas dos estudos relevantes, solicitar estudos de especialistas, e pesquisar manualmente algumas revistas e anais de congressos se for o caso. Para cada uma das fontes utilizadas deve ser detalhado o método utilizado.

c) Avaliação crítica dos estudos - são critérios para determinar a validade dos estudos selecionados e qual a probabilidade de suas conclusões estarem baseadas em dados viciados. Com a avaliação crítica determinamos quais são os estudos válidos que irão ser utilizados na revisão; e os que não preenchem os critérios de validade são citados e explicado o porquê de sua exclusão.

d) Coleta de dados - todas as variáveis estudadas devem ser observadas nos estudos e resumidas, além das características do método, população e resultados, que permitirão determinar a possibilidade de comparar ou não os estudos selecionados.

e) Análise e apresentação dos dados - baseado na semelhança entre os estudos, estes serão agrupados para a meta-análise. Cada um desses agrupamentos deverá ser preestabelecido no projeto, assim como a forma de apresentação gráfica e numérica, para facilitar o entendimento do leitor.

f) Interpretação dos dados - é determinada a força da evidência encontrada, a aplicabilidade dos resultados, informações sobre custo e a prática corrente que sejam relevantes, e determinados claramente os limites entre os benefícios e os riscos.

g) Publicação dos dados - uma vez publicada a revisão sofrerá críticas e receberá sugestões que devem ser incorporadas às edições subsequentes, caracterizando uma publicação viva, e ainda ser atualizada cada vez que surjam novos estudos sobre o tema.

A revisão sistemática pode ser aplicada a qualquer área do conhecimento, porém seu uso está mais concentrado nas áreas da saúde (LOVATTO *et al.* 2007). Entretanto nos últimos anos, devido suas vantagens passou a ser implementada nas

demais áreas, porém, nas ciências agrárias seus relatos de uso ainda se apresentam em pequena quantidade. Uma das primeiras abordagens utilizadas foi descrita por pesquisadores australianos, que aplicaram a revisão sistemática para avaliar evidências do uso de antimicrobianos em animais (SARGEANT *et al.* 2006). De lá para cá os estudos se espalharam dentre as diversas cadeias da produção animal com pesquisas de revisões sistemáticas sobre: qualidade do leite (STRASSBURGER, 2019), sistemas silvipastoril (BENTO; SCHMITT FILHO; FAITA, 2019), comportamento ingestivo de bovinos (GUIMARÃES, 2020), tecnologia para ambientes aviários (OLIVEIRA, 2021), entre outros.

Como os benefícios da revisão sistemática são muitos, pesquisas na área de melhoramento genético animal, por meio de revisões sistemáticas vêm crescendo de forma constante no decorrer dos últimos anos. Trabalhos relacionados a estudos genômicos e caracterização gênica apresentaram maior uso da técnica por pesquisadores, por exemplo, mapeamento quantitativo de loci de características em gado de leite (KHATKAR *et al.* 2004), estudos genômicos na prolificidade de cabras de leite (SOUZA, *et al.* 2018), Soares *et al.* (2020), por meio de uma revisão sistemática avaliaram a expressão diferencial de genes de bovinos de leite em estado de balanço energético negativo e cetose.

Direcionando sua pesquisa a saúde humana e animal Alvarenga *et al.* (2021), por meio de uma revisão sistemática, identificaram regiões genômicas e genes candidatos subjacentes a características comportamentais em bovinos de corte, leite, ovinos e suínos e sua relação com doenças em seres humanos. A revisão sistemática também foi utilizada por (BAYSSA *et al.* 2021), para avaliar a produção, reprodução e algumas características de adaptação de raças de gado Boran sob mudanças climáticas.

1.3.2 Metanálise

Com o avanço das pesquisas científicas no Brasil e no mundo, todos os anos ocorre um aumento exponencial no número de artigos publicados em periódicos das mais diversas bases de dados existente, entretanto, o grande número de artigos sobre um mesmo tema levou a formação de informações distintas, fazendo-se necessário a aplicação de um estudo que tivesse como finalidade reunir esses resultados e gerar uma resposta única e confiável sobre determinado assunto, denominamos esse estudo como meta-análise (LOVATTO *et al.* 2007).

Diante deste contexto, Rodrigues e Ziegelmann (2010) afirmou que a metanálise é um procedimento estatístico capaz de combinar os resultados de diferentes estudos e obter uma resposta única, uma estimativa que resume o todo, e que pode ser chamada de estimativa meta-analítica. Um dos objetivos da avaliação meta-analítica é extrair a informação adicional de dados preexistentes por meio da união de resultados de diversos trabalhos e pela aplicação de uma ou mais técnicas estatísticas (CANELLAS, 2015). Diferentes técnicas de análise estatística podem ser aplicadas, dependendo apenas da natureza dos dados e dos objetivos do estudo (SAUVANT *et al.* 2008). Contudo, a meta-análise exige disciplina em todo seu processo e na sistematização dos resultados, para que o resultado estimado seja totalmente confiável (LOVATTO *et al.* 2007).

Segundo Lovatto *et al.* (2007), a meta-análise iniciou nas ciências sociais, mais precisamente na área de educação, posteriormente se desenvolveu na medicina e hoje está sendo realizada em todas as áreas científicas.

As vantagens da meta-análise recentemente vêm sendo aproveitadas pelos pesquisadores na área do melhoramento genético animal para várias espécies e raças de animais domésticos. Por exemplo, Rubio *et al.* (2016), estudaram métodos de implementação da meta-análise para análises de associação utilizando três populações diferentes de suínos. Kaic *et al.* (2016), aplicaram meta-análise para estudar a composição de ácidos graxos em ovinos da raça mediterrânea, reunindo resultados de alguns artigos encontrados na literatura.

Van Den Berg, Boichard e Lund (2016), estudaram a meta-análise como uma aproximação para uma análise multi-característica entre várias raças de gado de leite.

Utilizando três raças de gado de leite e dados de sequências, Pausch *et al.* (2017) e Marete *et al.* (2018), utilizaram a meta-análise para detecção de QTLs (GWAS); Blaj *et al.* (2018), também utilizaram a meta-análise para GWAS mas utilizaram três populações diferentes de suínos. Bouwman *et al.* (2018), utilizaram a meta-análise com sete populações de gado de corte para estudar a estrutura genética da característica estatura. Oliveira *et al.* (2018), utilizaram dados de vários trabalhos da literatura com a raça Nelore para realizar uma meta-análise para estimação de herdabilidades e correlações genéticas para várias características. A literatura científica também foi utilizada por Leroy (2014), para estimar coeficientes

de endogamia e por Bunning *et al.* (2019) para estimar os níveis de heterose para várias características em gado de corte.

1.3.3 Indicadores de bem-estar em gado de leite e parâmetros genéticos associados

O bem-estar dos animais é determinado pela interação entre as características intrínsecas do animal e o seu ambiente de criação (BRITO *et al.* 2020). Os animais em sistemas de produção estão constantemente expostos a uma variedade de agentes estressores, sejam eles ambientais (calor, frio, chuva, granizo, vento, entre outros) ou por práticas de manejo (presença de humanos, ruídos, objetos estranhos, espaço restrito, entre outros, desta forma, o bem-estar e a produtividade dos animais dependerá da capacidade do indivíduo em enfrentar e reagir a esses desafios (HU *et al.* 2019).

A definição de indicadores de bem-estar depende em grande parte de uma compreensão clara dos mecanismos biológicos e emocionais por trás da variabilidade da característica fenotípica observada na resposta do animal a diferentes estímulos (BRITO *et al.* 2020).

À medida que a ciência do bem-estar animal avança, novos conceitos de indicadores de bem-estar são criados. Neste contexto, Marchant-Forde (2015), relatou que avaliações precisas do bem-estar devem ser compostas de componentes que descrevem e quantificam os estados celulares, físicos, fisiológicos / bioquímicos e psicológicos, podendo incluir escalas de pontuação para indicadores adicionais de saúde e comportamento.

Entretanto, Pereira (2017), afirmou que as medidas de avaliação de bem-estar, basicamente se dividem em duas categorias. A primeira seria os indicadores diretos que estão relacionados ao ambiente, onde se descreve as características do sistema de produção e do manejo. Já a segunda está relacionada aos parâmetros animais, considerados indicadores indiretos, baseados em medidas de comportamento, saúde e fisiologia.

A bovinocultura de leite apresenta diversos indicadores de bem-estar animal dentro dos estados nutricionais, de conforto, sanitários e comportamentais (BROOM, 1986). Em se tratando de uma cadeia de produção diária, os efeitos da ausência de bem-estar são constantes durante a vida de um indivíduo, pois sempre estarão submetidos a algum tipo de desconforto.

Indicadores nutricionais têm como objetivo identificar a ocorrência de fome, sede e subnutrição animal (HAMMERSCHMIDT; MOLENTO, 2014). A fome prolongada pode ser apontada por meio do escore de condição corporal, itens presentes na alimentação e sua frequência de fornecimento. A sede pode ser observada por meio da observação de água fresca, limpa e sua disponibilidade ao animal. Já os indicadores de conforto são utilizados para identificar se o animal se encontra livre de desconforto físico e térmico, utilizando-se de informações baseadas no ambiente onde o animal habita, como por exemplo, presença de abrigo adequado à espécie, superfície confortável para descanso e limpa.

Os indicadores sanitários têm como finalidade a identificação de dor, doenças ou ferimentos nos animais por meio de diagnósticos de exame físico. O protocolo ainda inclui mensurações de comportamentos relacionados à dor, como arqueamento do dorso, claudicação e identificação de sinais de doença clínica possíveis de serem usados no campo. Por fim, os indicadores comportamentais são baseados no diagnóstico das possibilidades de execução do comportamento natural, nas informações referentes aos recursos presentes no ambiente e em observações comportamentais diretas (WELFARE QUALITY, 2009).

Buscando contribuir na diminuição dos impactos causados por efeitos maléficos no estado de bem-estar, o melhoramento genético animal por meio de suas técnicas visa encontrar saídas que possam minimizar tais efeitos. Dentre algumas alternativas, a seleção genética para melhorar o bem-estar animal foi pesquisada e implementada em bovinos nas últimas décadas (RODENBURG; TURNER, 2012; CANÁRIO *et al.* 2013).

Para realizar seleção genética de forma precisa, é necessário fazer o levantamento do máximo de informações referente a característica que deseja selecionar, por meio de históricos, análises, provas, parâmetros entre outros.

A estimação de parâmetros genéticos como herdabilidade é indispensável nesse processo. Uma vez possuindo esse parâmetro, os programas de melhoramento genéticos contarão com uma ferramenta imprescindível que facilitará e ajudará na seleção de animais resistentes/resilientes. Neste contexto, várias características indicadoras associadas ao bem-estar animal mostram-se ser hereditárias (Tabela 1).

Tabela 1 - Herdabilidades de características indicadoras de bem-estar animal em bovinos de leite.

Características	Raças	Herdabilidades	Referências
Saúde do Úbere			
CCS ¹	Holandesa	0,04 a 0,19	Romano <i>et al.</i> 2020 Chegini <i>et al.</i> 2019 Martins <i>et al.</i> 2011 Kadarmideen <i>et al.</i> 2001
	Jersey	0,58	Dube <i>et al.</i> 2009
Mastite	Holandesa	0,01 a 0,06	Chegini <i>et al.</i> 2019 Yamaguchi <i>et al.</i> 2019 Abdelsayed <i>et al.</i> 2017
Saúde do Casco			
Úlcera de Sola	Holandesa	0,08 a 0,26	Shabalina <i>et al.</i> 2020 Perez-Cabral, 2015 Oberbauer <i>et al.</i> 2013
Sola Crescida		0,20	Ring <i>et al.</i> 2018
Claudicação		0,02	Abdelsayed <i>et al.</i> 2017
Condição Corporal			
ECC ²	Holandesa	0,02 a 0,38	Kadarmideen, 2004 Berry <i>et al.</i> 2002 Veer Kamp, 2001

¹CCS: Contagem de células somáticas; ²ECC: Escore de Condição Corporal.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor

Há grande variabilidade na resposta dos animais aos fatores de estresse (TURNER *et al.* 2018). Portanto, a avaliação do bem-estar é necessária para identificar os animais mais resistentes e saudáveis para fins de reprodução, bem como para desenvolver estratégias de mitigação para minimizar ou eliminar os problemas de bem-estar (BRITO *et al.* 2020).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVARENGA, A. B.; OLIVEIRA, H. R.; CHEN, S. Y.; MILLER, S. P.; MARCHANT-FORD, J. N.; GRIGOLETTO, L.; BRITO, L. F. A. Systematic review of genomic regions and candidate genes underlying behavioral traits in farmed mammals and their link with human disorders. **Animals**, [S.l.] v. 11, n. 3, p. 715, 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/11/3/715>. Acesso em: 25 ago. 2021.

ABDELSAYED, M.; HAILE-MARIAM, M.; PRYCE, J. E. Genetic parameters for health traits using data collected from genomic information nucleus herds. **Journal of dairy science**, [S.l.], v. 100, n. 12, p. 9643-9655, 2017. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217309013>. Acesso em: 10 set. 2021.

BAYSSA, M.; YIEGREM, S.; BETSHA, S.; TOLERA, A. Production, reproduction and some adaptation characteristics of Boran cattle breed under changing climate: a systematic review and meta-analysis. **PloS one**, [S.l.], v. 16, n. 5, p. e0244836, 2021. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0244836>. Acesso em: 20 ago. 2021.

BENTO, G. P.; SCHMITT FILHO, A. L.; FAITA, M. R. Sistemas silvipastoril no Brasil: uma revisão sistemática. **Research, Society and Development**, [S.l.], v. 9, n. 10, p. e7019109016-e7019109016, 2020. Disponível em: <https://www.rsdjournal.org/index.php/rsd/article/view/9016>. Acesso em: 21 ago. 2020.

BERRY, D. P.; BUCKLEY, F.; DILLON, P.; EVANS, R. D.; RATH, M.; VEERKAMP, R. F. Genetic parameters for level and change of body condition score and body weight in dairy cows. **Journal of dairy science**, [S.l.], v. 85, n. 8, p. 2030-2039, 2002. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203020274280X>. Acesso em: 20 ago. 2021.

BOUWMAN, A. C. Meta-analysis of genome-wide association studies for cattle stature identifies common genes that regulate body size in mammals. **Nature genetics**, [S.l.], v. 50, n. 3, p. 362-367, 2018. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41588-018-0056-5>. Acesso em: 25 jul. 2020.

BUNNING, H.; WALL, E.; CHAGUNDA, M. G. G.; BANOS, G.; SIMM, G. Heterosis in cattle crossbreeding schemes in tropical regions: meta-analysis of effects of breed combination, trait type, and climate on level of heterosis. **Journal of animal science**, [S.l.], v. 97, n. 1, p. 29-34, 2019. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article/97/1/29/5139663?login=true>. Acesso em: 20 jul. 2020.

BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos Departamento Ciência e Tecnologia. Coordenação-Geral de Gestão do Conhecimento. **Diretrizes metodológicas**. Brasília: Ministério da Saúde, 2014.

BLAJ, I.; TETENS, J.; PREUB, S.; BENNEWITZ, J.; THALLER, G. Genome-wide association studies and meta-analysis uncovers new candidate genes for growth and carcass traits in pigs. **PLoS One**, [S.l.], v. 13, n. 10, p. e0205576, 2018. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0205576>. Acesso em: 20 jul. 2020.

BRITO, L. F.; OLIVEIRA, H. R.; MCCONN, B. R.; SCHINCKEL, A. P.; ARRAZOLA, A.; MARCHANT-FORD, J. N.; JOHNSON, J. S. Large-scale phenotyping of livestock welfare in commercial production systems: a new frontier in animal breeding. **Frontiers in Genetics**, [S.l.], v. 11, 2020. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7411239/>. Acesso em: jan. 2021.

BROOM, D. M. **Indicators of poor welfare**. British Veterinary Journal, [S.l.], v. 142, p. 524-526, 1986.

CANELLAS, J. M. **Revisão sistemática e meta-análise do perfil lipídico da carne de bovinos de corte**. 2015. 104 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Veterinária) - Faculdade de Veterinária, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2015. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/handle/10183/139459>. Acesso em: 16 set. 2021.

CANÁRIO, L.; MIGNON-GRASTEAU, S.; DUPONT-NIVET, M.; PHOCAS, F. Genetics of behavioural adaptation of livestock to farming conditions. **Animal**, [S.l.], v. 7, n. 3, p. 357-377, 2013. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/animal/article/genetics-of-behavioural-adaptation-of-livestock-to-farming-conditions/5EA191BB037A4A925973FEBB02DD4DDC>. Acesso em: 27 ago. 2021.

CHEGINI, A.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; MOGHADDAM, S. H. H.; SHADPARVAR, A. A. Genetic aspects of some reproductive, udder health and energy status traits in Holstein cows. **Theriogenology**, [S.l.], v. 130, p. 1-7, 2019. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0093691X18302371>. Acesso em: 14 ago. 2021.

DONATO, H.; DONATO, M. Etapas na Condução de uma Revisão Sistemática. **Acta Médica Portuguesa**, v. 32, n. 3, 2019. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/195808557.pdf>. Acesso em: 20 jun. 2021.

DUBE, B.; DZAMA, K. Genetic analysis of somatic cell score and udder type traits in South African Holstein cows. **South African Journal of Animal Science**, [S.l.], v.

38, n. 1, p. 1-11, 2008. Disponível em:

<https://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/4102>. Acesso em: 28 ago. 2021.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal**: bases do melhoramento genético animal. Pirassununga: Universidade de São Paulo, 2017. v.1, p. 170-171.

GALVÃO, T. F.; PEREIRA, M. G. Revisões sistemáticas da literatura: passos para sua elaboração. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, [S.l.], v. 23, p. 183-184, 2014. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/ress/a/yPKRNymgtzwzWR8cpDmRWQr/?format=pdf&lang=pt>.

Acesso em: 18 ago. 2021.

GIANNOTTI, J. D. G. **Meta-análise de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte sob enfoques clássico e bayesiano**. 2004. 97 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

Disponível em:

<https://pdfs.semanticscholar.org/f32d/85208f554ce83c5d70848d9dffe781ee1d31.pdf>.

Acesso em: 25 jul. 2021.

GUIMARÃES, Y. L. F.; DEBORTOLI, E. C.; SANTOS, J.; GOPINGER, E.

Comportamento ingestivo de bovinos em diferentes sistemas de produção—uma revisão sistemática de estudos científicos. **Research, Society and Development**, [S.l.], v. 9, n. 10, p. e4859108705-e4859108705, 2020. Disponível em:

<https://www.rsjournal.org/index.php/rsd/article/view/8705>. Acesso em: 28 set. 2021.

HAMMER SCHMIDT, J.; MOLENTO, C. F. M. **Protocolo de perícia em bem-estar animal como subsídio para decisões judiciais em casos de maus-tratos contra animais**. Curitiba: Universidade Federal do Paraná (UFPR), 2014. p. 423-425.

HIGGINS, J. Green S. **Cochrane handbook for systematic reviews of interventions version**, [S.l.], v. 5, n. 0, p. 3, 2011.

HU, L.; MA, Y.; LIU, L.; KANG, L.; BRITO, L. F.; WANG, D.; WU, H.; LIU, A.; WANG, Y.; XU, Q. Detection of functional polymorphisms in the hsp70 gene and association with cold stress response in Inner-Mongolia Sanhe cattle. **Cell Stress and Chaperones**, v. 24, n. 2, p. 409-418, 2019. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007/s12192-019-00973-5>. Acesso em: 25 set. 2021.

KAIĆ, A.; MIOC, B.; KASAP, A.; PATOCNIK, K. Meta-analysis of intramuscular fatty acid composition of Mediterranean lambs. **Archives Animal Breeding**, [S.l.], v. 59, n. 1, p. 1-8, 2016. Disponível em: <https://aab.copernicus.org/articles/59/1/2016/>. Acesso em: 28 ago. 2021.

KADARMIDEEN, H. N. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. **Animal Science**, [S.l.], v. 79, n. 2, p. 191-201, 2004. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/animal-science/article/abs/genetic-correlations-among-body-condition-score-somatic-cell-score-milk-production-fertility-and-conformation-traits-in-dairy-cows/28222C84B5D6F5644E9E5F7EE26F27B6>. Acesso em: 28 ago. 2021.

KADARMIDEEN, H. N. Genetic parameters for clinical mastitis in Holstein-Friesians in the United Kingdom: A Bayesian analysis. **Animal Science**, [S.l.], v. 73, n. 2, p. 229-240, 2001. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/animal-science/article/abs/genetic-parameters-for-clinical-mastitis-in-holsteinfriesians-in-the-united-kingdom-a-bayesian-analysis/2A5BA17F4016F79068E80F3B11F088D1>. Acesso em: 28 ago. 2021.

KHATKAR, M. S.; THOMSON, P. C.; TAMMEN, I.; RAADSMA, H. Quantitative trait loci mapping in dairy cattle: review and meta-analysis. **Genetics Selection Evolution**, [S.l.], v. 36, n. 2, p. 163–190, 2004. Disponível em: <https://www.gse-journal.org/articles/gse/abs/2004/02/g4202/g4202.html>. Acesso em: jun. 2020.

LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. **Animal Genetics**, [S.l.], v. 45, n. 5, p. 618-628, 2014. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/age.12178>. Acesso em: jul. 2020.

LOVATTO, P. A.; LEHNEN, C. R.; ANDRETTA, I.; CARVALHO, A. D.; HAUSCHILD, L. Meta-análise em pesquisas científicas: enfoque em metodologias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, [S.l.], v. 36, p. 285-294, 2007. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/TxB6XwXygrfKhPTmyyYMJrd/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: abr. 2020.

MARETE, A. G.; GULDBRANDTSEN, B.; LUND, M. S.; FRITZ, S.; SAHANA, G.; BOICHARD, D. A meta-analysis including pre-selected sequence variants associated with seven traits in three French dairy cattle populations. **Frontiers in Genetics**, [S.l.], v. 9, p. 522, 2018. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fgene.2018.00522/full>. Acesso em: 20 jul. 2021.

MARCHANT-FORDE, J. N. The science of animal behavior and welfare: Challenges, opportunities, and global perspective. **Frontiers in Veterinary Science**, [S.l.], v. 2, p. 16, 2015. Disponível em: <https://internal-journal.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2015.00016/full>. Acesso em: 24 Jun. 2021.

MARTINS, A. M.; SILVESTRE, A. M.; PETIM-BATISTA, M. S.; COLAÇO, J. A. Somatic cell score genetic parameter estimates of dairy cattle in Portugal using

fractional polynomials. **Journal of Animal Science**, [S.l.], v. 89, n. 5, p. 1281-1285, 2011. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/89/5/1281/4764392>. Acesso em: 15 ago. 2021.

OLIVEIRA, R. L. Z.; OLIVEIRA, M. E.; TRUJILLO, P. A. R.; TRIGOSO, J. A. C.; TECH, A. R. B. Tecnologias para ambiente aviário: uma revisão sistemática da literatura. **Revista Ibérica de Sistemas e Tecnologias de Informação**, [S.l.], n. E39, p. 246-256, 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Marcelo-Oliveira-46/publication/349175663_Tecnologias_para_ambiente_aviario_uma_revisao_sistemica_da_literatura_Technologies_applied_in_poultry_production_a_systematic_review_of_the_literature/links/6095c0e2a6fdccaebd15e0e9/Tecnologias-para-ambiente-aviario-uma-revisao-sistemica-da-literatura-Technologies-applied-in-poultry-production-a-systematic-review-of-the-literature.pdf. Acesso em: 29 jul. 2021.

OBERBAUER, A. M.; BERRY, S. L.; BELANGER, J. M.; MCGOLDRICK, R. M.; PINOS-RODRIQUEZ, J. M.; FAMULA, T.R. Determining the heritable component of dairy cattle foot lesions. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], v. 96, n. 1, p. 605-613, 2013. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030212007552>. Acesso em: 13 ago. 2021.

PAUSCH, H.; EMMERLING, R.; GREDLLER-GRANDL, B.; FRIES, R. Meta-analysis of sequence-based association studies across three cattle breeds reveals 25 QTL for fat and protein percentages in milk at nucleotide resolution. **BMC Genomics**, [S.l.], v. 18, n. 1, p. 1-11, 2017. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-017-4263-8>; Acesso em: 30 jun. 2020.

PEREIRA, M. R. **Avaliação do comportamento e do bem-estar de vacas criadas em sistema compost barn em condições tropicais**. 2017. 77 f. Dissertação (Mestrado em Ciências veterinárias) - Ciências Veterinária, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/vtt-208046>. Acesso em: 15 ago. 2021.

PÉREZ-CABAL, M. A. Models for genetic evaluations of claw health traits in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], v. 98, n. 11, p. 8186-8194, 2015. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030215006670>. Acesso em: 10 ago. 2021.

RING, S. C.; TWOMEY, A. J.; BYRNE, N.; KELLEHER, M. M.; PABIOU, T.; DOHERTY, M. L.; BERRY, D. P. Genetic selection for hoof health traits and cow mobility scores can accelerate the rate of genetic gain in producer-scored lameness in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], v. 101, n. 11, p. 10034-10047, 2018. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030218308531>. Acesso em: 26 ago. 2021.

ROMANO, G. S.; PINTO, L. F. B.; VALLOTO, A. A.; ALTAIR, A.; HORST, J. A.; PEDROSA, V. B. Genetic parameters between somatic cell score and production traits for Holstein cattle in Southern Brazil. **Rev. Colomb. Cienc. Pecu.**, [S.l.], p. 60-70, 2020. Disponível em: <https://pesquisa.bvsalud.org/hansen/resource/pt/biblio-1156303?src=similardocs>. Acesso em: 14 set. 2021.

RODENBURG, T. B.; TURNER, S. P. The role of breeding and genetics in the welfare of farm animals. **Animal Frontiers**, [S.l.], v. 2, n. 3, p. 16-21, 2012. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Bas-Rodenburg/publication/273492038_The_role_of_breeding_and_genetics_in_the_welfare_of_farm_animals/links/55e8210308ae3e12184222e6/The-role-of-breeding-and-genetics-in-the-welfare-of-farm-animals.pdf. Acesso em: 15 jul. 2021.

RODRIGUES, C. L.; ZIELGEMANN, P. K. Metanálise: um guia prático. **Rev. HCPA**, [S.l.], v. 30, n. 4, p. 436-447, 2010.

RUBIO, Y. L.; GUALDRÓN-DUARTE, J. L.; BATES, R. O.; ERNST, C. W.; NONNEMAN, D.; ROHRER, G. A.; KING, A.; SHACKLERFORD, S. D.; WHEELER, T. L.; CANTET, R. J. C.; STEIBEL, J. P. Meta analysis of genome wide association from genomic prediction models. **Animal Genetics**, [S.l.], v. 47, n. 1, p. 36-48, 2016. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/age.12378>. Acesso em: 30 ago. 2020.

SAUVANT, D.; SCHMIDELY, P.; DAUDIN, J. J.; ST-PIERRE, N. R. Meta-analyses of experimental data in animal nutrition. **Animal**, [S.l.], v. 2, n. 8, p. 1203-1214, 2008. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/animal/article/metaanalyses-of-experimental-data-in-animal-nutrition/E14D11E9E0A7C451E15F21D1D3926682>. Acesso em: 25 jun. 2020.

SARGEANT, J. M.; RAJIIC, A.; READ, S.; HOLSSON, A. The process of systematic review and its application in agri-food public-health. **Preventive Veterinary Medicine**, [S.l.], v. 75, n. 3-4, p. 141-151, 2006. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167587706000717>. Acesso em: 25 jul. 2021.

SOARES, R. A. N.; VARGAS, G.; MUNIZ, M. M.; SOARES, M. A. M.; CÁNOVAS, A.; SCHENKEL, F.; SQUIRES, E. J. Differential gene expression in dairy cows under negative energy balance and ketosis: A systematic review and meta-analysis. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030220309516>. Acesso em: 25 set. 2021.

SOUZA, N. O. B. **Estudos genômicos para a prolificidade em cabras: uma revisão sistemática**. 2018. 42 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2018. Disponível em: <http://www.repositorio.ufal.br/handle/riufal/5921>. Acesso em: 25 ago. 2021.

SHABALINA, T. Influence of common health disorders on the length of productive life and stayability in German Holstein cows. **Journal of dairy science**, [S.l.], v. 103, n. 1, p. 583-596, 2020. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030219309488>. Acesso em: 14 jul. 2021.

STRASSBURGER, A. H.; CAYE, V. A. H.; COSTELLA, M. F.; DALCANTON, F. Análise da variação da qualidade microbiológica do leite cru refrigerado: uma revisão sistemática de literatura. **Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes**, [S.l.], v. 74, n. 1, p. 60-72, 2019. Disponível em:

<https://revistadoilct.com.br/rilct/article/view/669>. Acesso em: 10 set. 2021.

TURNER, S. P.; CAMERLINK, I.; BAXTER, E. M.; D'EATH, R. B.; DESIRE, S.; ROEHE, R. Breeding for pig welfare: Opportunities and challenges. **Advances in Pig Welfare**, [S.l.], p. 399-414, 2018. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780081010129000125>. Acesso em: 12 mar. 2021.

VAN DEN BERG, I.; BOICHARD, D.; LUND, M. S. Comparing power and precision of within-breed and multibreed genome-wide association studies of production traits using whole-genome sequence data for 5 French and Danish dairy cattle breeds. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], v. 99, n. 11, p. 8932-8945, 2016. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030216305641>. Acesso em: 10 jul. 2020.

VEER KAMP, R. F. Genetic correlations among body condition score, yield, and fertility in first-parity cows estimated by random regression models. **Journal of Dairy Science**, [S.l.], v. 84, n. 10, p. 2327-2335, 2001. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030201746814>. Acesso em: 15 jun. 2021.

WELFARE QUALITY®. **Welfare Quality assessment protocol for cattle**. Lelystad: Welfare Quality Consortium, 2009.

YAMAGUCHI, S.; MASUDA, Y.; NAKAGAWA, S.; ABE, H.; GOTOH, Y.; BABA, T.; KAWAHARA, T. Genetic parameters for mastitis incidence and its indicators based on somatic cell score for Holsteins in Hokkaido, Japan. **Animal Science Journal**, [S.l.], v. 90, n. 8, p. 915-923, 2019. Disponível em:

<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/asj.13218>. Acesso em: 18 ago. 2021

CAPÍTULO 2 - REVISÃO SISTEMÁTICA E METANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE BEM-ESTAR ANIMAL EM BOVINOS DE LEITE.

Resumo

Encontrar um ponto de equilíbrio entre a produção animal sem prejudicar o bem-estar dos indivíduos, ainda é um desafio no cotidiano das grandes cadeias de produção de produtos de origem animal. Entretanto, a busca por inovações nos sistemas de criação visando melhores condições de ambiente, saúde e alimentação animal, cresceu nas últimas décadas em virtude de medidas restritivas impostas pelos principais compradores de proteína animal do Brasil. Os objetivos deste trabalho foram realizar uma revisão sistemática acerca dos indicadores de bem-estar utilizados em programas de melhoramento de gado de leite e, posteriormente, produzir uma metanálise para estimação de herdabilidades dos principais indicadores de bem-estar. Definidas as estratégias de busca, as pesquisas realizadas nas bases de dados Web of science, Scopus, Scielo e Pubmed retornaram 2168 estudos dos quais, após passarem pelos processos de identificação, seleção, elegibilidade e inclusão, 47 estudos foram selecionados. Retiradas dos artigos selecionados, 90 estimativas de herdabilidades foram utilizadas no processo de metanálise considerando as características indicadoras de bem-estar (Mastite, Úlcera de sola, Dermatite Digital, Doença de linha Branca, Claudicação, Contagem de Células somáticas e Hiperplasia Interdigital). Utilizou-se para as estimativas um modelo de efeito aleatório, sendo todas as análises realizadas pelo programa R, por meio do pacote Metafor. As estimativas obtidas através da estatística combinada de estudos para contagem de células somáticas, mastite, hiperplasia digital, doença de linha branca, claudicação, dermatite digital e úlcera de sola, apresentaram valores de baixa magnitude (0,10, 0,06, 0,10, 0,04, 0,04, 0,09 e 0,06). Embora existam poucos trabalhos relacionados a metanálise de indicadores de bem-estar em bovinos de leite em programas de melhoramento genético, os dados obtidos neste estudo poderão ser utilizados em simulações de dados pelos programas de melhoramento, critérios de seleção animal, construção de índices, subsídios para pesquisa, ensino e outras metanálises.

Palavras Chaves: Estatística. Gado leiteiro. Genética. Melhoramento genético.

2.1 Introdução

Dentre os setores produtivos no Brasil, o agronegócio vem contribuindo expressivamente para a economia do país. Segundo a confederação de agricultura e pecuária do Brasil (CNA, 2021), em 2020 a soma dos bens e serviços do agronegócio representou cerca de 27% do PIB nacional, e somente na pecuária o valor bruto de produção chegou a R\$602,3 bilhões de reais. Entretanto o crescimento de algumas cadeias nos últimos anos vem chamando a atenção, como exemplo, a produção de leite que cresceu constantemente nos últimos anos, saltando de 19,7 bilhões de litros em 2000 para 35,4 bilhões em 2020 (CNA, 2021). O leite no país está entre os produtos mais importantes da agropecuária, sendo essencial na geração de emprego e renda para a população. Esses dados nos mostram que a produção de leite no Brasil tem grande potencial para crescer, atender o mercado interno, e entrar para a lista de produtos exportados, contribuindo para a economia do país.

Entretanto, para que o Brasil possa ter sucesso no abastecimento dos mercados interno e externo é importante que atenda a todas as exigências impostas por esses. No contexto do mercado interno, a população tem tomado maior consciência sobre os sistemas de produção e questões inerentes ao bem-estar dos animais, se recusando a consumir produtos oriundos de sistemas de produção que não atendam a alguns fatores relacionados ao bem-estar. No mercado externo, a questão do bem-estar já vem sendo utilizada como uma barreira comercial, juntamente com algumas exigências já em prática relacionadas principalmente à sanidade e à produção sustentável.

Assim, a melhoria das condições de bem-estar nos sistemas de produção de leite é fundamental para que a cultura realize todo o potencial de crescimento e consiga, rapidamente, abastecer as demandas do mercado interno e a se projetar no mercado externo. A estrutura e as ações criadas no sistema de produção para o aumento do bem-estar dos animais terão como consequências diretas uma produção mais sustentável, com indivíduos mais produtivos, com maior longevidade e uma grande aceitação pelos mercados externos que verão as práticas de bem-estar instaladas como um bônus. Esse cenário permitiria um aumento de renda considerável para produtores de leite bem como uma contribuição maior para o PIB brasileiro pelo agronegócio.

Dos pilares da produção animal, o melhoramento genético pode contribuir com a melhoria das condições de bem-estar nos sistemas de produção por meio da seleção e planejamento de acasalamentos para indivíduos mais resilientes (menos suscetíveis a fatores estressores do sistema produtivo). Para que a seleção e os acasalamentos sejam possíveis de serem planejados e realizados é necessário a produção de avaliações genéticas e estimativas de parâmetros genéticos (herdabilidades) para as características indicadoras de bem-estar animal, como aquelas associadas ao comportamento, saúde, fisiologia e condições emocionais.

As estimativas desses parâmetros precisam ser produzidas com qualidade, o que, de modo geral, só acontece com grande número de amostras coletadas. No sentido de aumentar o tamanho amostral, uma alternativa encontrada por pesquisadores é o uso de aplicação de técnicas estatísticas conhecidas como metanálise, onde somente informações de resultados publicados e não os dados individuais estão disponíveis (KHATKAR *et al.* 2004).

Assim, o objetivo deste trabalho foi realizar uma revisão sistemática acerca dos indicadores de bem-estar utilizados em programas de melhoramento de gado de leite e seus respectivos parâmetros genéticos, e realizar uma meta-análise para estimação de herdabilidades dos principais indicadores de bem-estar animal encontrado.

2.2 Metodologia

2.2.1 Definição da pergunta de pesquisa

A pergunta da revisão foi definida no formato de estratégia POT: *population* (população) (P), *outcome* (resultado) (O) e *type of study/methodology* (tipo de estudo/metodologia) (T).

Para verificar a frequência de estudos sobre características de bem-estar no melhoramento de gado de leite, consideramos como população (P) bovinos leiteiros de qualquer raça, em produção, sob qualquer faixa de idade, país, sistema de produção ou ambiente de manejo. Para esse estudo, consideramos como resultado (O) indicadores de bem-estar sendo utilizados em programas de melhoramento de gado de leite, juntamente com suas herdabilidades estimadas. As características indicadoras (Mastite, úlcera de sola, doença de linha branca, hiperplasia interdigital, claudicação, contagem de células somáticas e dermatite digital) foram consideradas para o trabalho quando presentes em bancos de dados compilados com o objetivo de serem explicitamente utilizados em estudos de melhoramento genético animal. Os parâmetros genéticos foram considerados quando estimados por meio de modelo animal com as metodologias REML ou Bayesiana (T).

2.2.2 Estratégia de busca na literatura

Os dados foram coletados da literatura das seguintes bases de dados eletrônicas: Scopus, Web of Science, Scielo e Pubmed. A busca realizada em mais de uma base evita possíveis vieses de publicação por capturar literatura que não estão referenciadas em uma ou mais bases.

As palavras-chaves utilizadas para a pesquisa foram formuladas na língua inglesa para alcançar o maior número de artigos publicados, sendo elas divididas em quatro grupos: grupo bem-estar (*welfare, behavior, indicator trait, health trait, emotion*), grupo gado de leite (*dairy cattle, milk, cow*), grupo melhoramento animal (*animal breeding, genomic, genetic, heritab, genetic parameter, genetic correlation, genomic correlation, breeding*) e grupo estatística (*estimat, predict*).

A estratégia de busca foi definida para que, obrigatoriamente, todos os grupos estejam presentes com pelo menos um termo de busca. Sendo assim, a busca foi realizada, em todas as bases, com a seguinte forma geral: (grupo “bem-estar”) AND

(grupo “melhoramento animal”) AND (grupo “gado de leite”) AND (grupo “estatística”).

O operador AND é usado para criar a necessidade do aparecimento simultâneo de todos os grupos na busca. Dentro dos grupos, o operador OR foi utilizado para garantir pelo menos uma ocorrência dos termos de busca do grupo. Por exemplo, o grupo “bem-estar” será descrito como: (*welfare OR behavior OR “indicator trait*” OR “health trait*” OR emotion**).

2.2.3 Seleção dos artigos

Inicialmente, os artigos foram avaliados e selecionados utilizando o título e o resumo. Para que os artigos fossem selecionados, os mesmos continham informações de, pelo menos, uma característica indicadora de bem-estar utilizada para estudo genético e/ou algum parâmetro genético associado estimado pelos métodos REML ou Bayesiano (critérios de elegibilidade). Nessa primeira etapa excluíram-se os artigos que não cumpriam nenhum dos critérios, e os selecionados eram armazenados e organizados com o auxílio do software de gerenciamento de referências zotero (ZOTERO, 2020).

Os artigos remanescentes da primeira etapa, seguiam para a segunda etapa, em que a leitura dos artigos completos e a verificação dos critérios de elegibilidade foi realizada. Todo esse processo de seleção dos artigos foi realizado por dois avaliadores.

2.2.4 Extração de dados

A etapa da extração dos dados foi executada por dois avaliadores, evitando a preferência de seleção por apenas um integrante, eliminando o risco de viés de aferição. Dentro de cada estudo selecionado, os dados extraídos foram: raça produtora de leite, características indicadoras de bem-estar animal, país do estudo, ano de publicação do artigo, herdabilidade e correlação genética encontrada para as características indicadoras avaliadas, metodologia aplicada e respectivos erros-padrões dos parâmetros genéticos.

A coleta dos dados e a organização das informações foram realizadas ao mesmo tempo, tendo como auxílio para o armazenamento do banco de dados o uso de planilhas eletrônicas, facilitando posteriormente a realização da meta-análise.

2.2.5 Análise dos dados

2.2.5.1 Análise de viés de publicação

Os dados foram dispostos em uma análise gráfica de funil, que avalia a distribuição dos efeitos estimados contra o tamanho da amostra.

Caso a quantidade de material selecionado da literatura fosse pequena, a análise de viés era realizada pelo gráfico quantil-quantil, que plota cada estimativa padronizada contra o valor observado na distribuição normal padronizada. O gráfico de funil baseia-se no fato das estimativas mais precisas estarem associadas a estudos com tamanho amostral maior, assim, os resultados dos estudos com tamanho amostral pequeno ficavam plotados na parte inferior do gráfico (GIANNOTTI, 2004).

Giannotti (2004) afirmou que caso não exista o vício de publicação, a dispersão dos pontos formará a imagem de um funil invertido e simétrico, e Egger e Smith, (1998) alegaram que se a distribuição dos pontos formar um funil assimétrico no gráfico pode significar que há a influência dos trabalhos coletados.

2.2.6 Metanálise

2.2.6.1 Modelos estatísticos

Após realização de análises exploratórias para identificação de outliers (Anexo 1), o seguinte modelo aleatório foi aplicado:

$$\hat{h}_i^2 = h^2 + s_i + e_{ij}$$

Em que:

$\hat{h}_i^2$ = Herdabilidade estimada no i-ésimo estudo;

h^2 = valor paramétrico da herdabilidade;

s_i = efeito aleatório do i-ésimo estudo ($S_i^{indep.} \sim N(0, \tau^2)$);

e_{ij} = erro aleatório ($e_i^{indep.} \sim N(0, s_i^2)$);

2.2.7 Estimativas de parâmetros genéticos (Herdabilidades)

Informações do erro-padrão associadas às herdabilidades são essenciais em estudos desse tipo, pois serão utilizadas na obtenção das estimativas combinadas pela metodologia da meta-análise. O inverso dos erros-padrões foi utilizado neste estudo como valores de ponderação para a obtenção das estimativas por meta-análise (HEDGES; VEVEA, 1998).

Desta forma, a estimativa combinada das herdabilidades, foram encontradas a partir da equação:

$$\hat{\tau}^2 = \sum_{i=1}^k w_i^* t_i^2 / \sum_{i=1}^k w_i^*$$

Em que a ponderação é $w_i^* = 1/(S_i^2 + \hat{\tau}^2)$;

t_i^2 = Parâmetro encontrado na literatura;

k = Número de trabalhos utilizados nos estudos;

O desvio padrão combinado, associado a $\hat{\tau}^2$, foi estimado através de:

$$S_+ = \sqrt{1 / \sum_{i=1}^k (1/w_i^*)}$$

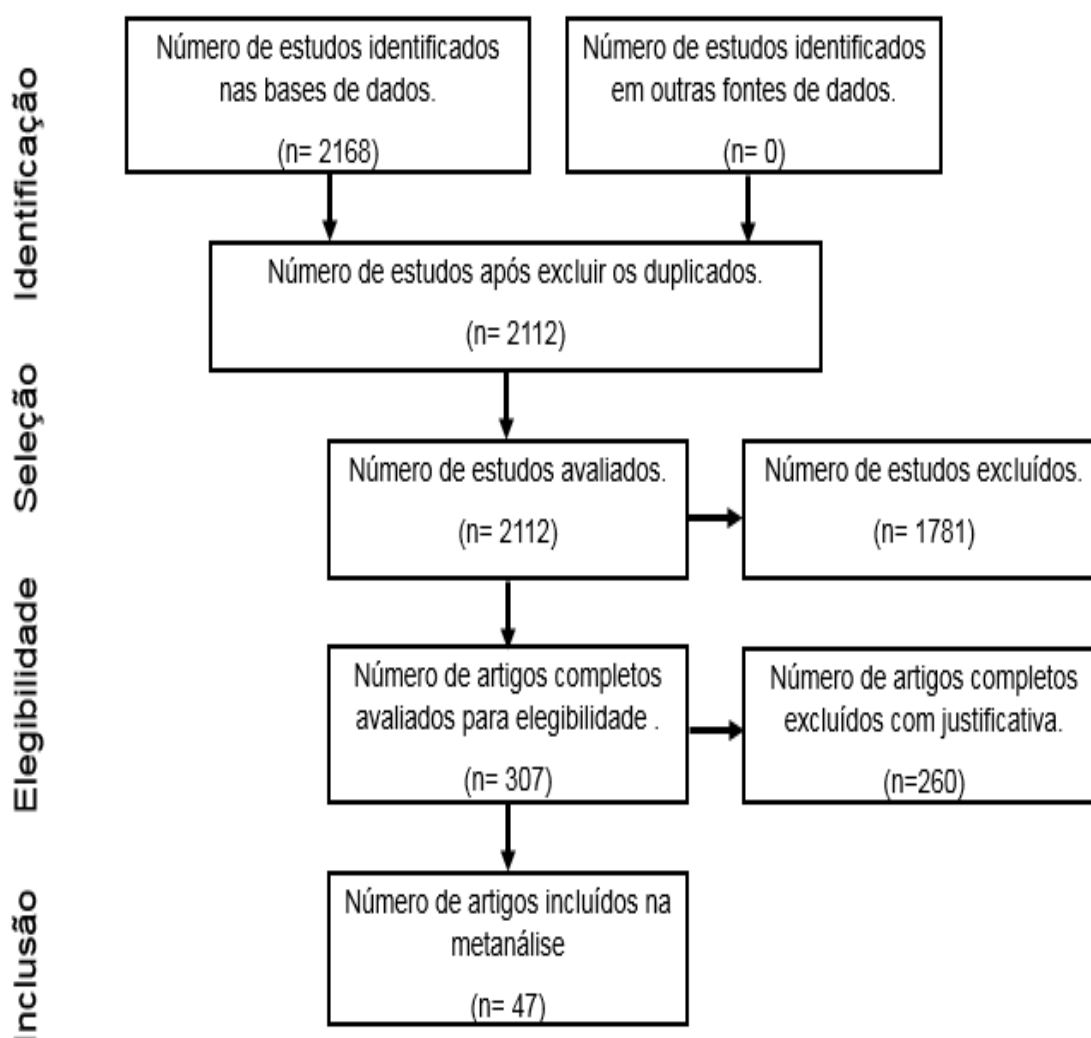
Ao trabalhar com um modelo de efeito aleatório, ou utilizamos o w_i sendo: ($w_i = 1/S_i^2$), ao invés de w_i^* , no modelo de efeito fixo (GIANNOTTI, 2004).

Todas as análises foram realizadas utilizando-se o pacote metafor (VIECHTBAUER, 2010) do software R (R CORE TEAM, 2019). Para facilitar os trabalhos com o software R, foi utilizado também a interface RStudio (RSTUDIO TEAM, 2019).

2.3 Resultados e Discussão

Por meio de buscas nas bases de dados (Web of science, scopus, pubmed e scielo), identificaram-se 2168 publicações e após passarem em todas as etapas foram selecionados 47 estudos (Figura 1). Destes, 90 estimativas de herdabilidades foram extraídas para realização da metanálise, sendo, 25 herdabilidades para característica mastite, 17 para contagem de células somáticas, 12 para claudicação, 11 para úlcera de sola, 9 para doença de linha branca, 7 para hiperplasia interdigital e 9 herdabilidades para dermatite digital.

Figura 1- Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários realizados neste estudo.



Fonte: Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários adaptado do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-analyses (PRISMA), traduzido por Galvão, Pansani e Harrad (2015).

A Tabela 2 apresenta as estatísticas descritivas acerca da heterogeneidade e seus respectivos intervalos de confiança encontrados pela utilização do modelo aleatório. As características indicadoras de bem-estar, mastite, úlcera de sola e doença de linha branca, apresentaram os valores de I^2 e H^2 altos. Por outro lado, as características, contagem de células somáticas e hiperplasia interdigital apresentaram índices moderados e dermatite digital e claudicação valores mais baixos. Os altos valores de I^2 e H^2 , indicam alta variabilidade dos valores paramétricos das herdabilidades coletadas em cada estudo.

Tabela 2 - Estimativas da quantidade total de heterogeneidade (τ^2), raiz quadrada da estimativa de heterogeneidade total (τ), porcentagem da variabilidade total devido à heterogeneidade (I^2 %), variabilidade total dividido pela variância dentro do estudo (H^2) com seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade, desvio padrão (DP) e teste de heterogeneidade (Q) do modelo aleatório para as principais características indicadoras de bem-estar animal com a utilização do grupo bem-estar animal.

Características	Estatísticas					
	TAU ²	TAU	I ² (%)	H ²	DP	Q p - valor
CCS	0,0005 0,0000 – 0,0147	0,0227 0,0000 – 0,1211	50,84 0,0000 – 96,7199	2,03 1,0000 – 30,4868	0,0009	0,1085
Mastite	0,0012 0,0004 – 0,0659	0,0351 0,0198 – 0,2568	96,62 90,1129 – 99,934	29,61 10,1142 – 1529,569	0,0010	< ,0001
Doença de Linha branca	0,0006 0,0002 – 0,0454	0,0239 0,0138 – 0,2131	75,03 49,8604 – 99,582	4,01 1,9944 – 239,2196	0,0005	0,0024
Úlcera de Sola	0,0021 0,0007 – 0,0139	0,0456 0,0264 – 0,1180	94,81 85,9241 – 99,187	19,25 7,1044 – 123,0207	0,0015	< ,0001
Claudicação	0,0000 0,0000 – 0,0052	0,0000 0,0000 – 0,0720	0,00 0,0000 – 99,2726	1,00 1,0000 – 137,4687	0,0000	0,1652
Dermatite Digital	0,0000 0,0000 – 0,0174	0,0015 0,0000 – 0,1319	0,18 0,0000 – 93,2428	1,00 1,0000 – 14,7991	0,0007	0,4676
Hiperplasia Interdigital	0,0003 0,0000 – 0,0132	0,0172 0,0000 – 0,1151	47,30 0,0000 – 97,5593	1,90 1,0000 – 40,9719	0,0005	0,1114

CCS: Contagem de células somáticas.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Pela análise, percebe-se que os intervalos de confiança para H^2 são sempre longos, indicando uma menor precisão dessa estatística na medição da importância relativa da variação entre estudos em comparação com a variação amostral. Os intervalos de confiança longos devem ser consequência do tamanho pequeno da amostra utilizada. Para as características mastite e úlcera de sola, os intervalos para I^2 são curtos, permitindo concluir que a variação encontrada entre as herdabilidades devido à heterogeneidade entre estudos é importante nesses casos. Para a doença da linha branca, o intervalo de confiança para I^2 é curto e para H^2 é longo, entretanto, verifica-se que o teste de heterogeneidade foi significativo, indicando a considerável influência das diferenças metodológicas e amostrais entre estudos para a explicação da variação total. De acordo com o teste para a existência de heterogeneidade entre estudos, somente as características mastite, doença da linha branca e úlcera de sola apresentaram resultados significativos ($p < 0,005$). Uma possibilidade é que esses resultados estejam sob influência do tamanho da amostra utilizada, nesses casos, como no presente estudo, em que a amostra é pequena, as estimativas de I^2 e H^2 podem não ser acuradas.

Buscando aumentar o tamanho da amostra para verificar sua influência nos resultados das estatísticas apresentadas na Tabela 2, realizou-se uma nova busca na literatura sem levar em consideração o grupo do bem-estar animal (como explicado na seção Material e Métodos). Pode-se observar na Tabela 3 os valores referentes a I^2 e H^2 . Para todas as características apresentaram-se altos, diferente dos valores encontrados na Tabela 2, com o aumento no número de estudos nota-se a detecção da variabilidade entre estudos (teste Q) para características em que o resultado não havia sido significativo na primeira busca (Tabela 2). Entre todas as características indicadoras de bem-estar, a característica hiperplasia interdigital chama a atenção por ser a responsável pelos maiores valores em ambas as estatísticas (95,17% para I^2 e 20,71 para H^2).

Quando comparamos os intervalos de confiança dos estudos (tabela 2 e 3) para as estatísticas I^2 e H^2 , percebe-se que houve a diminuição em todas as características indicadoras, entretanto, ainda são considerados intervalos de alta magnitude.

Tabela 3 – Estimativas da quantidade total de heterogeneidade (τ^2), raiz quadrada da estimativa de heterogeneidade total (τ), porcentagem da variabilidade total devido à heterogeneidade (I^2 %), variabilidade total dividido pela variância dentro do estudo (H^2) com seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade, desvio padrão (DP) e teste de heterogeneidade (Q) do modelo aleatório para as principais características indicadoras sem a utilização do grupo bem-estar animal.

Características	Estatísticas					
	TAU ²	TAU	I ² (%)	H ²	DP	Q p - valor
CCS	0,0007 0,0002 – 0,0024	0,0269 0,0135 – 0,0485	72,53 39,986 – 89,5628	3,64 1,6663 – 9,5811	0,0004	0,0003
Mastite	0,0009 0,0005 – 0,0024	0,0295 0,0227 – 0,0492	87,54 80,6655 – 95,139	8,03 5,1721 – 20,5757	0,0003	< ,0001
Doença de Linha branca	0,0007 0,0002 – 0,0154	0,0262 0,0157 – 0,1240	77,12 54,7300 – 98,693	4,37 2,2090 – 76,5187	0,0005	0,0005
Úlcera de Sola	0,0013 0,0005 – 0,0042	0,0357 0,0220 – 0,0652	91,01 79,4135 – 97,117	11,12 4,8576 – 34,6887	0,0015	< ,0001
Claudicação	0,0005 0,0001 – 0,0018	0,0215 0,0104 – 0,0419	79,03 47,0386 – 93,498	4,77 1,8882 – 15,3803	0,0003	<,0001
Dermatite Digital	0,0007 0,0001 – 0,0051	0,0271 0,0085 – 0,0713	65,13 15,5706 – 92,807	2,87 1,1844 – 13,9027	0,0007	0,0090
Hiperplasia Interdigital	0,0042 0,0015 – 0,0237	0,0648 0,0386 – 0,1538	95,17 87,5078 – 99,108	20,71 8,0050 – 112,1756	0,0027	<,0001

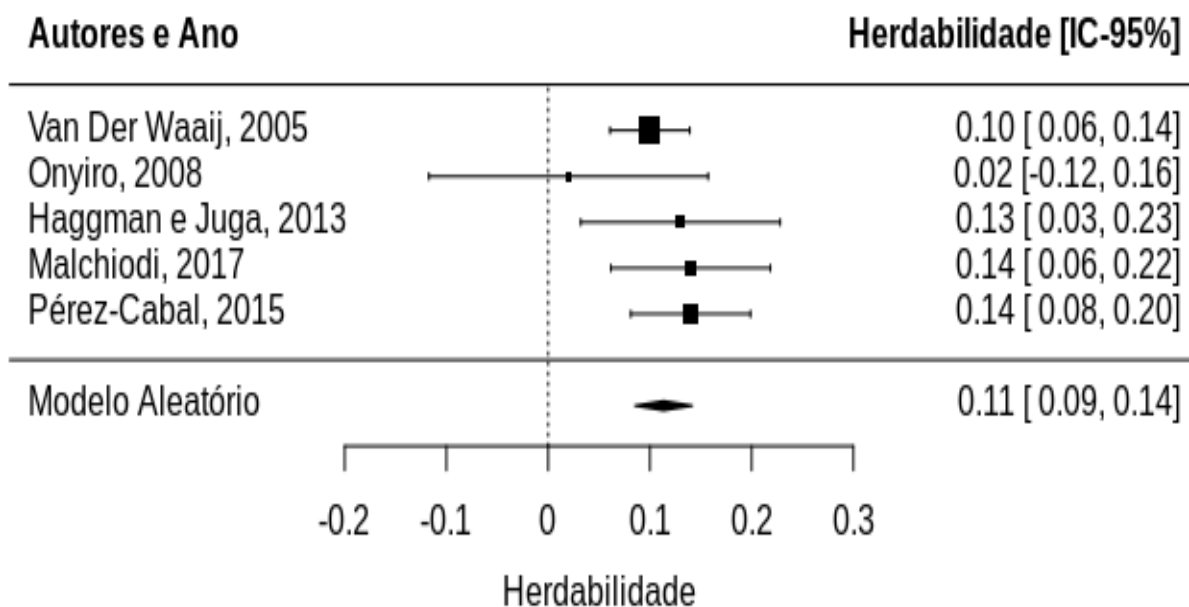
CCS: Contagem de células somáticas.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Uma visão geral da precisão das estimativas de herdabilidade utilizadas e sua contribuição para a estimativa de meta-análise podem ser verificadas na Figura 2. Para a característica dermatite digital, o estudo de Onyiro, (2008) é o que apresentou menor precisão e, portanto, aquele com menor contribuição na estimativa de meta-análise, enquanto que o estudo de Van der Waaij, 2005 foi aquele com a maior contribuição. Percebe-se que a estimativa de herdabilidade produzida pela meta-análise possui um intervalo de confiança menor do que qualquer estudo isoladamente, sendo, portanto, uma estimativa mais confiável para a característica.

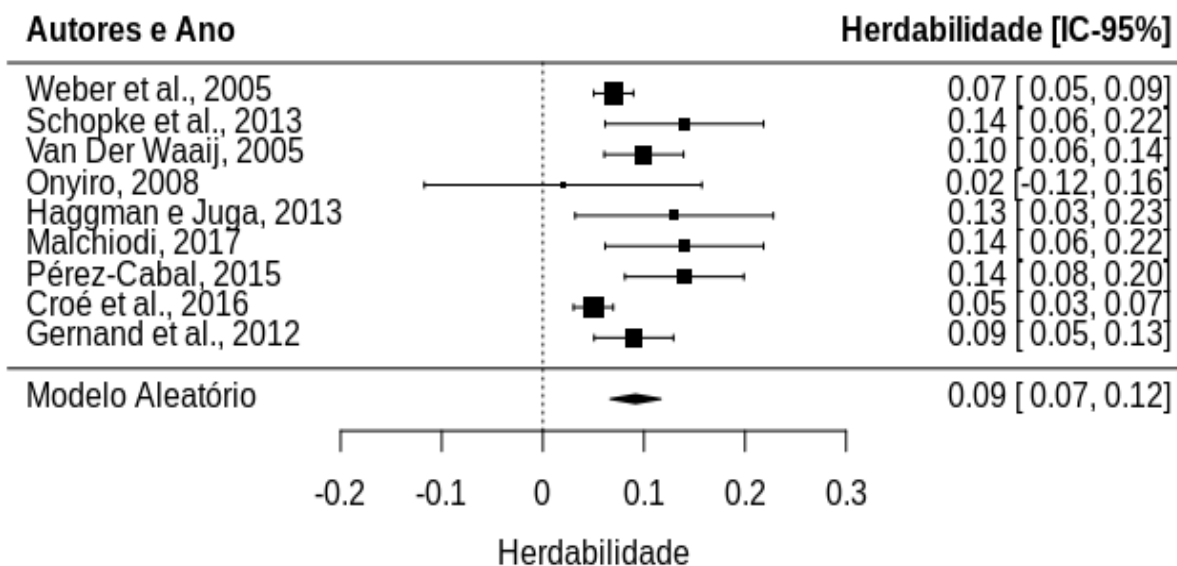
Comparando os estudos para a característica dermatite digital, utilizando o formato de busca, sem o grupo bem-estar animal. Na Figura 3 encontra-se novas contribuições dos estudos pela estratégia de busca que não considerou a palavra-chave de bem-estar. O estudo de Onyiro, (2008) ainda continua representando o estudo de menor contribuição para estimativa de herdabilidade, seu intervalo de confiança longo implica em uma menor confiabilidade da estimativa. Os novos estudos que apresentaram maior contribuição são as estimativas encontradas por Weber *et al.*, (2005) e Croé *et al.*, (2016), ambos apresentaram estimativas diferentes (0,07 e 0,05), entretanto, obtiveram os menores intervalos de confiança, contribuindo com maior peso para a estimativa obtida.

Figura 2 - Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 3 - Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo de bem-estar.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Para verificar a presença de viés de publicação, gráficos de funil foram construídos. Na Figura 4, pode-se observar o gráfico de funil para a característica úlcera de sola. A distribuição dos pontos apresenta-se fora da área do funil, indicando a presença de viés de publicação.

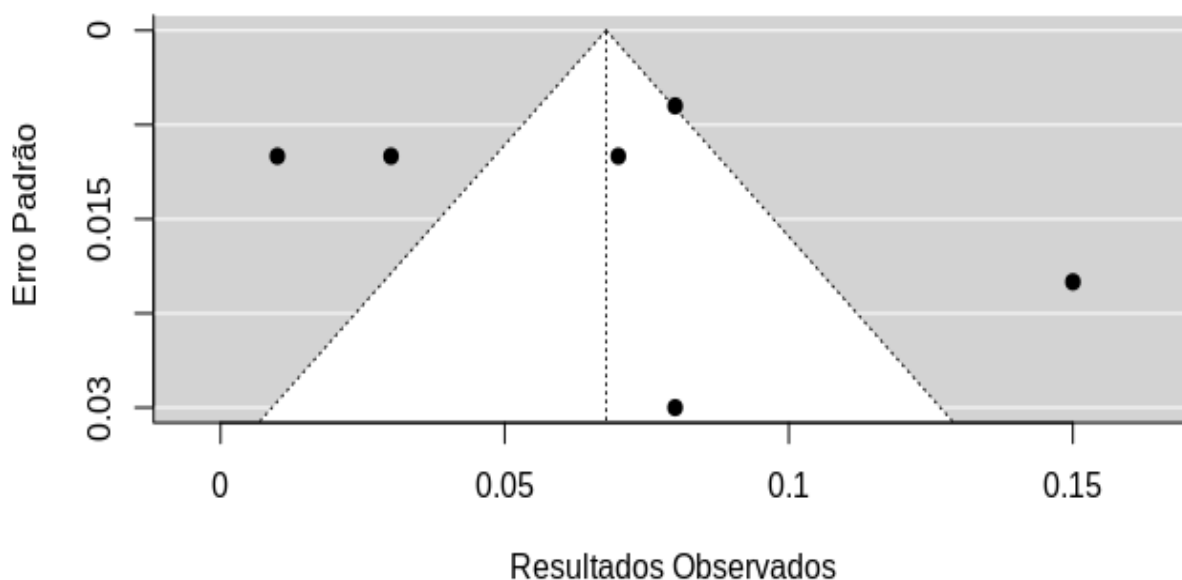
Quando a amostra é pequena Wang e Bushman (1999) sugerem o uso do gráfico quantil-quantil, e afirmam que a não presença de viés de publicação acontece quando os pontos formam uma reta partindo da origem e que a maioria deles estejam alinhados (Figura 6).

Ao compararmos os novos gráficos para verificação de viés de publicação por meio do novo formato de busca (sem o grupo bem-estar), pode-se observar que há poucas mudanças no formato do gráfico de funil, quando comparado as mesmas características (Figura 5), o gráfico de funil para a característica úlcera de sola apresenta pontos fora da área do funil, indicando a presença de viés de publicação. Nos dois casos temos poucos pontos (estudos) a serem incluídos no gráfico, entretanto, o tamanho da amostra de cada estudo é relativamente grande, causando a concentração dos pontos na parte superior do funil invertido.

Por outro lado, quando comparamos os gráficos de quantil-quantil (que será adotado como padrão para a análise de viés), nota-se pouca diferença na distribuição dos pontos, sendo possível afirmar que não há viés de publicação pois os pontos mantêm-se dentro da margem esperada (Figura 7). Para todas as características, a análises dos gráficos quantil-quantil (apêndice 4) apontam para a

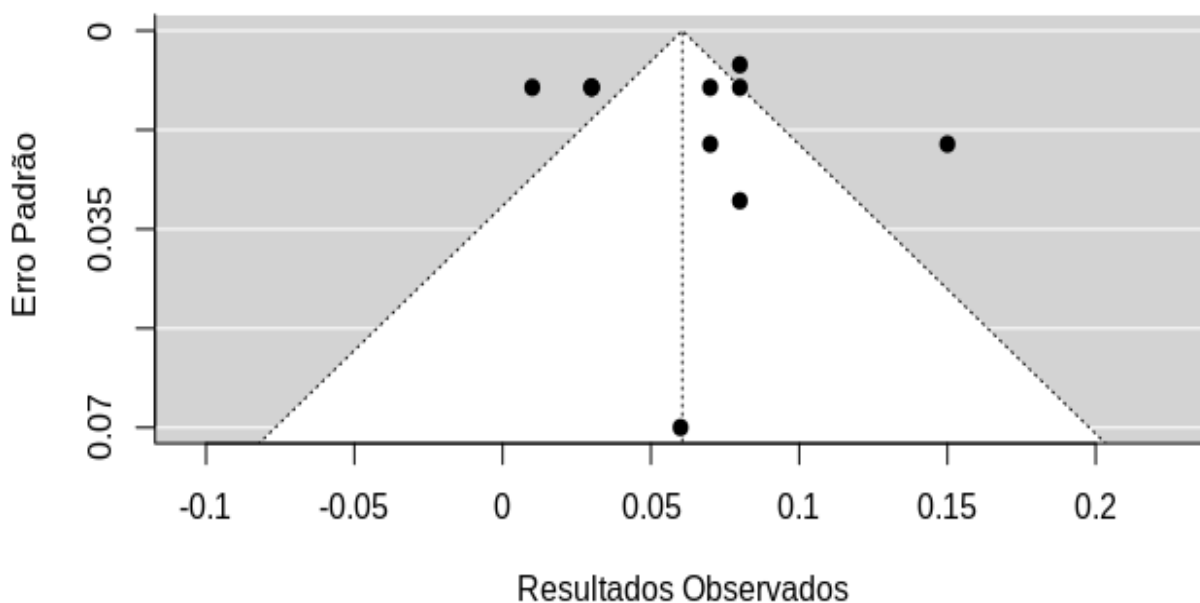
não existência de viés de publicação. Os gráficos de funil, floresta e quantil-quantil para todas as características podem ser vistos nos apêndices 2 ,3 e 4. Em todos os casos em que os vieses de publicação estão presentes, as interpretações e conclusões devem ser realizadas com cuidado.

Figura 4 - Gráfico de funil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



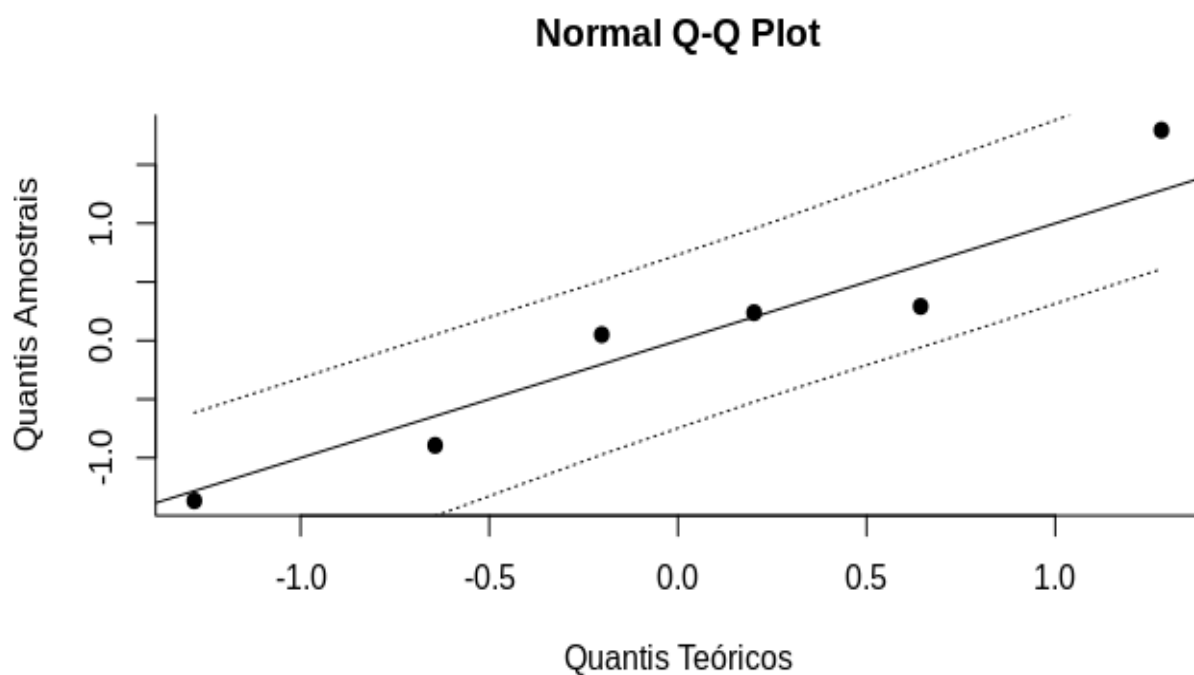
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 5 - Gráfico de funil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola, sem a inclusão do grupo de bem-estar.



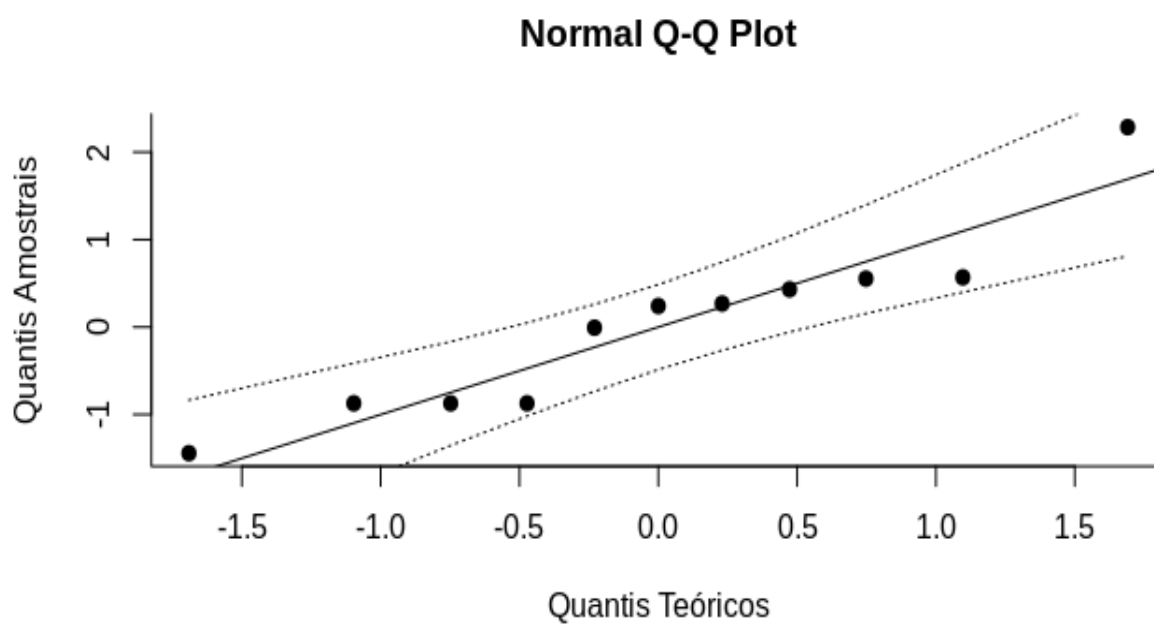
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 6 - Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 7 - Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola, sem a inclusão do grupo bem-estar.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Na Tabela 4 são mostradas as estimativas de herdabilidades produzidas por meta-análise, com seus respectivos erros-padrões e intervalo de confiança a 95% de probabilidade. Verifica-se, que os valores estimados para características indicadoras de bem-estar animal apresentaram baixas herdabilidades e erros-padrões relativamente baixos. Nota-se, ao mesmo tempo, que os intervalos de confiança não são longos.

Tabela 4. Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras de bem-estar animal.

Características Indicadoras	Herdabilidade Estimada	Erro-padrão	IC - 95%
CCS	0,11	0,0166	0,0805 - 0,1457
Mastite	0,05	0,0177	0,0202 - 0,0895
Dermatite Digital	0,11	0,0144	0,0852 - 0,1417
Úlcera de sola	0,06	0,0197	0,0293 - 0,1064
Doença de Linha Branca	0,04	0,0123	0,0185 - 0,0667
Hiperplasia Interdigital	0,12	0,0127	0,1030 - 0,1527
Claudicação	0,02	0,0032	0,0158 - 0,0282

CCS - Contagem de células somáticas.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

As características indicadoras de bem-estar animal, contagem de células somáticas (CCS), dermatite digital e hiperplasia interdigital, apresentaram estimativas de herdabilidades (0,11, 0,11 e 0,12).

Quando comparamos as herdabilidades com aquelas obtidas na segunda estratégia de busca (Tabela 5), observa-se que houveram algumas alterações de valores, além disso, com o aumento do número de trabalhos incluídos na metanálise, a precisão das novas estimativas foi maior, como pode ser observado pelos comprimentos dos intervalos de confiança. Em contrapartida, as características hiperplasia interdigital e claudicação apresentaram intervalos de confiança maiores quando comparados com seus valores antes da nova busca. O aumento do tamanho amostral não foi o suficiente para encurtar o intervalo de

confiança destas características, uma vez que a quantidade de estudos incluídos foi baixa (7 estudos para hiperplasia e 12 estudos para claudicação).

Tabela 5. Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras sem a utilização do grupo bem-estar animal.

Características Indicadoras	Herdabilidade Estimada	Erro-padrão	IC - 95%
CCS	0,10	0,0088	0,0863 - 0,1209
Mastite	0,06	0,0065	0,0482 - 0,0738
Dermatite Digital	0,09	0,0127	0,0664 - 0,1160
Úlcera de sola	0,06	0,0119	0,0370 - 0,0836
Doença de Linha Branca	0,04	0,0110	0,0272 - 0,0703
Hiperplasia Interdigital	0,10	0,0258	0,0583 - 0,1594
Claudicação	0,04	0,0075	0,0271 - 0,0564

CCS - Contagem de células somáticas.

Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

2.4 Considerações

Na área do Melhoramento Genético Animal, as estimativas obtidas pelo processo de revisão sistemática/meta-análise podem ser úteis em algumas situações.

Primeiramente, na área do ensino, as estimativas médias dos parâmetros genéticos darão aos alunos um referencial importante. Embora o entendimento de que os parâmetros genéticos podem variar para uma mesma característica em populações diferentes seja importante, para início de aprendizado, um valor referencial é importante para simplificar o raciocínio e permitir o foco e entendimento em outros conceitos sem a complicação adicional da possível variação entre diferentes populações. Os estudos para características indicadoras de bem-estar em gado de leite ainda são poucos e o conceito de bem-estar é multifatorial e complexo. Estudou-se aqui características indicadores que estão relacionadas à saúde dos animais, mas a definição de bem-estar animal deve também levar em consideração características comportamentais, emocionais, fisiológicas e as interações entre elas. A análise de todos esses aspectos e a própria definição de um estado de bem-estar pode ser desafiador aos alunos em início de aprendizado e, nesse sentido, as estimativas referenciais da meta-análise facilitam o entendimento, retirando da equação uma possível fonte de complexidade.

As estimativas únicas também podem ser utilizadas por profissionais atuando em empreendimentos agropecuários que não tem como finalidade principal o melhoramento genético animal, mas realizam o ciclo completo. Decisões de descarte podem ser tomadas com base em parâmetros genéticos como herdabilidade e repetibilidade. Um valor referencial para a população tornaria a explicação do processo mais simples para outros técnicos e proporcionaria um processo de decisão rápido e suficientemente acurado para os fins do empreendimento, sem a necessidade de trabalho com grande volume de dados e softwares especializados (que podem exigir a contratação de terceiros).

Nos programas de Melhoramento Genético Animal em fase de implantação ou de início de trabalho com características como o bem-estar por exemplo, os dados para estimativas de parâmetros genéticos e predição de DEPs e valores genéticos aditivos estimados são escassos e insuficientes para a obtenção de acurácias altas para os processos de seleção e tomadas de decisão. Assim, os resultados da

metanálise podem ser uma opção viável para os primeiros passos no processo de incremento genético da característica. Se o programa de melhoramento pretende trabalhar com bem-estar, muitas características novas deverão ser medidas para que se possa, por exemplo, definir um índice de bem-estar para o processo de seleção ou para definição de acasalamentos direcionados. Dessa forma, o início dos trabalhos, nos primeiros anos, o programa poderia fazer uso de estimativas de parâmetros gerados por meta-análise, antes de começar a prever os parâmetros de sua própria população com acurácias mais altas do que aquelas fornecidas por meta-análise.

Na área da pesquisa, os parâmetros obtidos pela meta-análise podem ser muito úteis para desenvolvimento e aplicação de simulações para testes de metodologias e estratégias dentro de programas de melhoramento. Também podem servir para outros trabalhos em que o objetivo não é a estimação de parâmetros genéticos, mas esses são necessários durante o processo.

A meta-análise também favorece o desenvolvimento e manutenção de um banco de dados de parâmetros genéticos para diversas características e populações. Esse banco poderia ser atualizado “em tempo real” à medida que novos estudos surgirem na literatura, em processo semelhante ao utilizado pelos serviços ¹(QTLDB) e Animal CorrDB.

Assume-se aqui, uma vez que a literatura demonstra a utilização dessas características como indicadoras de bem-estar, que existe alguma correlação entre essas e o estado geral de bem-estar dos indivíduos das populações estudadas. Assim, a seleção para as características indicadoras resultaria em incrementos genéticos para a característica multifatorial “bem-estar”. Também vale a pena citar que os trabalhos de seleção e acasalamentos com as características indicadoras têm sido, atualmente, no sentido de se encontrar indivíduos resilientes. A ideia básica fundamentando essa estratégia é a de que indivíduos que continuam produzindo sobre condições desafiadoras não devem estar em sofrimento e por isso seriam mais adequados aos sistemas de produção que valorizam o bem-estar e a minimização do sofrimento animal nas suas práticas.

¹ Animal QTLdb - <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>
Animal CorrDB - <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/CorrDB/index>

As baixas herdabilidades encontradas neste trabalho para as características indicadoras de bem-estar sugerem que os ganhos genéticos devem ocorrer de forma mais lenta do que para características de alta herdabilidade. A busca por características genéticas apresentando herdabilidades mais altas é sempre importante, uma vez que por meio dessas informações, índices de seleção poderão ser construídos para que ganhos genéticos em todas as características de importância possam ser obtidos de acordo com as exigências e demandas do mercado.

A presença de trabalhos com essas características indicadoras de bem-estar animal em gado de leite na literatura ainda é baixa. Nesses casos, a revisão sistemática com meta-análise pode ser uma ferramenta muito útil, pois usa os trabalhos existentes para “aumentar o tamanho da amostra” e estimar parâmetros com maior precisão do que aquela encontrada nos trabalhos originais. Além disso, uma vez que a forma de análise é de baixa demanda computacional, a atualização dos resultados quando novos trabalhos surgem podem ser realizadas quase que automaticamente.

Finalmente, com o aumento da automatização na coleta de fenótipos, grande quantidade de dados e trabalhos devem começar a surgir nos próximos anos e a revisão sistemática com meta-análise pode se constituir em uma ferramenta muito útil para a construção de parâmetros genéticos de referência que poderão ser utilizados por profissionais de diversas áreas dentro do melhoramento genético animal.

2.5 Conclusão

Pouco tem se trabalhado com características indicadoras de bem-estar em gado de leite em programas de melhoramento no Brasil e no restante do mundo.

Um aumento nos trabalhos relacionados a bem-estar deve ser incentivado, uma vez que a percepção do público com relação às condições de criação dos indivíduos está muito mais sensível do que costumava ser há alguns anos.

As herdabilidades para as características indicadoras foram baixas e devem contribuir para ganhos genéticos de baixa magnitude. Portanto, mais estudos com essas e outras características associadas ao bem-estar são necessários para subsidiar estratégias de seleção e acasalamentos em programas de melhoramento genético animal.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANUALPEC. **Anuário da Pecuária Brasileira** (20th ed. Vol. 1). São Paulo, São Paulo, Brasil: Instituto FNP. 2019.

ABDELSAYED, M.; HAILE-MARIAM, M.; PRYCE, J. E. Genetic parameters for health traits using data collected from genomic information nucleus herds. **Journal of dairy science**, v. 100, n. 12, p. 9643-9655, 2017.

AKANNO, E. C. *et al.* Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science**, [s. l.], v. 152, n. 2–3, p. 101–113, 2013.

BOBBO, T.; PENASA, M.; CASSANDRO, M. Short communication: Genetic aspects of milk differential somatic cell count in Holstein cows: A preliminary analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 5, p. 4275–4279, 2019.

BUCH, L. H. *et al.* Hygiene-related and feed-related hoof diseases show different patterns of genetic correlations to clinical mastitis and female fertility. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 3, p. 1540-1551, 2011.

CNA. Confederação da Agricultura e pecuária do Brasil, **Panorama do Agro**. 2021.

CARLEN, E; STRANDBERG, E; ROTH, A. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. **Journal of dairy science**, v. 87, n. 9, p. 3062-3070, 2004.

CHAWALA, A.R.; LOPEZ-VILLALOBOS, N.; MARGERISON, J.K. Genetic and crossbreeding parameters for incidence of recorded clinical lameness in New Zealand dairy cattle. **New Zealand Veterinary Journal**, v. 61, n. 5, p. 281–285, 2013.

CHEGINI, A.; GHAVI HOSSEIN-ZADEH, N.; HOSSEINI MOGHADDAM, S.H. Genetic aspects of some reproductive, udder health and energy status traits in Holstein cows. **Theriogenology**, v. 130, p. 1–7, 2019.

CROUÉ, L. *et al.* Genetic evaluation of claw health traits accounting for potential preselection of cows to be trimmed. **Journal of dairy science**, v. 100, n. 10, p. 8197-8204, 2017.

DIAZ, I. D. P. S.; CREWS, D. H.; ENNS, R. M. Cluster and meta-analyses of genetic parameters for feed intake traits in growing beef cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, [s. l.], v. 131, n. 3, p. 217–226, 2014.

EGGER, M.; SMITH, G. D. Meta-analysis bias in location and selection of studies. **British Medical Journal**, [s.l.], v. 316, n. 7124, p.61-66, 3 jan. 1998.

EL-AWADY, H. G.; OUDAH, E. Z. M. Genetic and Economic Analysis for the Relationship between Udder Health and Milk Production Traits in Friesian

Cows. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 24, n. 11, p. 1514-1524, 2011.

EL-SAIED, U.M.; CARRIEDO, J.A.; DE LA FUENTE, L.F.; *et al.* Genetic parameters of lactation cell counts and milk and protein yields in dairy ewes. **Journal of Dairy Science**, v. 82, n. 3, p. 639–644, 1999.

GALVÃO, T. F.; PANSANI, T. S. A; HARRAD, D. Principais itens para relatar Revisões sistemáticas e Meta-análises: A recomendação PRISMA. **Epidemiologia e serviços de saúde**, v. 24, p. 335-342, 2015.

GERNAND, E. *et al.* Incidences of and genetic parameters for mastitis, claw disorders, and common health traits recorded in dairy cattle contract herds. **Journal of dairy science**, v. 95, n. 4, p. 2144-2156, 2012.

GIANNOTTI, J. D. G. **Meta-análise de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte sob enfoques clássico e bayesiano**. 2004. 97 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal e Pastagens) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

GIANNOTTI, J. D. G.; PACKER, I. U.; MERCADANTE, M. E. Z. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, [s. l.], v. 34, n. 4, p. 1173–1180, 2005.

HARDIE, L.C.; HAAGEN, I.W.; HEINS, B.J. Genetic parameters and association of national evaluations with breeding values for health traits in US organic Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 105, n. 1, p. 495–508, 2022.

HÄGGMAN, J; JUGA, J. Genetic parameters for hoof disorders and feet and leg conformation traits in Finnish Holstein cows. **Journal of dairy science**, v. 96, n. 5, p. 3319-3325, 2013.

HERINGSTAD, B. *et al.* Genetic analysis of number of mastitis cases and number of services to conception using a censored threshold model. **Journal of dairy science**, v. 89, n. 10, p. 4042-4048, 2006.

HERINGSTAD, B. *et al.* Bivariate analysis of liability to clinical mastitis and to culling in first-lactation cows. **Journal of dairy science**, v. 86, n. 2, p. 653-660, 2003.

HEDGES, L. V.; VEVEA, J. L. Fixed- and random-effects models in meta-analysis. **Psychological Methods**, [s. l.], v. 3, n. 4, p. 486–504, 1998.

IRANO, N. *et al.* Genetic association between milk yield, stayability, and mastitis in Holstein cows under tropical conditions. **Tropical Animal Health and Production**, v. 46, n. 3, p. 529-535, 2014.

JATTAWA, D.; KOONAWOOTRITTRIRON, S.; ELZO, M.A.; *et al.* Somatic cells count and its genetic association with milk yield in dairy cattle raised under thai tropical environmental conditions. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 25, n. 9, p. 1216–1222, 2012.

JEON, B. S. *et al.* Estimation of genetic parameters for daily milk yield, somatic cell score, milk urea nitrogen, blood glucose and immunoglobulin in Holsteins. **Asian-australasian journal of animal sciences**, v. 19, n. 9, p. 1252-1256, 2006.

KADARMIDEEN, HN. Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. **Animal science**, v. 79, n. 2, p. 191-201, 2004.

KIRSANOVA, E.; HERINGSTAD, B.; LEWANDOWSKA-SABAT, A. Alternative subclinical mastitis traits for genetic evaluation in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 102, n. 6, p. 5323–5329, 2019.

KÖCK, A.; LEDINEK, M.; GRUBER, L. Genetic analysis of efficiency traits in Austrian dairy cattle and their relationships with body condition score and lameness. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 1, p. 445–455, 2018.

KOECK, A.; MIGLIOR, F.; KELTON, D. F. Short communication: Genetic parameters for mastitis and its predictors in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 12, p. 7363–7366, 2012.

KOENIG, S.; SHARIFI, A. R.; WENTROT, H.; *et al.* Genetic parameters of claw and foot disorders estimated with logistic models. **Journal of Dairy Science**, v. 88, n. 9, p. 3316–3325, 2005.

KHATKAR, M. S. *et al.* Quantitative trait loci mapping in dairy cattle: review and meta-analysis. **Genetics Selection Evolution**, [s. l.], v. 36, n. 2, p. 163–190, 2004.

LUND, T; MIGLIOR, F; DEKKERS, JCM. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. **Livestock Production Science**, v. 39, n. 3, p. 243-251, 1994.

MALCHIODI, F. *et al.* Genetic parameters for hoof health traits estimated with linear and threshold models using alternative cohorts. **Journal of dairy science**, v. 100, n. 4, p. 2828-2836, 2017.

MANGWIRO, F. K. *et al.* Genetic evaluation of somatic cell counts of Holstein cattle in Zimbabwe. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 13, n. 10, p. 1347-1352, 2000.

MONTALDO, H. H. *et al.* Genetic and environmental parameters for milk production, udder health, and fertility traits in Mexican Holstein cows. **Journal of dairy science**, v. 93, n. 5, p. 2168-2175, 2010.

MRODE, R.; PRITCHARD, T.; COFFEY, M. Joint estimation of genetic parameters for test-day somatic cell count and mastitis in the United Kingdom. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 8, p. 4618–4628, 2012.

MRODE, R. A.; SWANSON, G. J. T.; WINTERS, M. S. Genetic parameters and evaluations for somatic cell counts and its relationship with production and type traits in some dairy breeds in the United Kingdom. **Animal Science**, v. 66, n. 3, p. 569-

576, 1998.

OLIVEIRA, E. J; BIGNARDI, A. B; SANTANA JUNIOR, M. L. Associação genética entre ocorrência de mastite clínica e produção de leite em vacas Holandesas. **Ciência Rural**, v. 45, p. 2187–2192, 2015.

OBERBAUER, A.M.; BERRY, S.L.; BELANGER, J.M. Determining the heritable component of dairy cattle foot lesions. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 1, p. 605–613, 2013.

ØDEGÅRD, C.; SVENDSEN, M.; HERINGSTAD, B. Genetic analyses of claw health in Norwegian Red cows. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 11, p. 7274–7283, 2013.

ONYIRO, O. M. *et al.* Genetic parameters for digital dermatitis and correlations with locomotion, production, fertility traits, and longevity in Holstein-Friesian dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 10, p. 4037-4046, 2008.

PÉREZ-CABAL, M. A. Models for genetic evaluations of claw health traits in Spanish dairy cattle. **Journal of dairy science**, v. 98, n. 11, p. 8186-8194, 2015.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 30 jun. 2021.

PÉREZ-CABAL, M.A.; DE LOS CAMPOS, G.; VAZQUEZ, A.I. Genetic evaluation of susceptibility to clinical mastitis in Spanish Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 7, p. 3472–3480, 2009.

PRITCHARD, T.; COFFEY, M.; MRODE, R. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. **Animal**, v. 7, n. 1, p. 34–46, 2013.

REENTS, R. *et al.* Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. **Journal of Dairy Science**, v. 78, n. 12, p. 2847-2857, 1995.

RUPP, R; BOICHARD, D. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. **Journal of dairy science**, v. 82, n. 10, p. 2198-2204, 1999.

RSTUDIO TEAM. **RStudio**: integrated development for R. Boston: RStudio, 2019. Disponível em: <http://www.rstudio.com/>. Acesso em: 30 jun. 2021.

SCHÖPKE, K. *et al.* Relações entre distúrbios do casco bovino, características da condição corporal e rendimentos no dia do teste. **Journal of laticínios**, v. 96, n. 1, pág. 679-689, 2013.

TSHILATE, T. S. *et al.* Genetic parameter estimates for milkability traits and their relationship with somatic cell score in South African Holstein cattle. **Tropical animal health and production**, v. 53, n. 1, p. 1-8, 2021.

URIOSTE, J. I. *et al.* Genetic relationships among mastitis and alternative somatic cell count traits in the first 3 lactations of Swedish Holsteins. **Journal of dairy science**, v. 95, n. 6, p. 3428-3434, 2012.

VAN DER SPEK, D.; VAN ARENDONK, J.A.M.; VALLÉE, A.A.A. Genetic parameters for claw disorders and the effect of preselecting cows for trimming. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 9, p. 6070–6078, 2013.

VAN DER WAAIJ, E. H. *et al.* Genetic parameters for claw disorders in Dutch dairy cattle and correlations with conformation traits. **Journal of dairy science**, v. 88, n. 10, p. 3672-3678, 2005.

VIECHTBAUER, W. Conducting Meta-Analyses in R with the metafor Package. **Journal of Statistical Software**, [s. l.], v. 3, p. 1–48, 2010.

WANG, M. C.; BUSHMAN, B. J. **Integrating results through meta-analytic review using SAS software**. SAS institute, 1999.

WEBER, A. *et al.* Genetic parameters for lameness and claw and leg diseases in dairy cows. **Journal of dairy science**, v. 96, n. 5, p. 3310-3318, 2013.

WOLF, J.; WOLFOVÁ, M.; ŠTÍPKOVÁ, M. A model for the genetic evaluation of number of clinical mastitis cases per lactation in Czech Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 3, p. 1193–1204, 2010.

ZAVADILOVÁ, L.; KAŠNÁ, E.; KRUPOVÁ, Z. Breeding values prediction for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. **Acta Fytotechnica et Zootechnica**, v. 23, p. 233–240, 2020.

ZOTERO. Reference manager. Version 5.0.95.1. **Corporation for Digital Scholarship**. Virgínia. EUA, 2020.

ZHAO, Fu-ping. *et al.* Genetic parameters for somatic cell score and production traits in the first three lactations of Chinese Holstein cows. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 14, n. 1, p. 125-130, 2015.

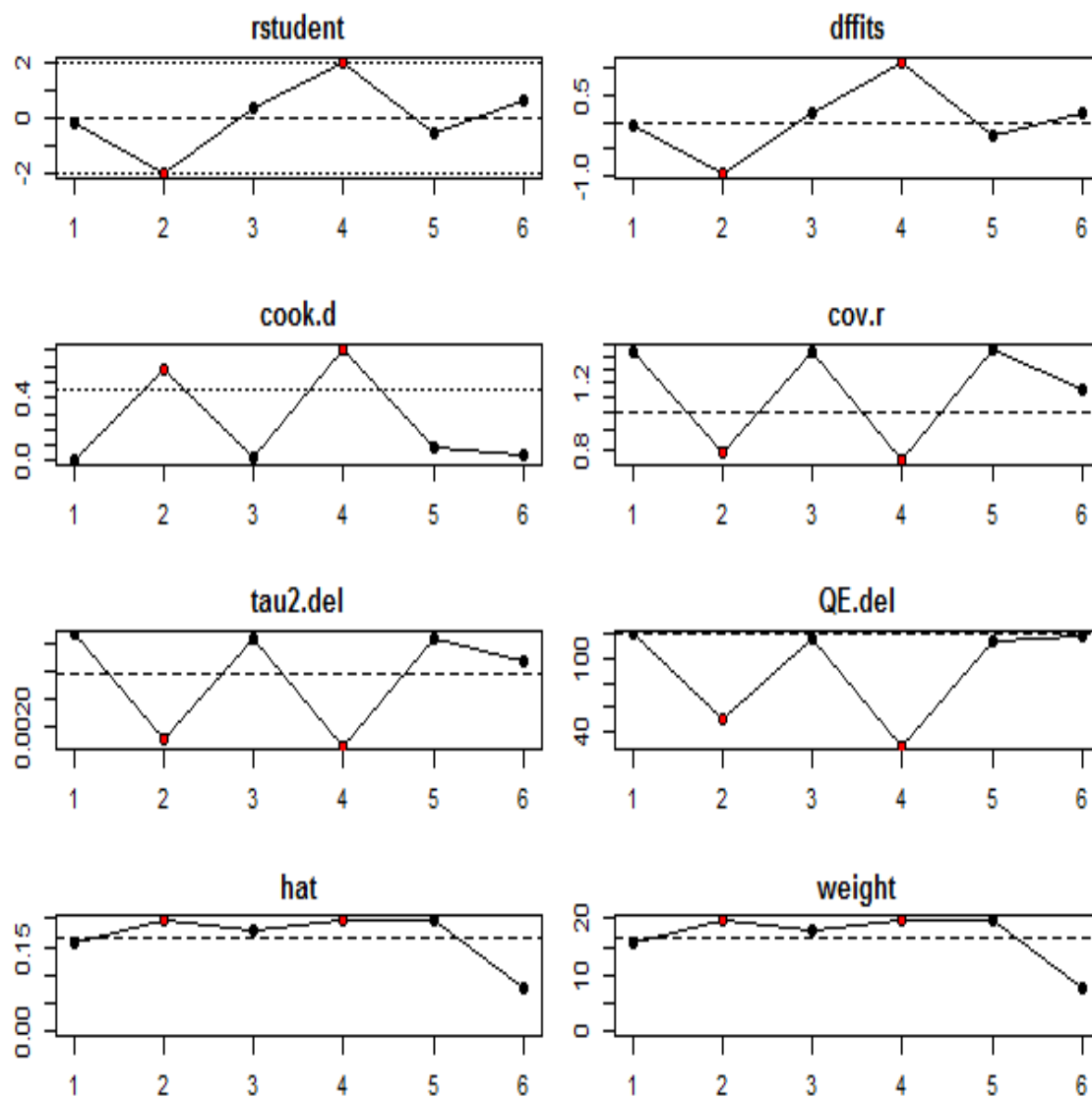
ZWALD, N. R. *et al.* Genetic analysis of clinical mastitis data from on-farm management software using threshold models. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 1, p. 330-336, 2006.

ZWALD, NR; WEIGEL, KA; CHANG, YM. Genetic selection for health traits using producer-recorded data. II. Genetic correlations, disease probabilities, and relationships with existing traits. **Journal of dairy science**, v. 87, n. 12, p. 4295-4302, 2004.

Apêndice 1

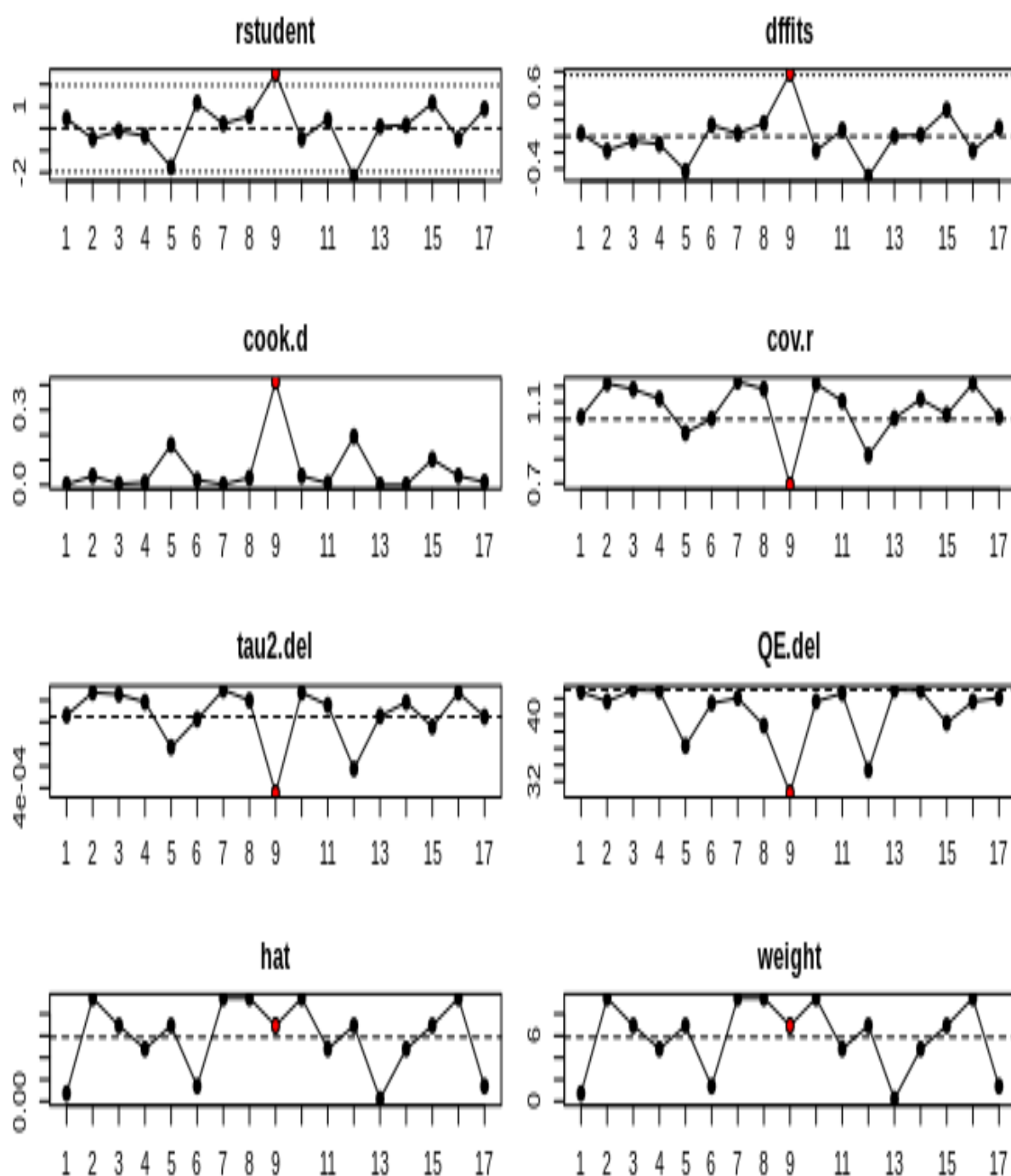
Análises de outliers para as características indicadoras de bem-estar animal, incluindo ou não incluindo o grupo bem-estar na estratégia de busca.

Figura 8 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.



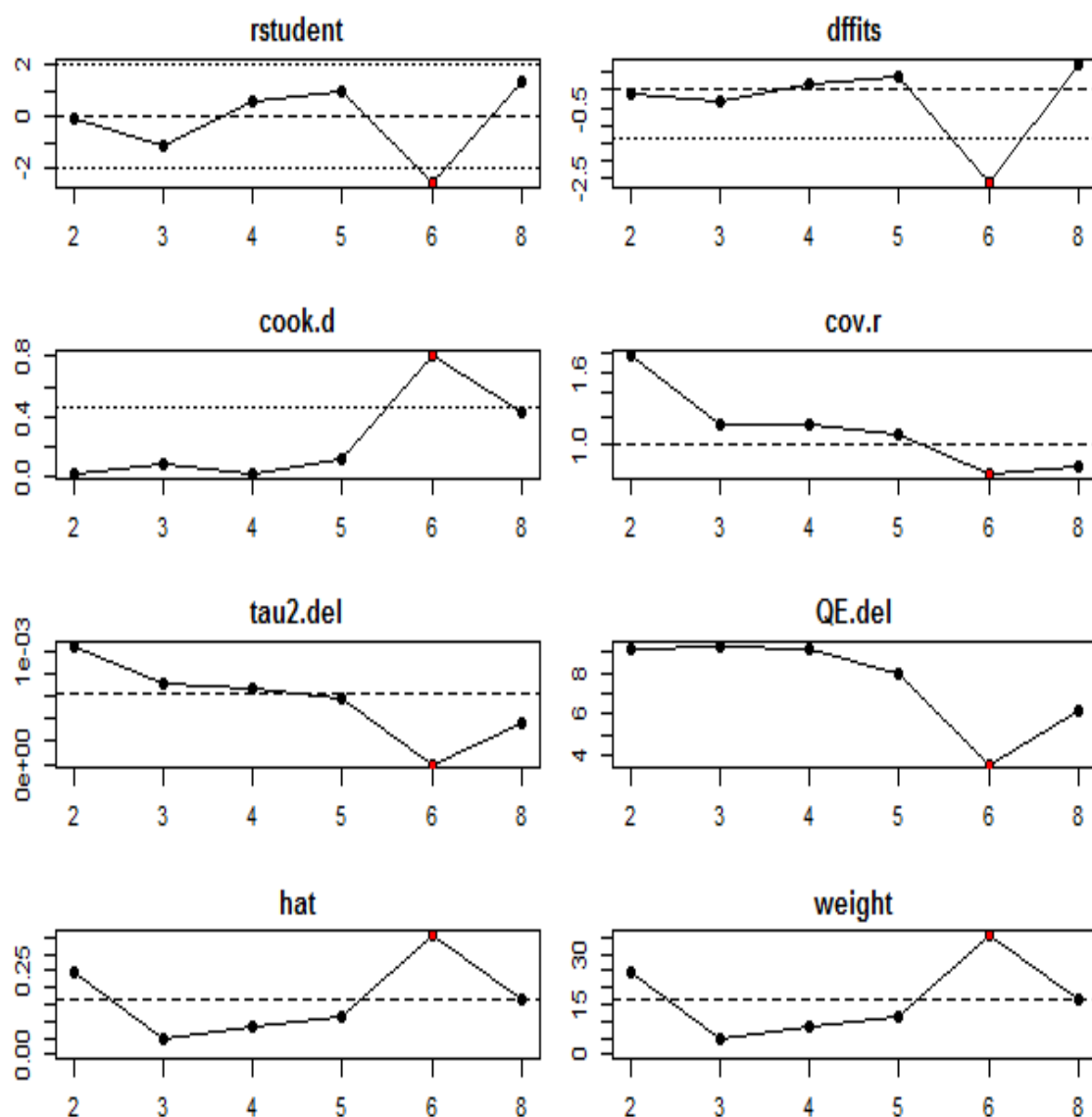
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 9 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



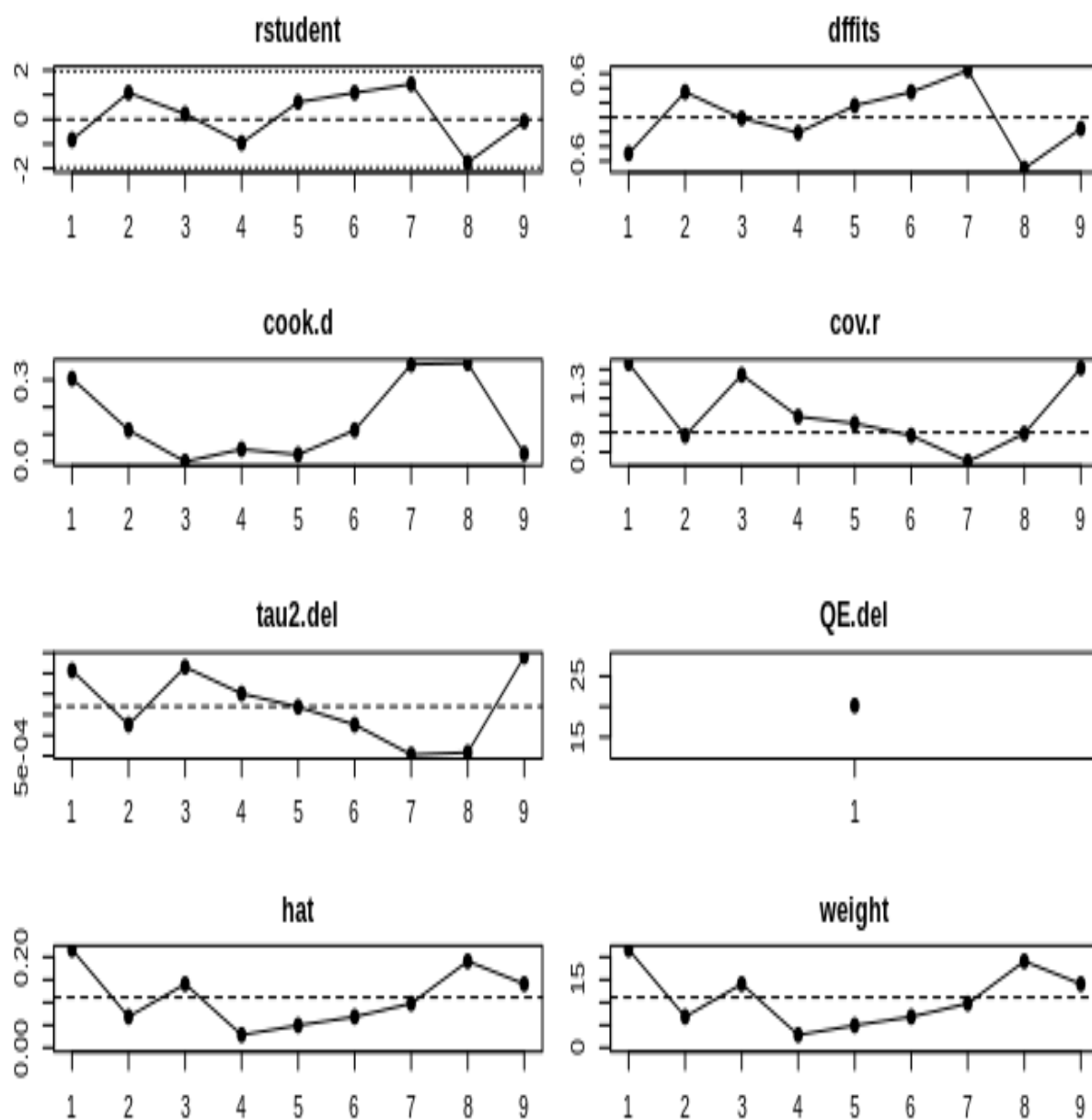
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 10 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



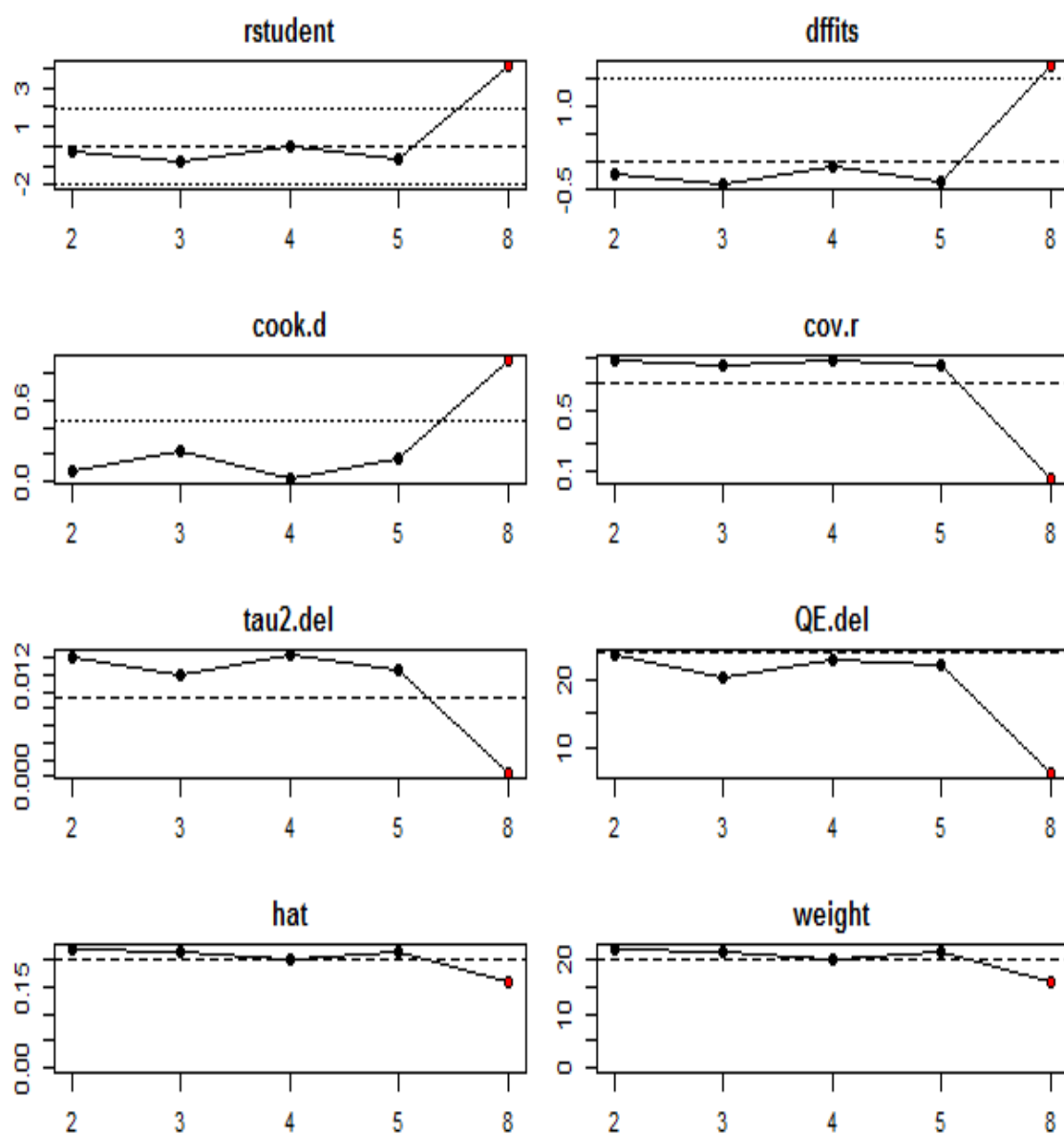
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 11 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal



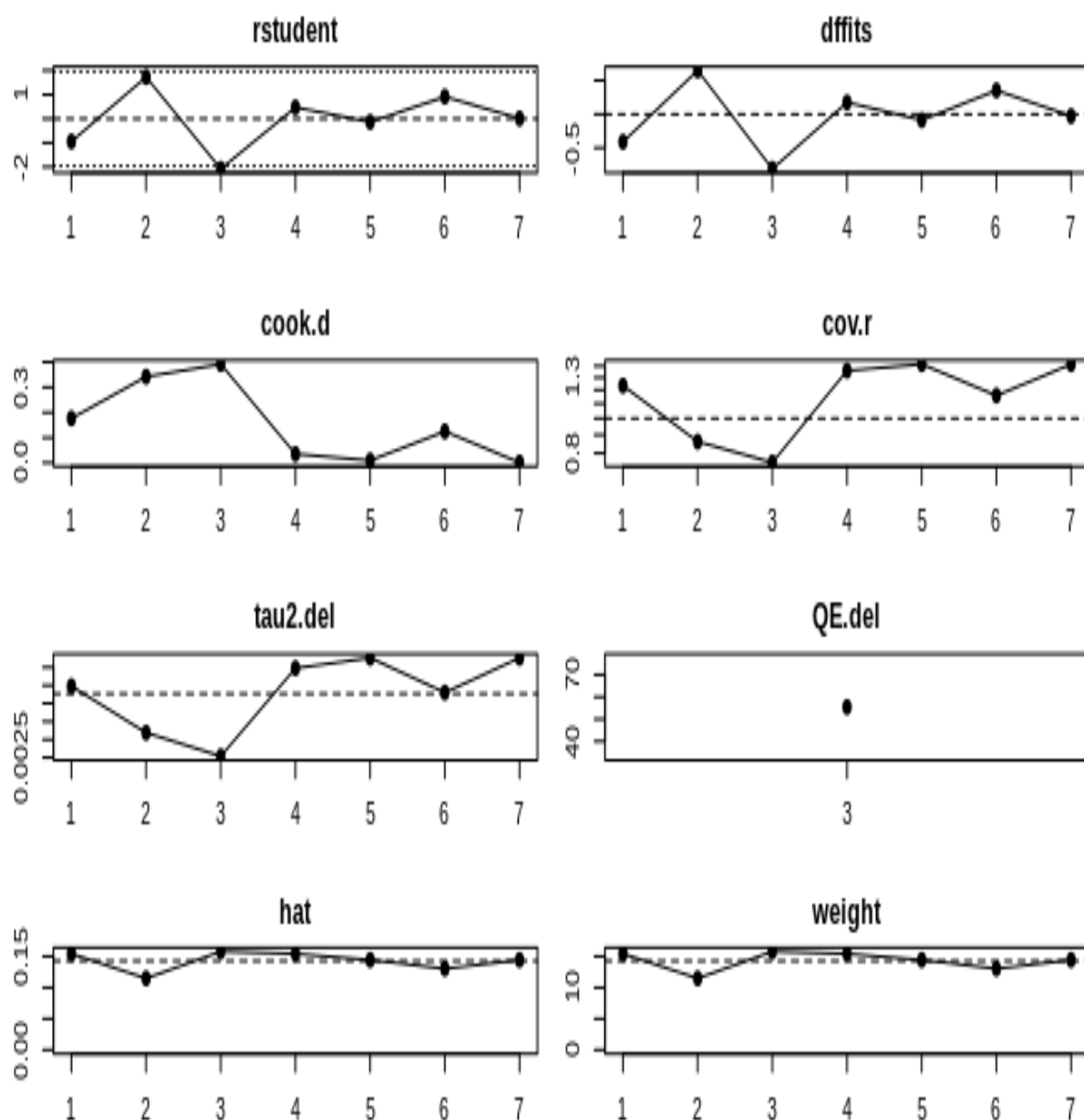
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 12 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



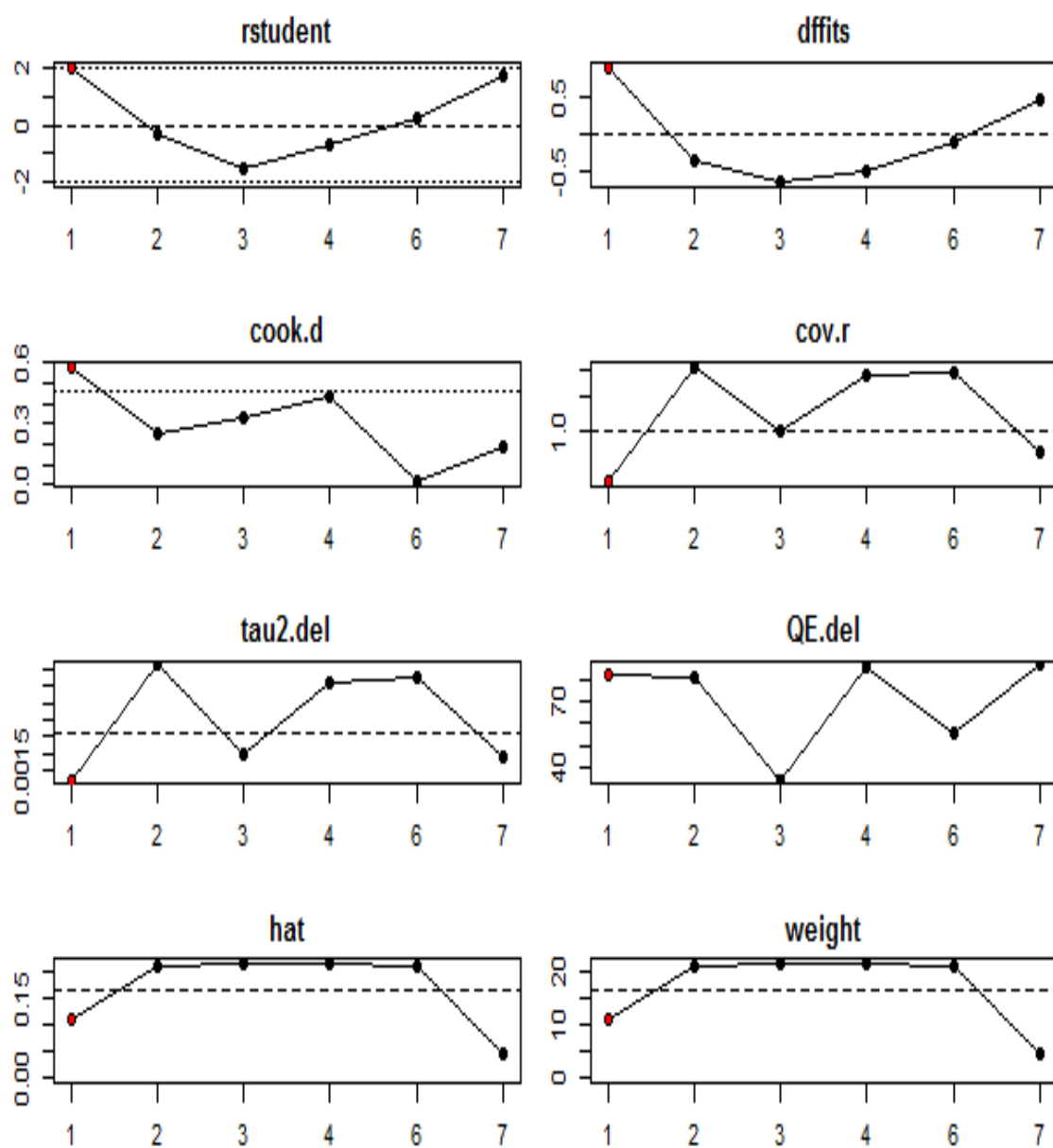
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 13 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



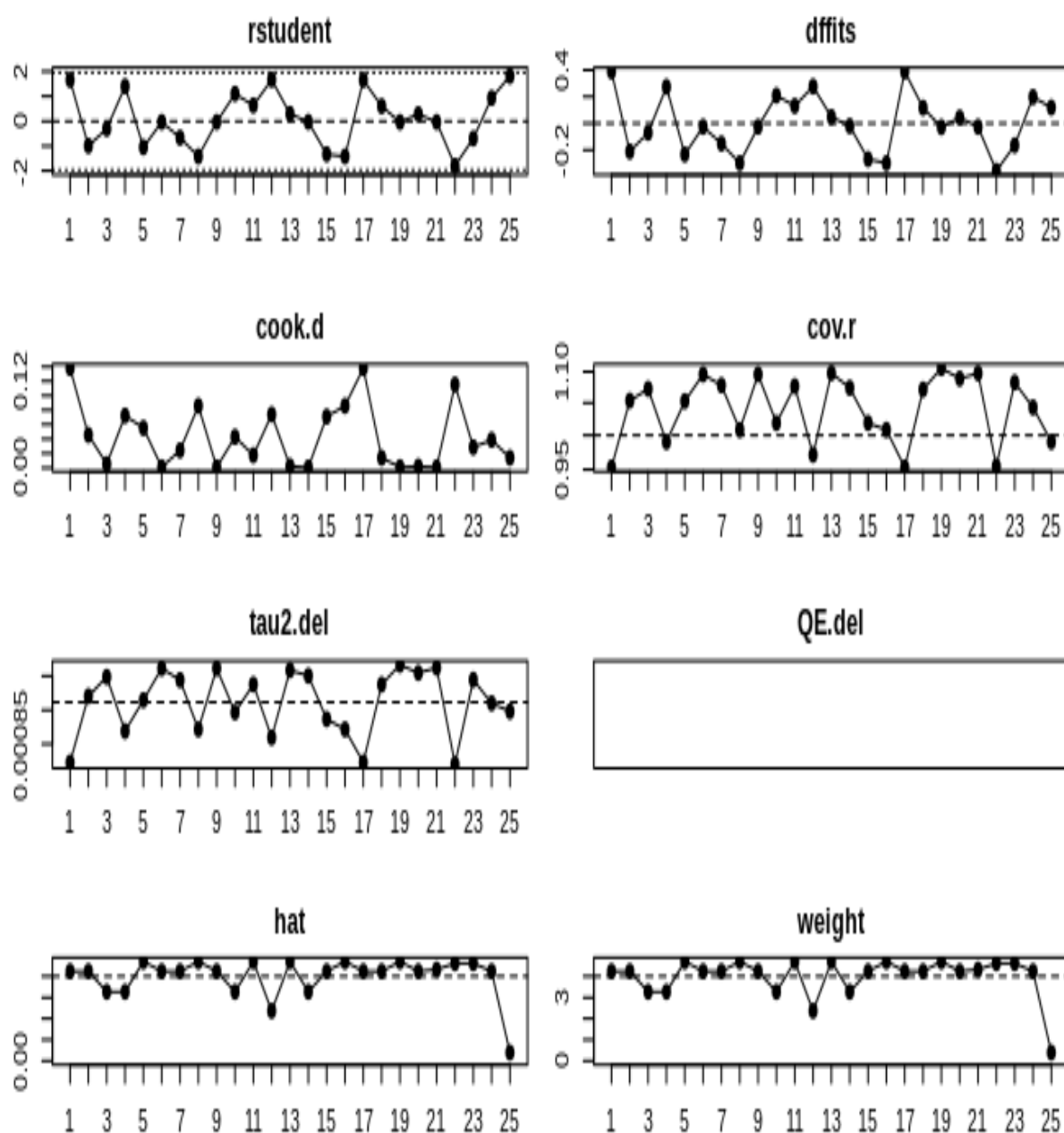
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 14 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.



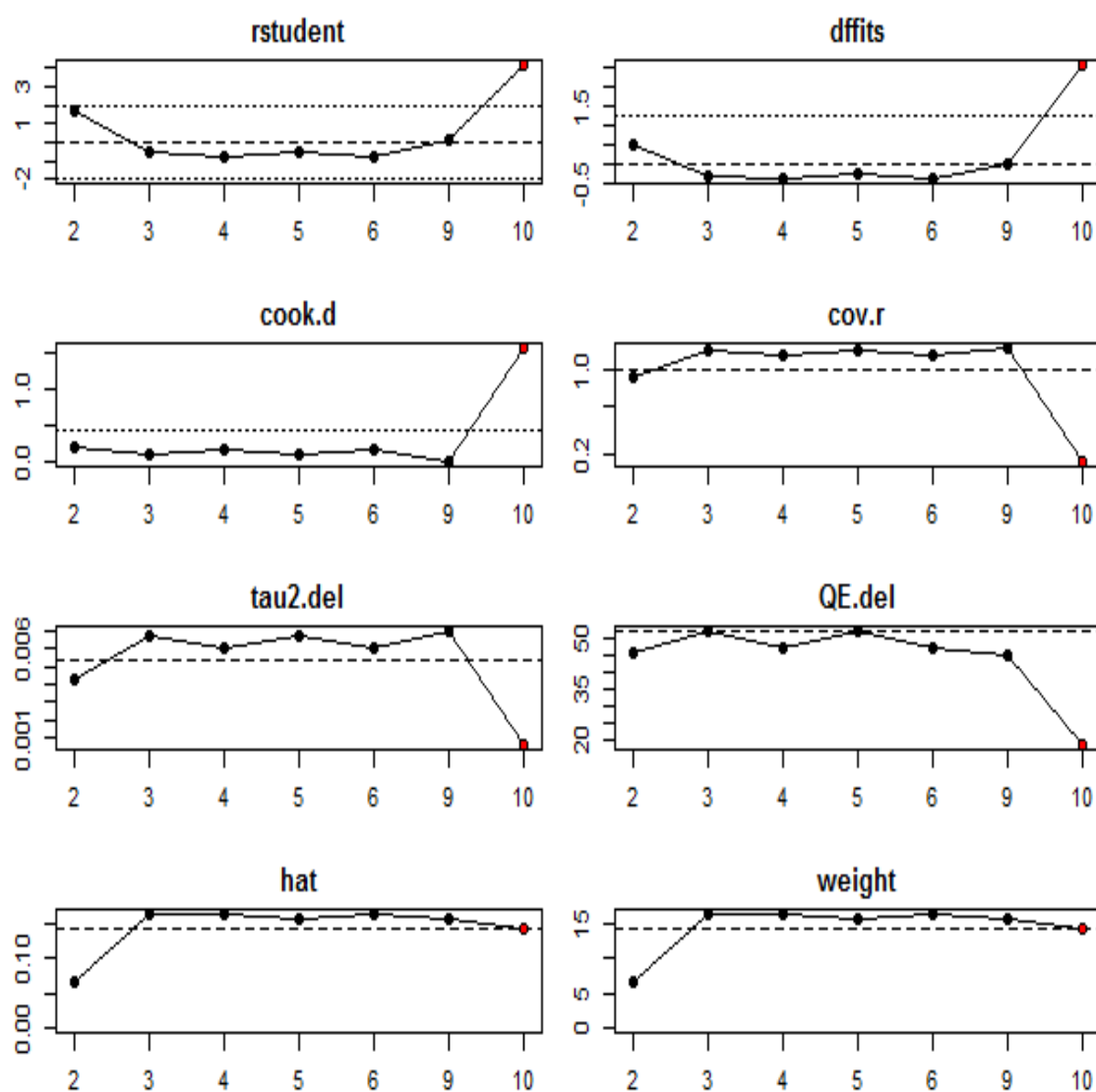
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 15 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



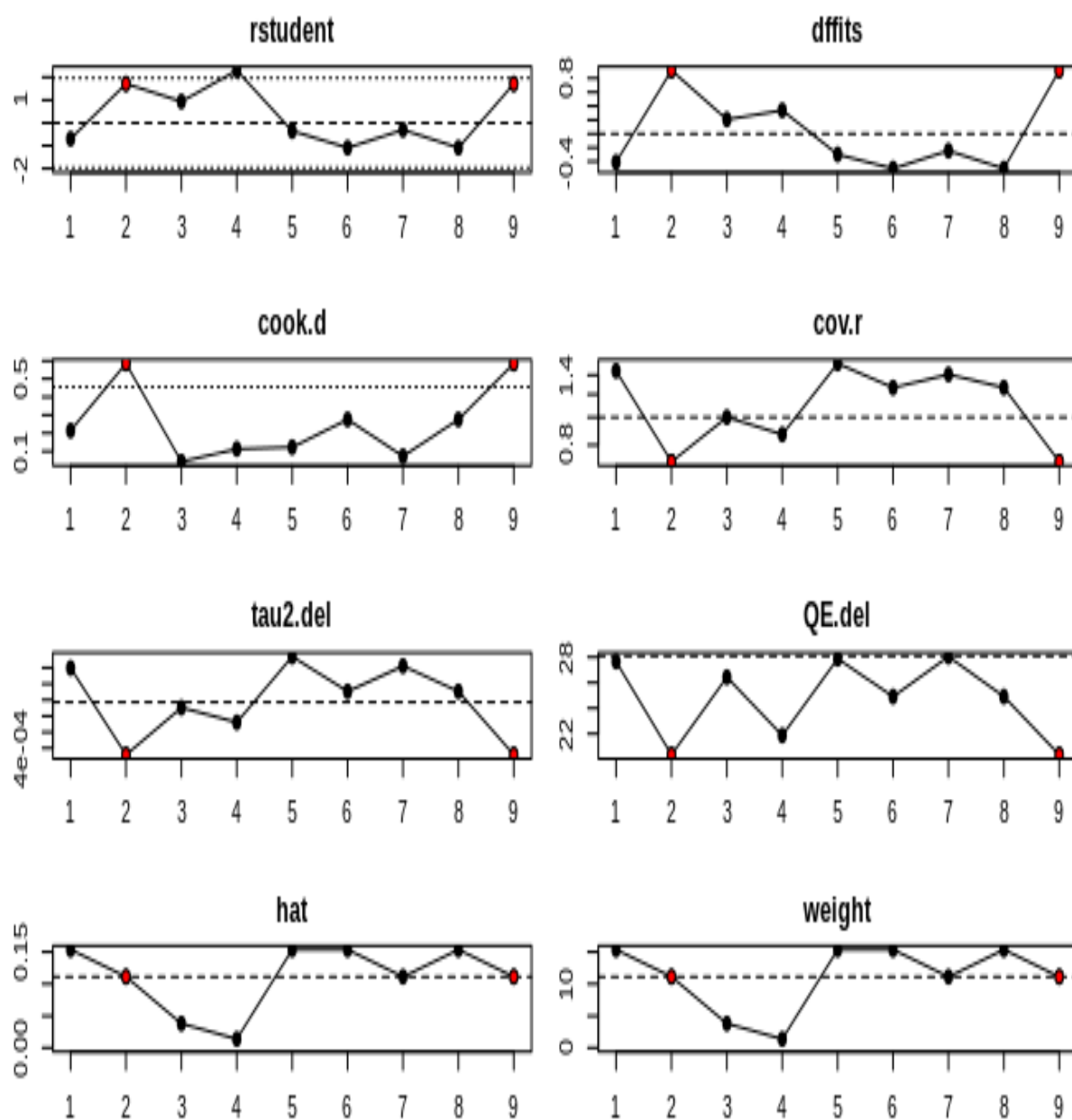
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 16 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo de bem-estar animal.



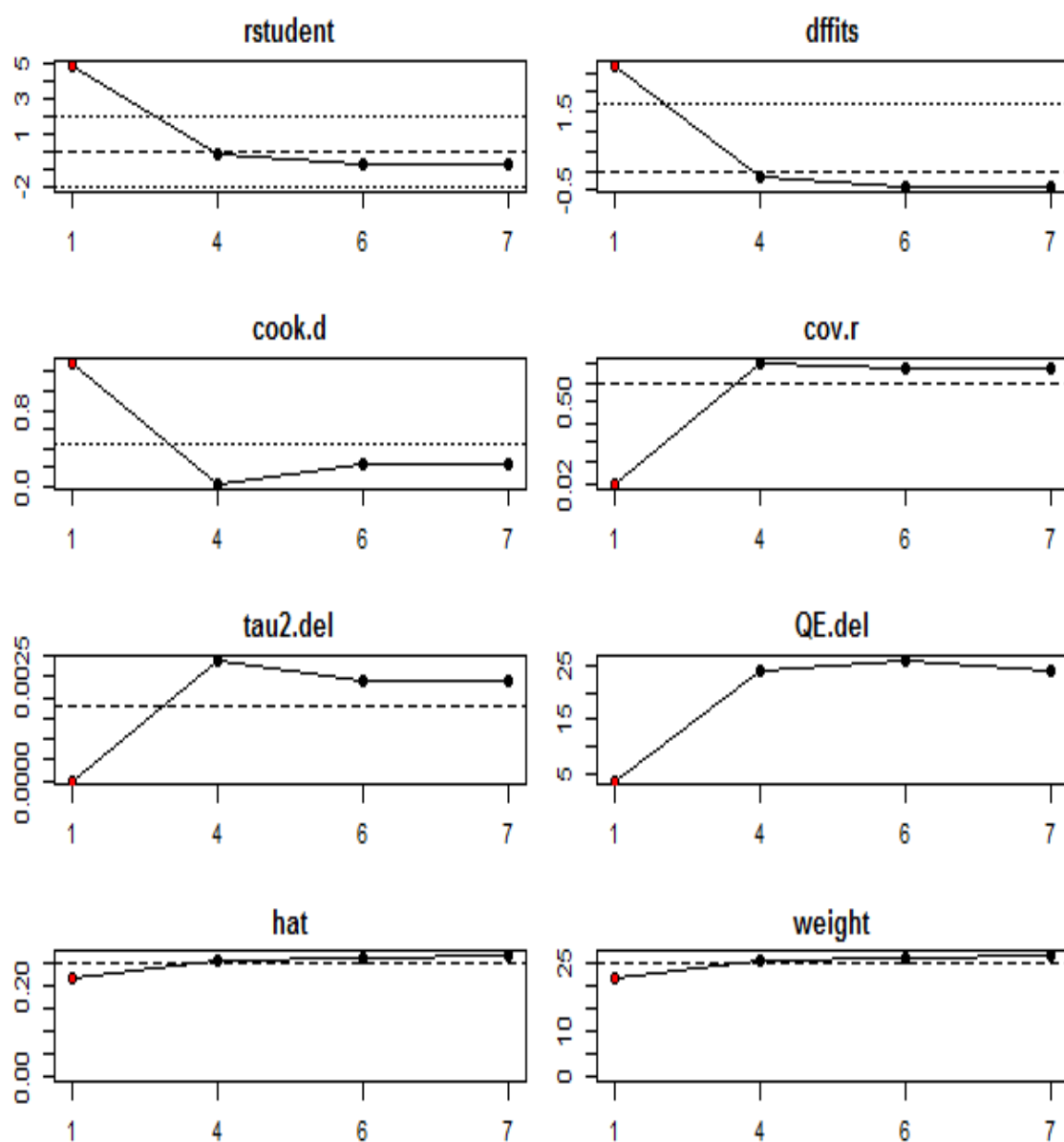
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 17 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.



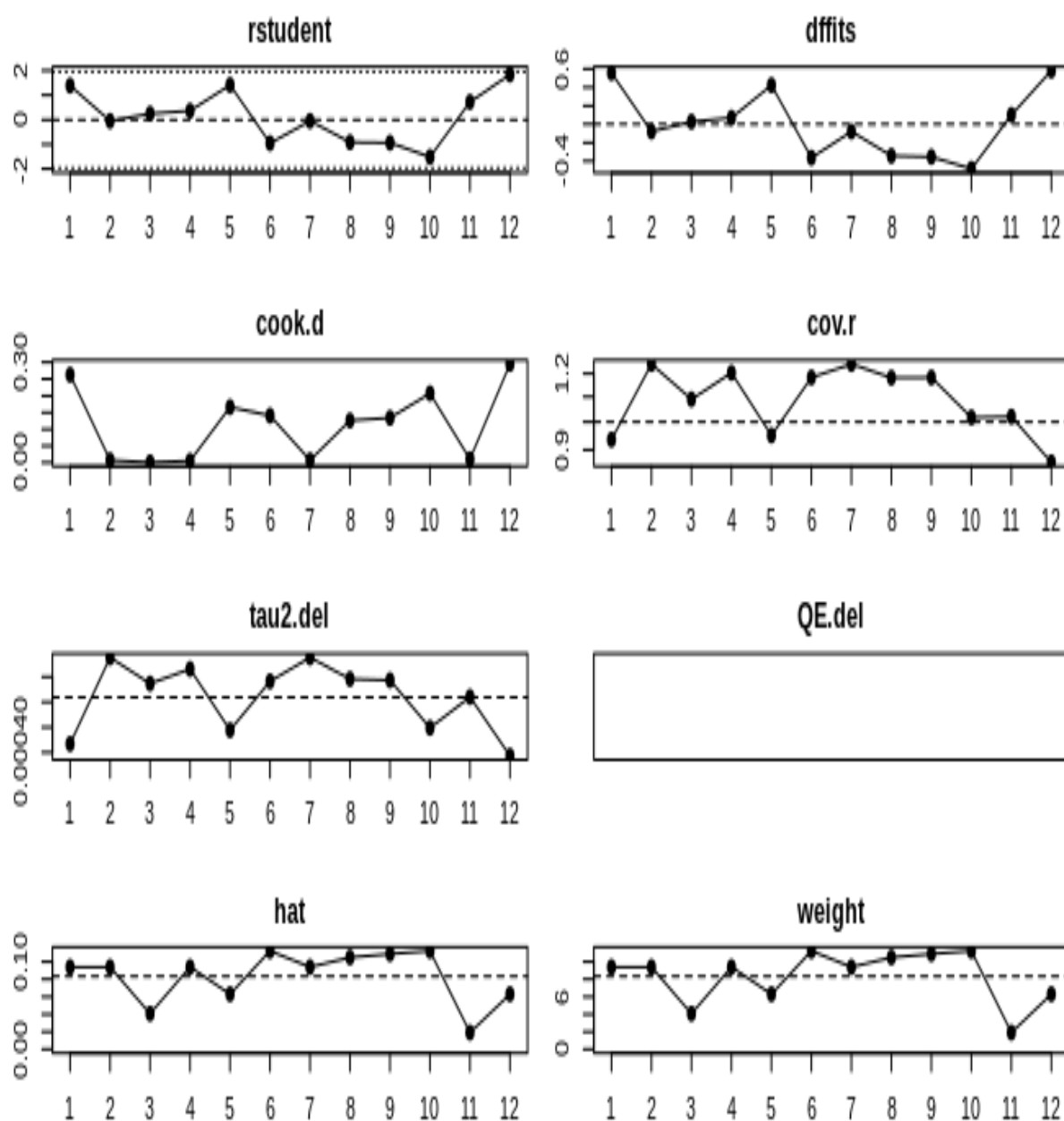
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 18 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.



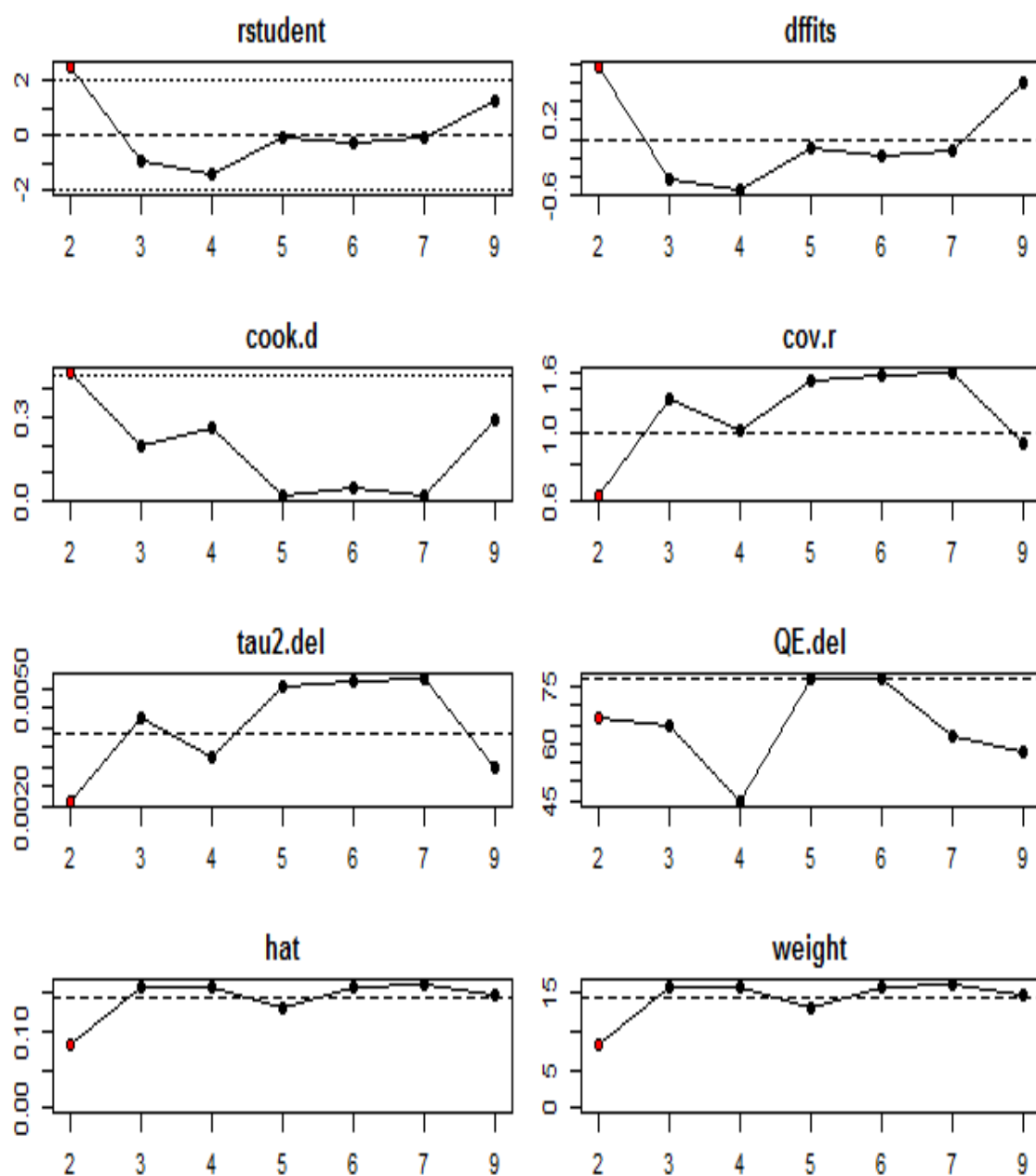
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 19 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar, claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



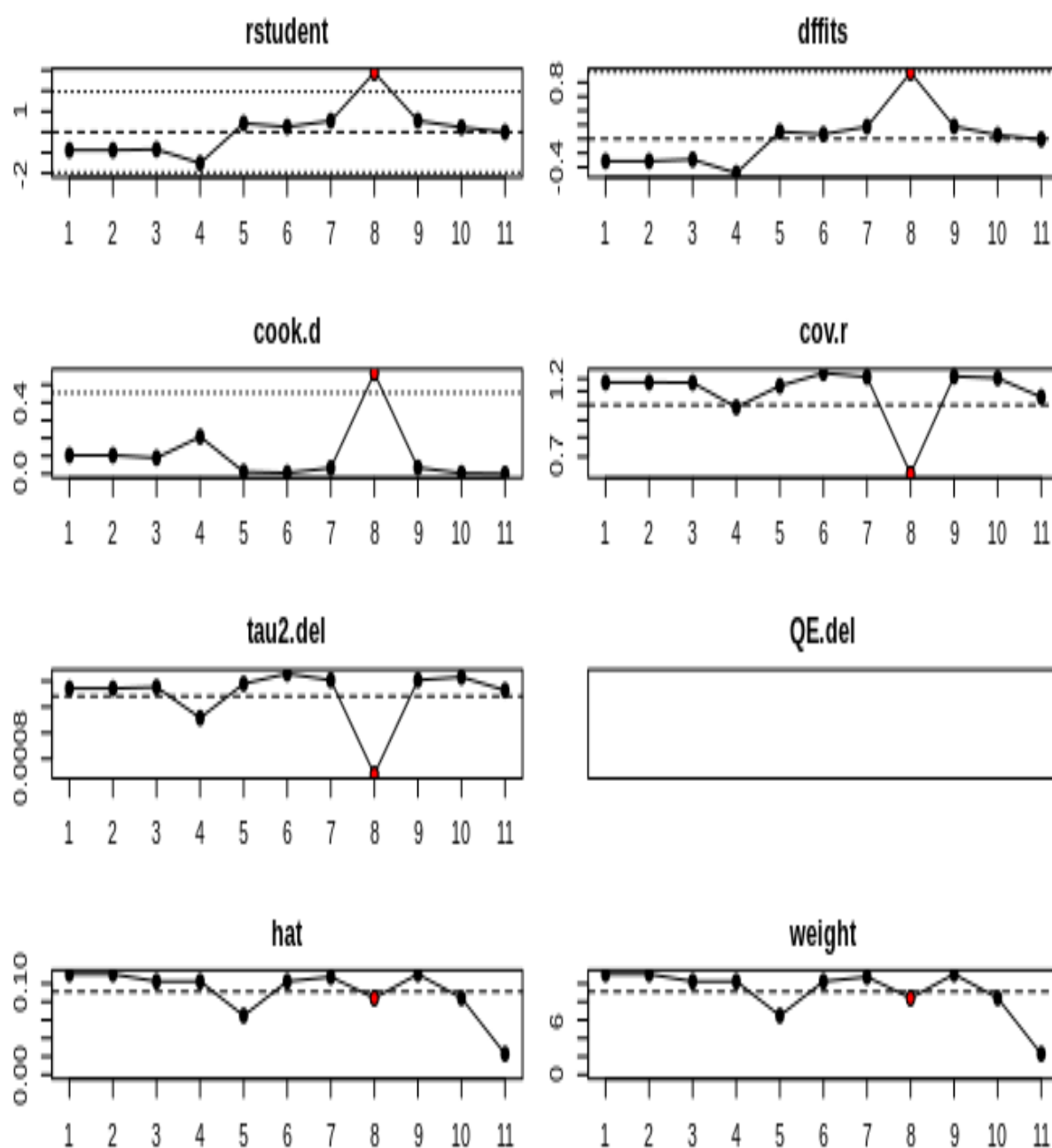
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 20 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 21 - Gráfico indicador de outliers para característica indicadora de bem-estar úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.

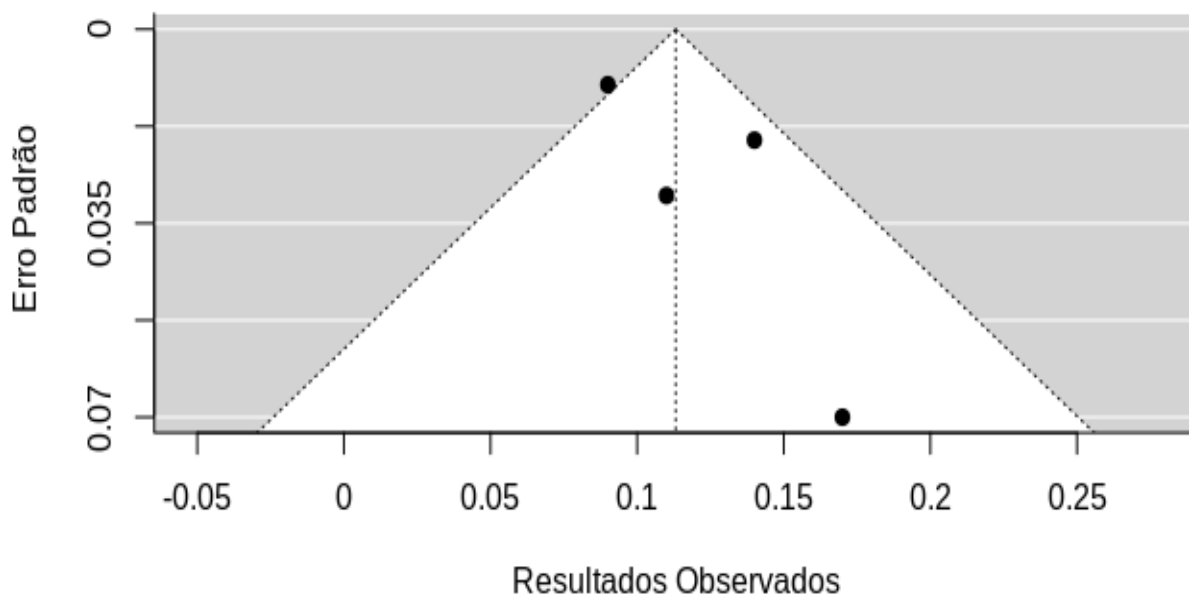


Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Apêndice 2

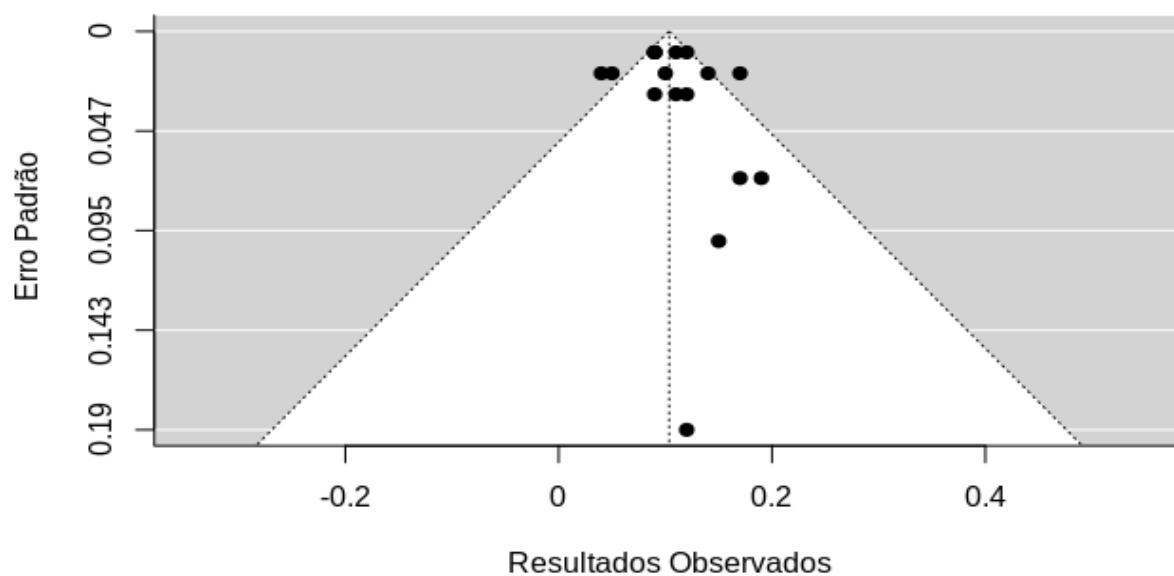
Análises gráficas de Funil para as características indicadoras de bem-estar animal, incluindo ou não incluindo o grupo bem-estar da estratégia de busca.

Figura 22 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.



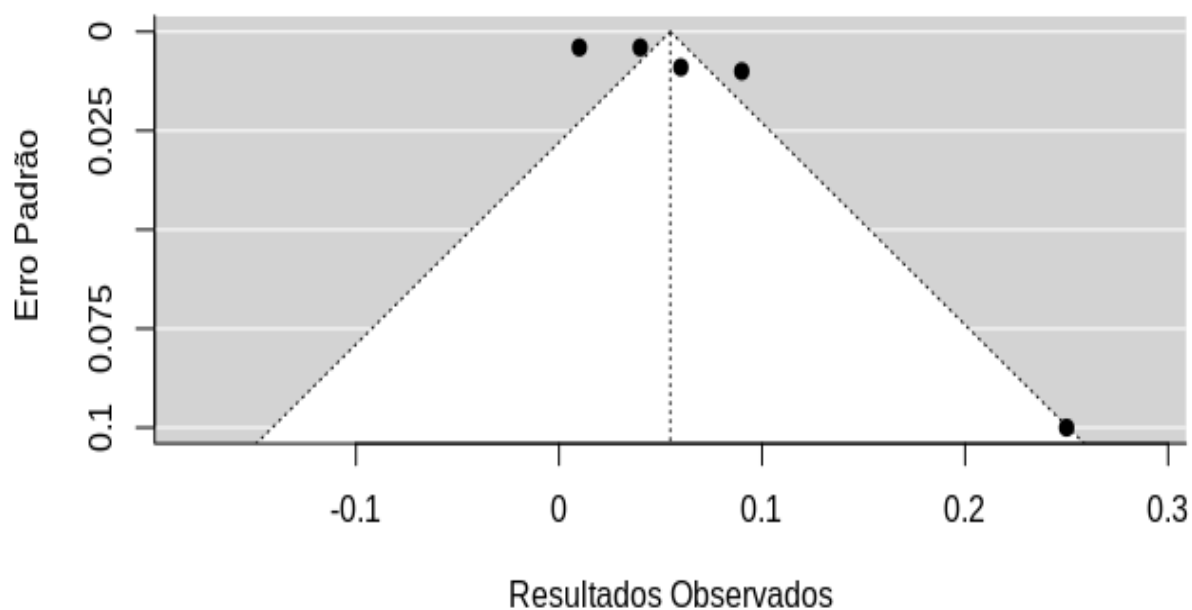
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 23 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



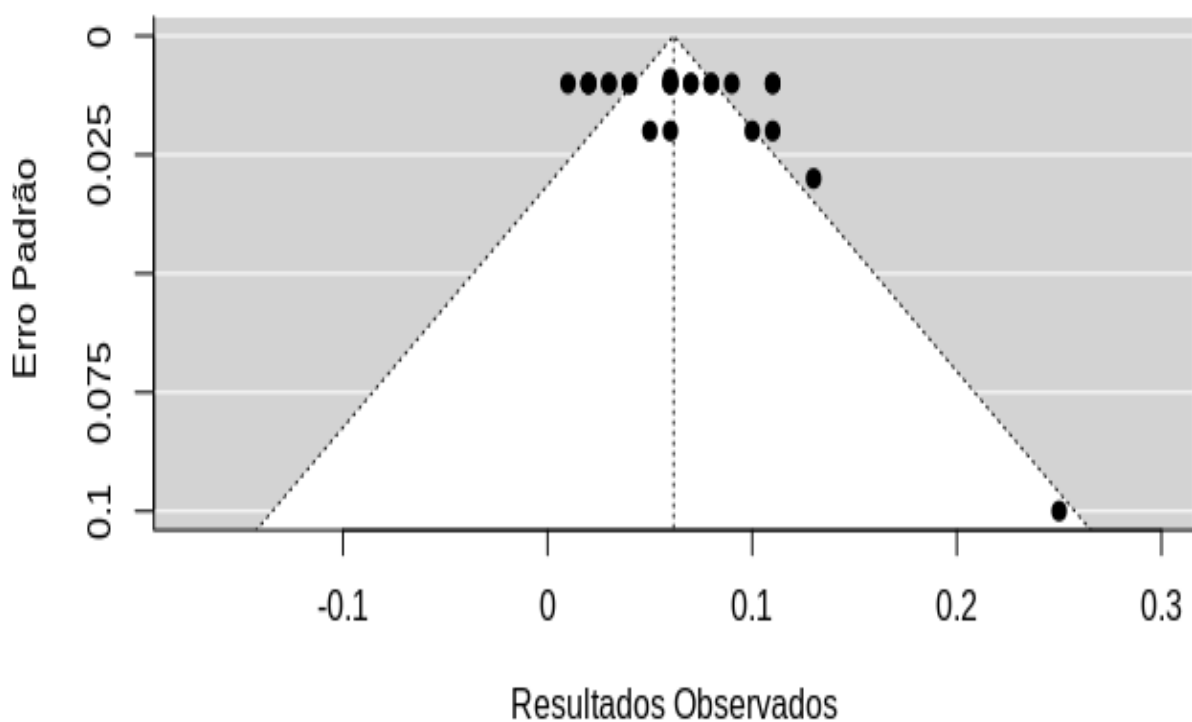
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 24 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.



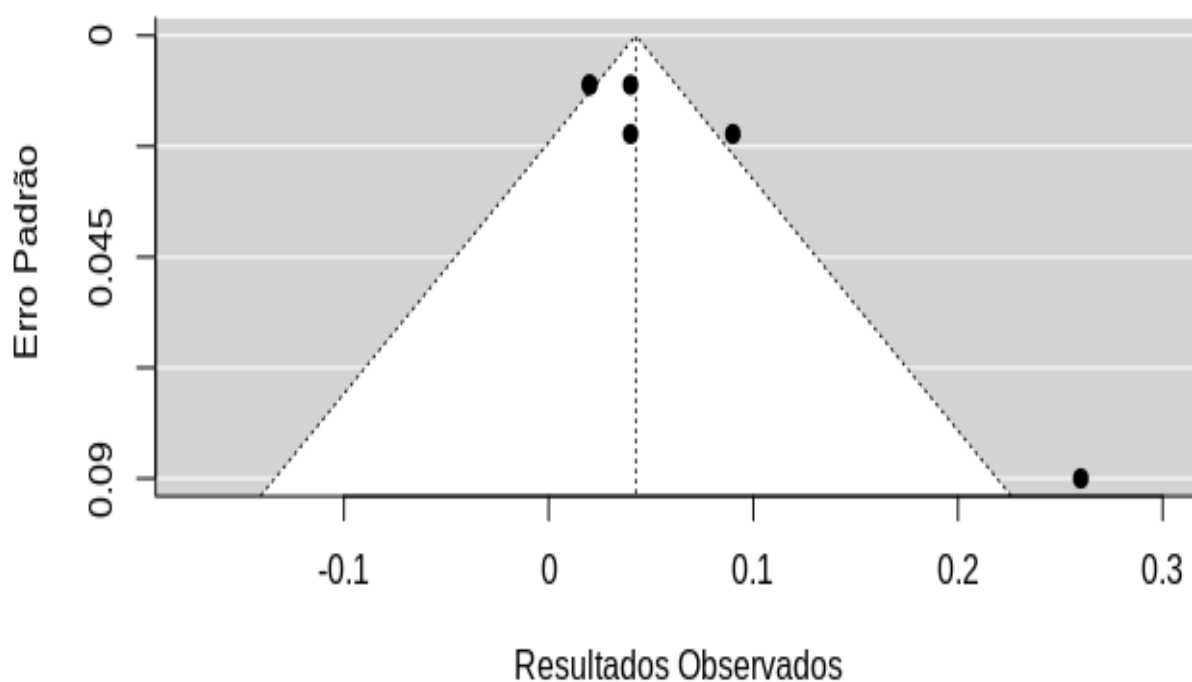
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 25 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.



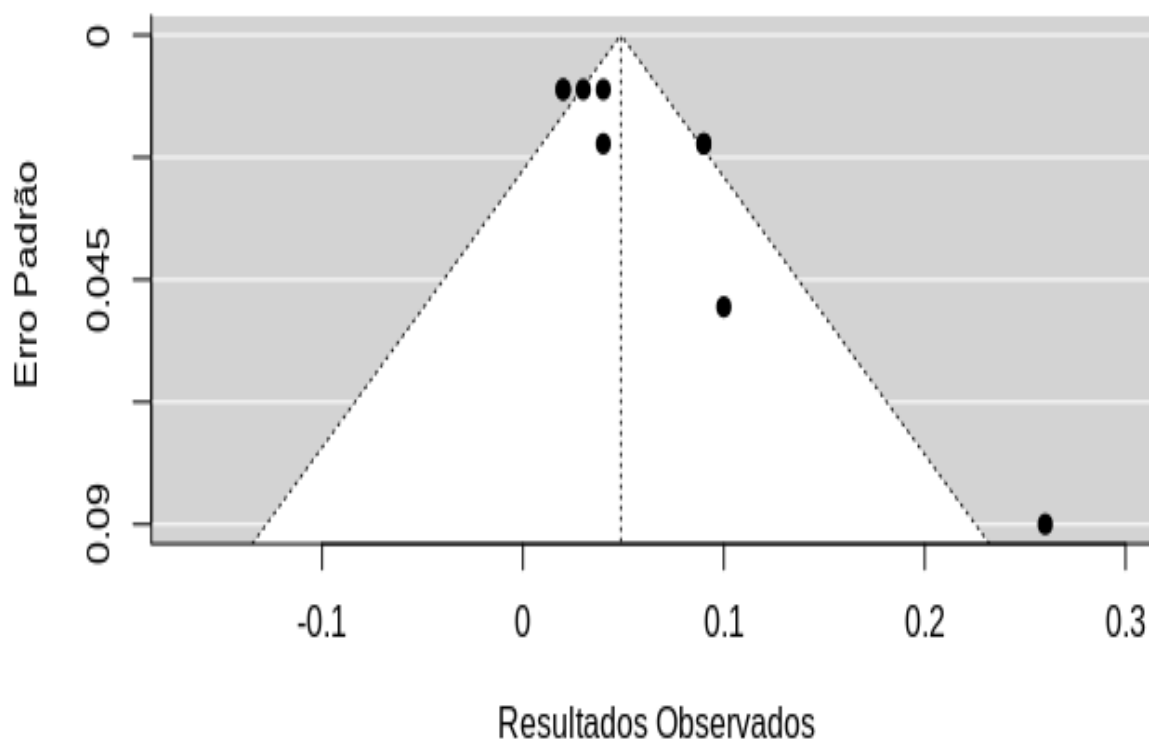
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 26 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.



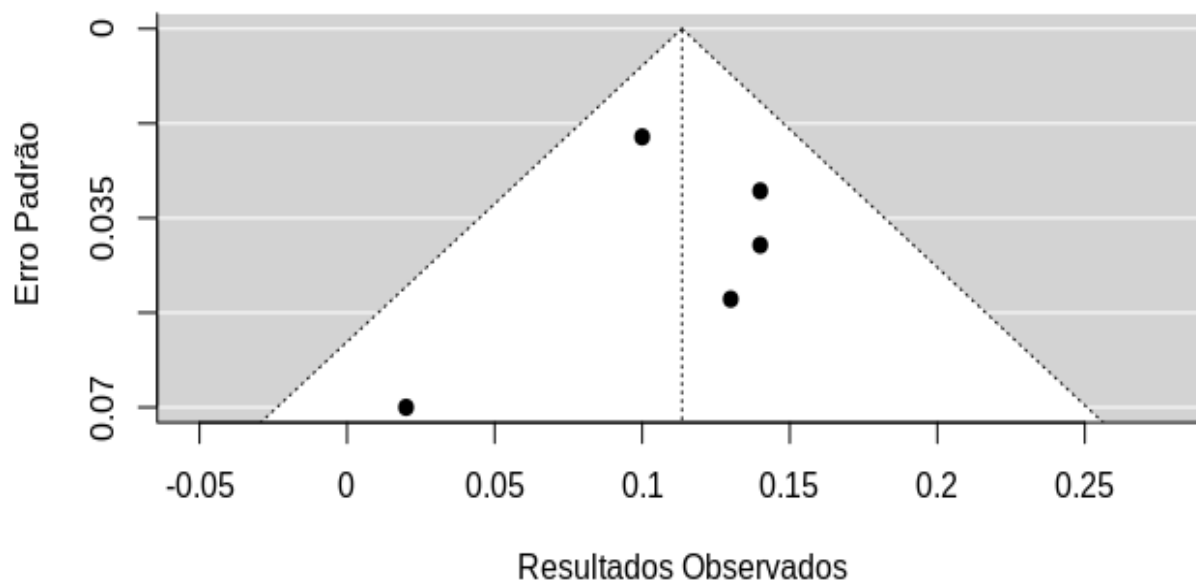
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 27 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal



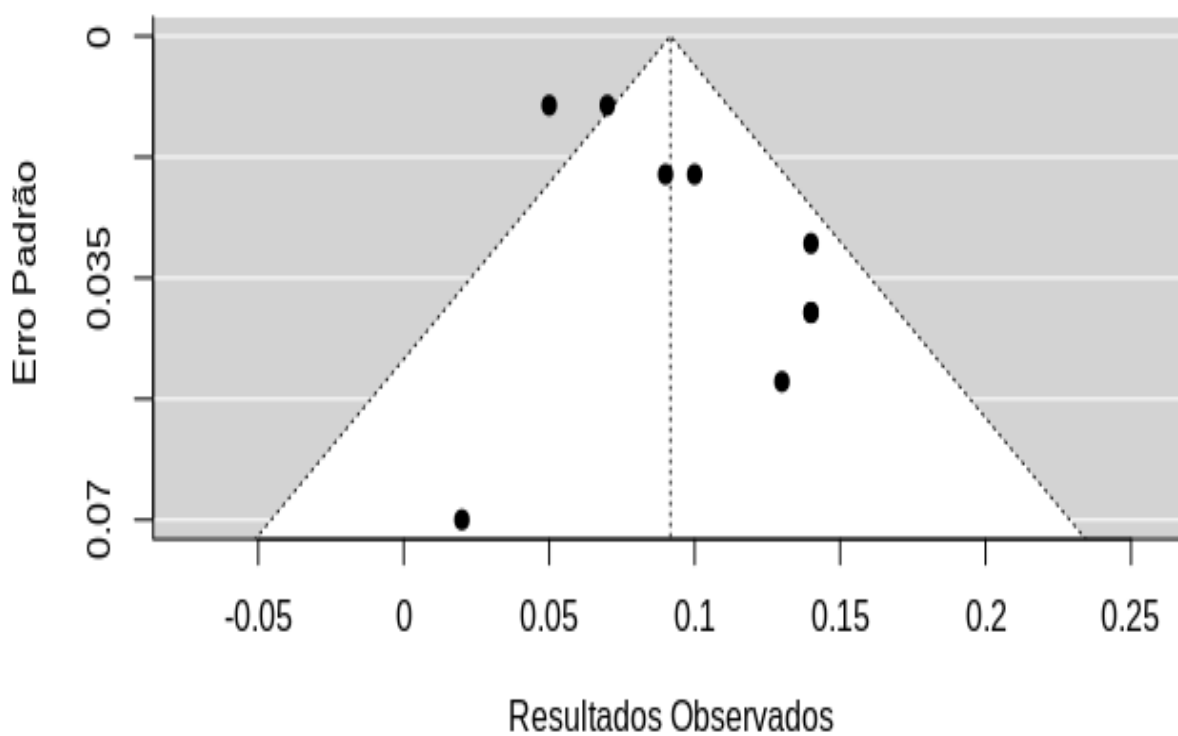
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 28 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo de bem-estar animal.



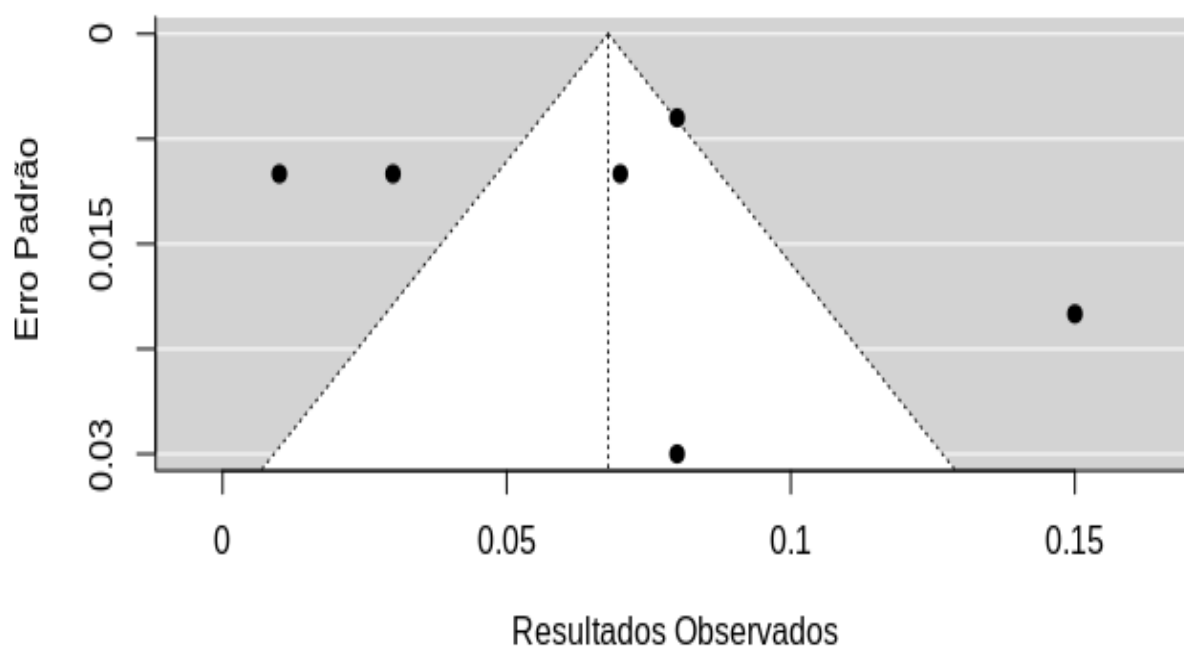
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 29 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo de bem-estar animal.



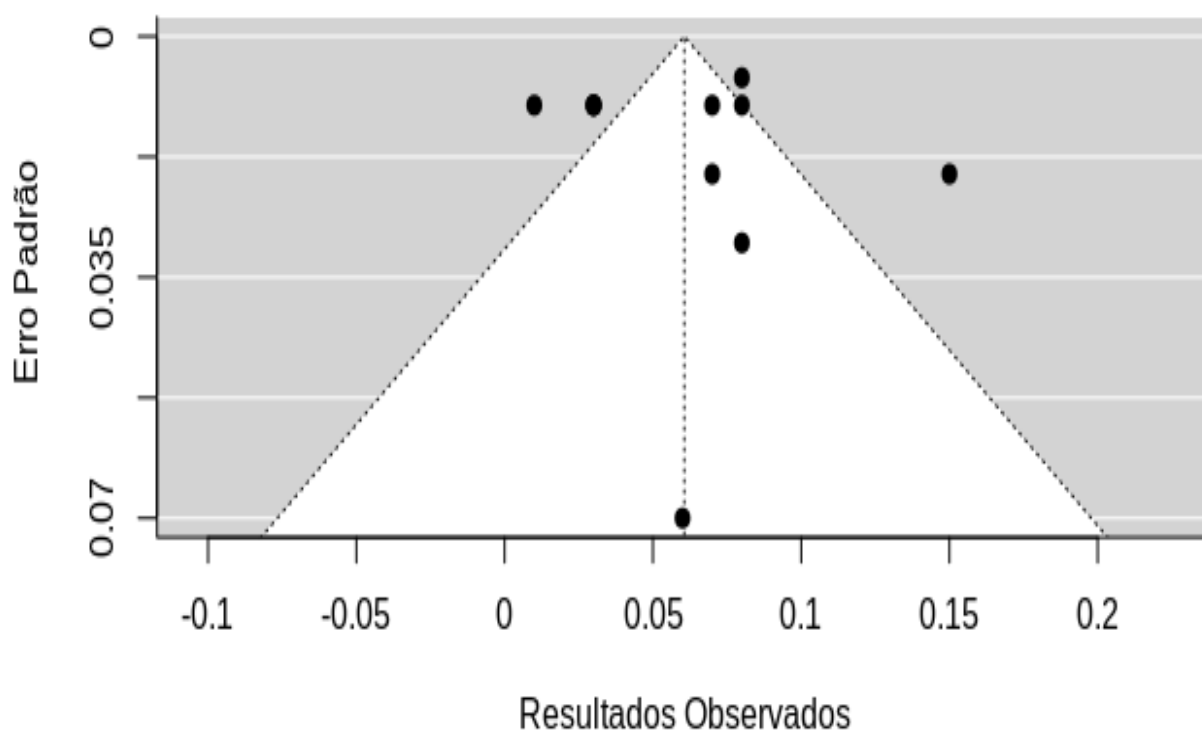
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 30 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



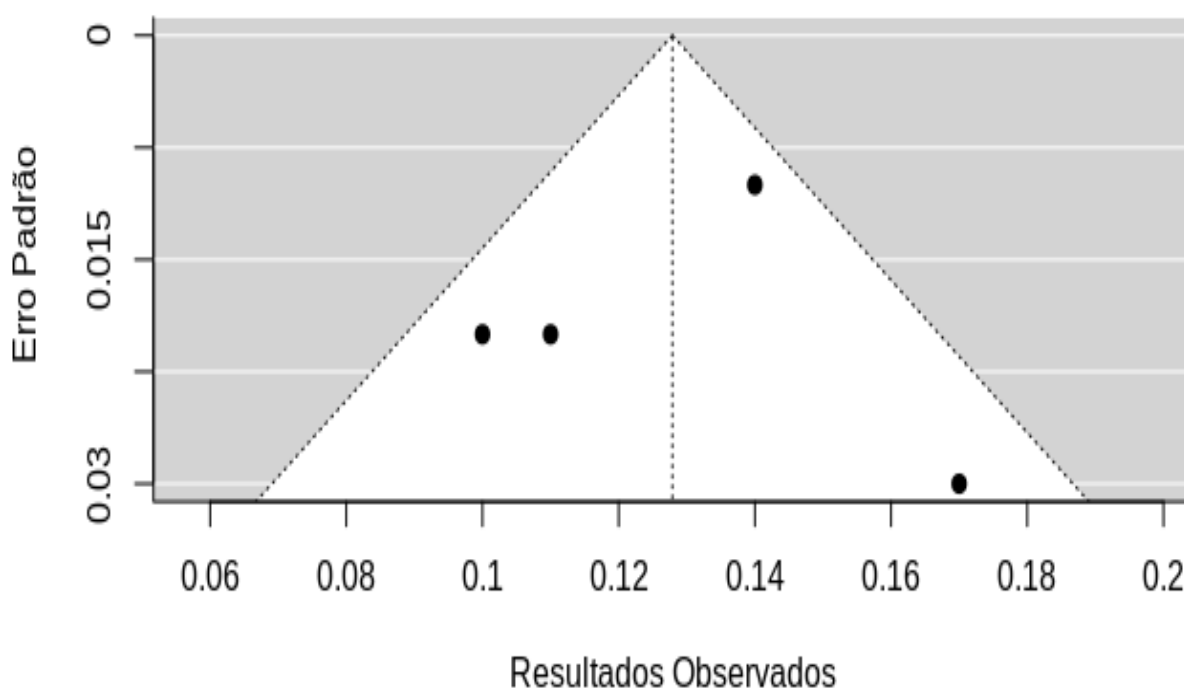
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 31 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



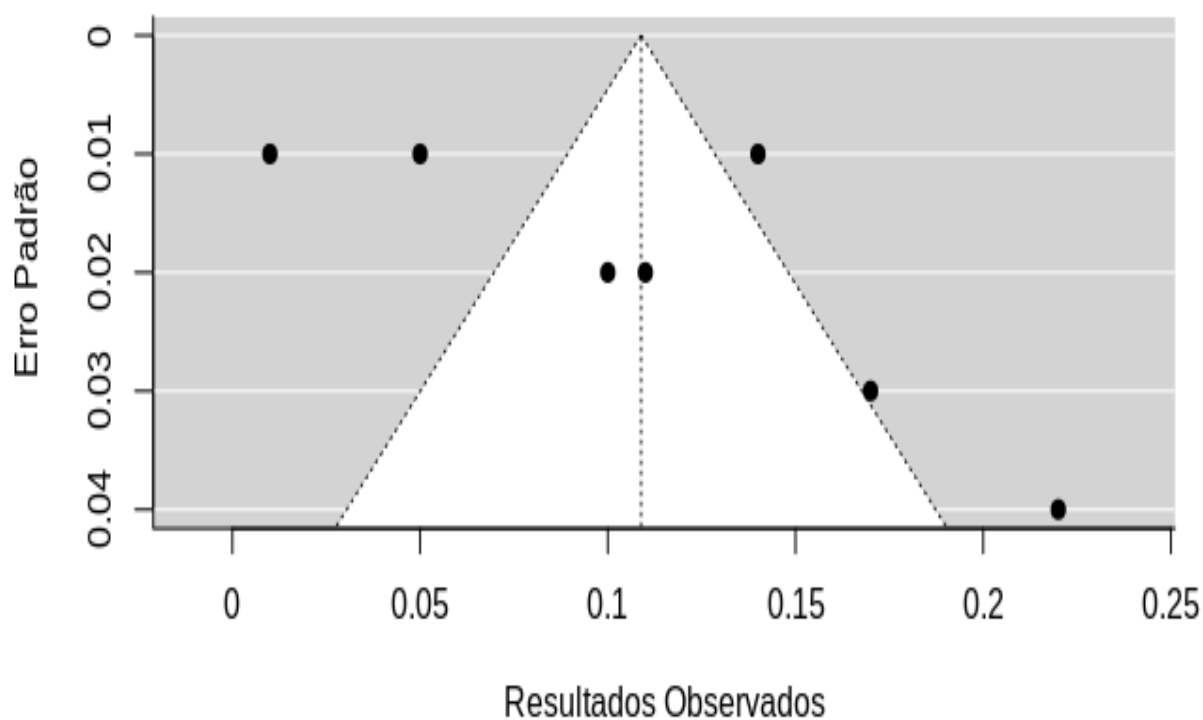
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 32 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



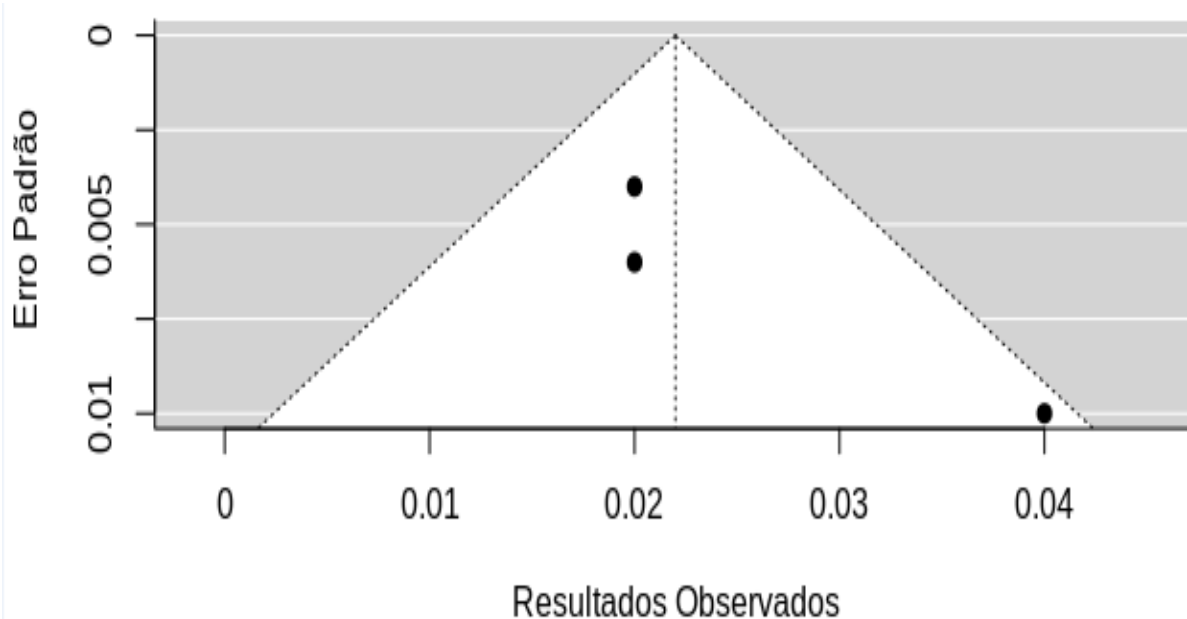
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 33 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



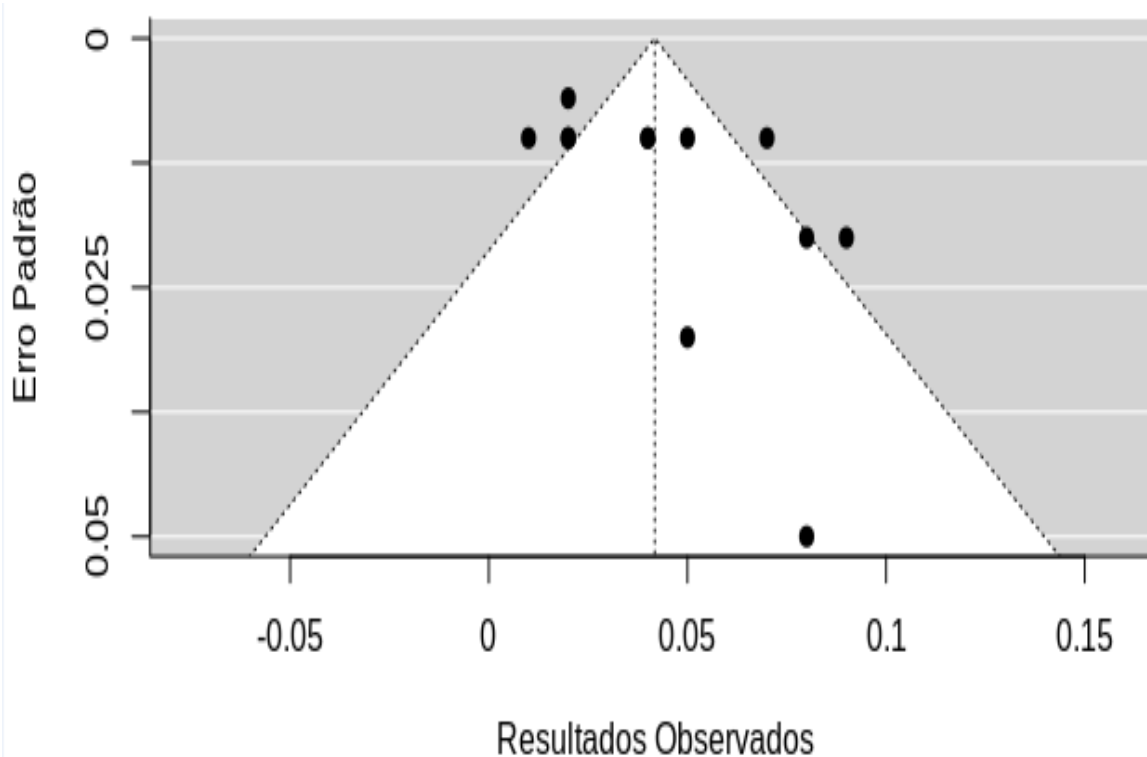
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 34 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 35 - Gráfico de funil para a característica indicadora de bem-estar claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.

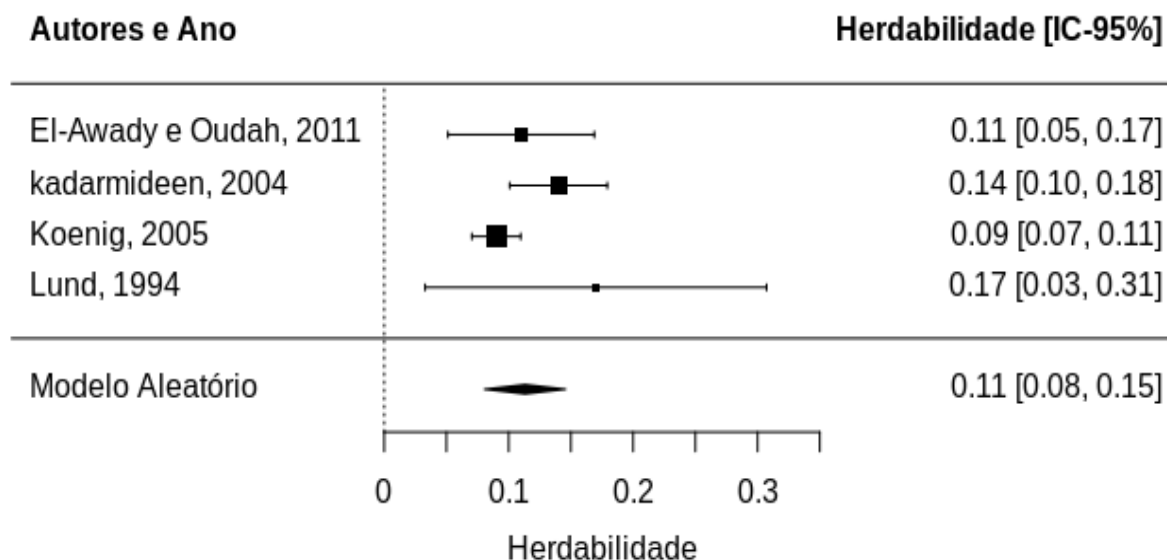


Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Apêndice 3

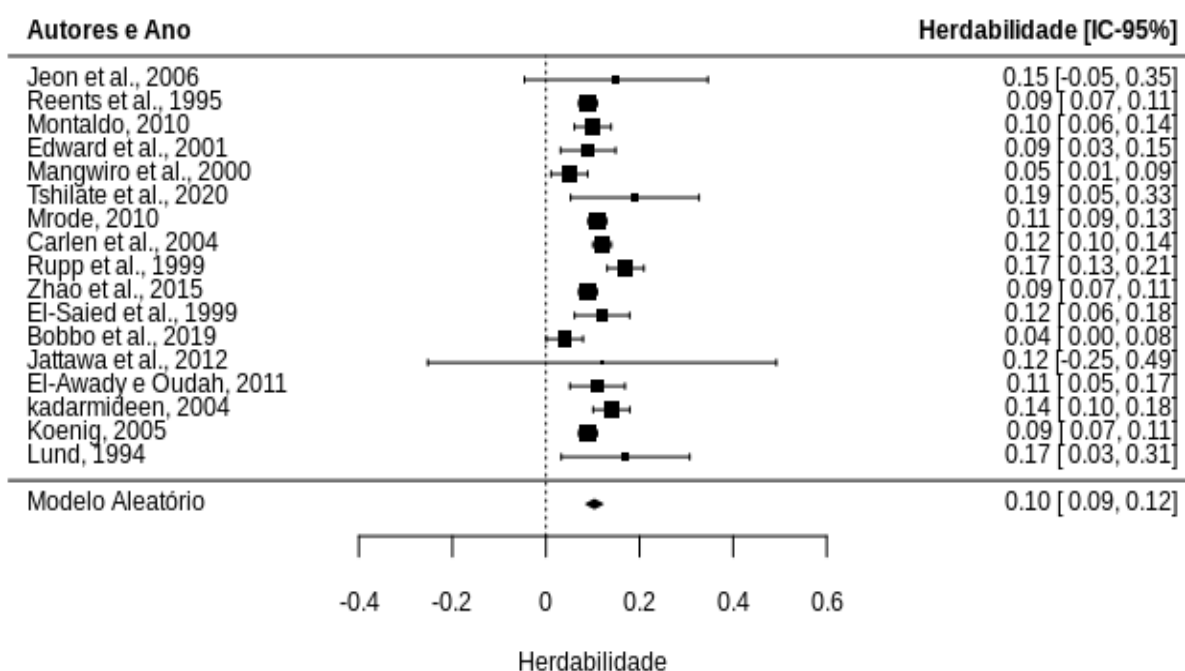
Análises gráficas de Floresta para as características indicadoras de bem-estar animal, incluindo ou não incluindo o grupo bem-estar da estratégia de busca.

Figura 36 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.



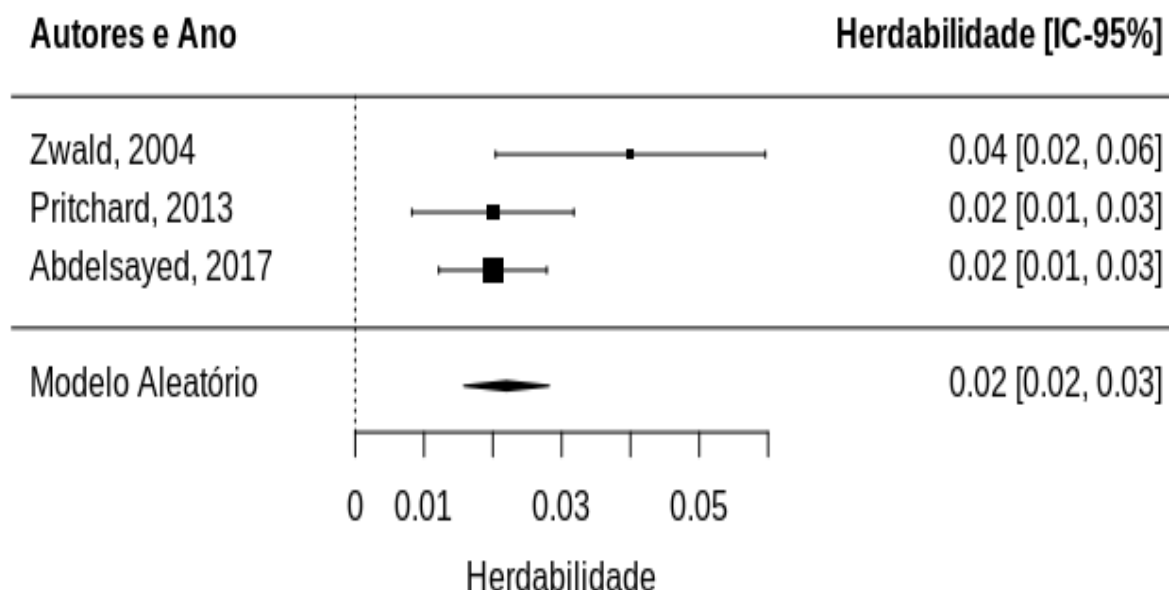
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 37 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



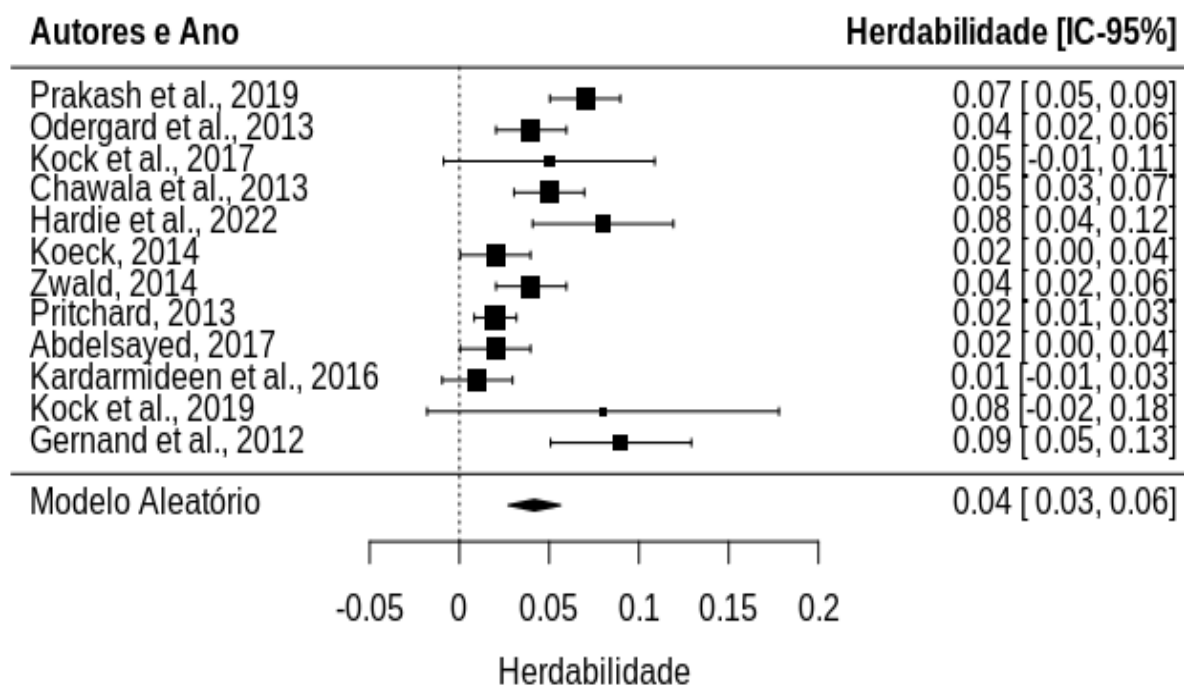
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 38 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.



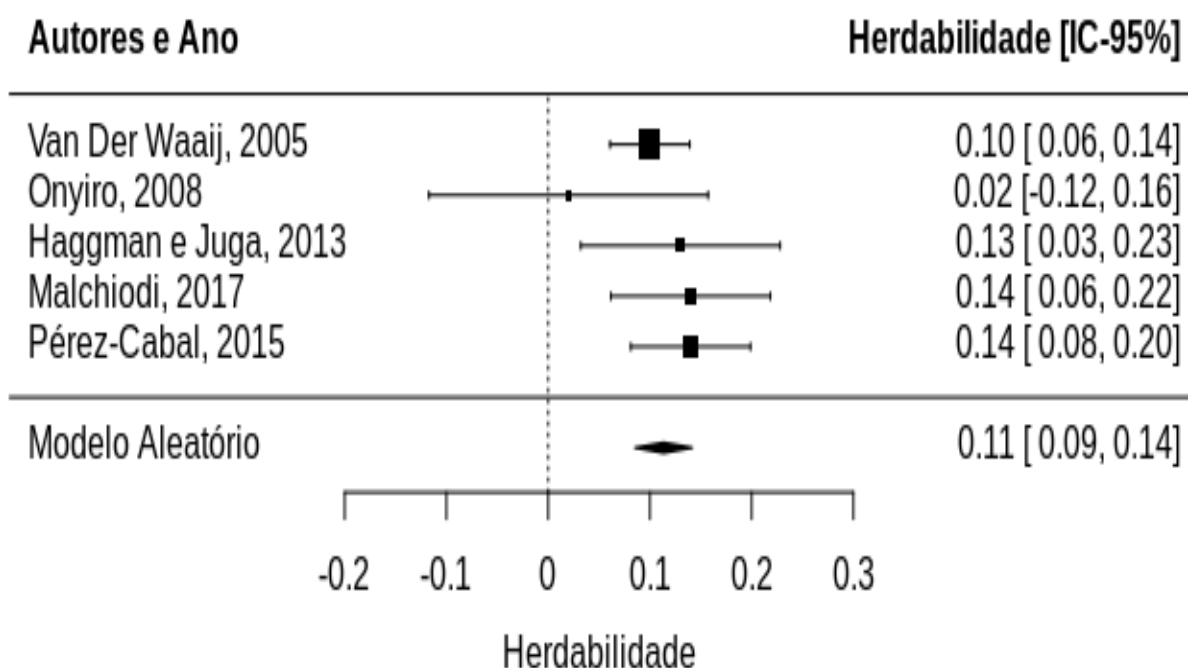
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 39 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



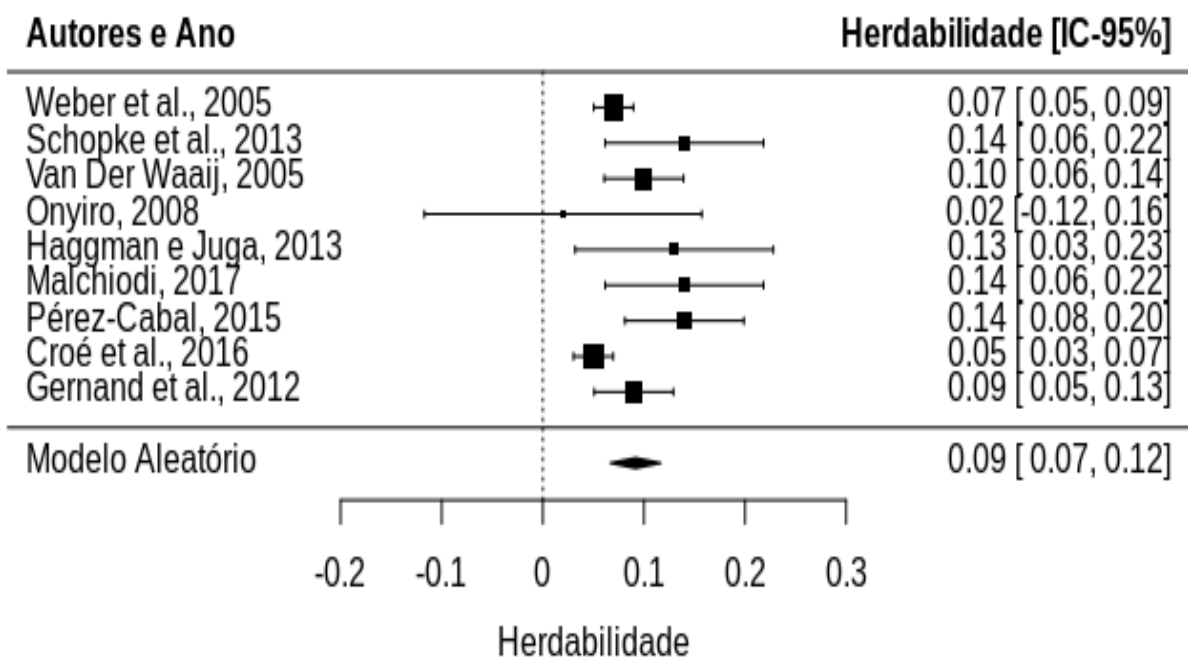
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 40 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



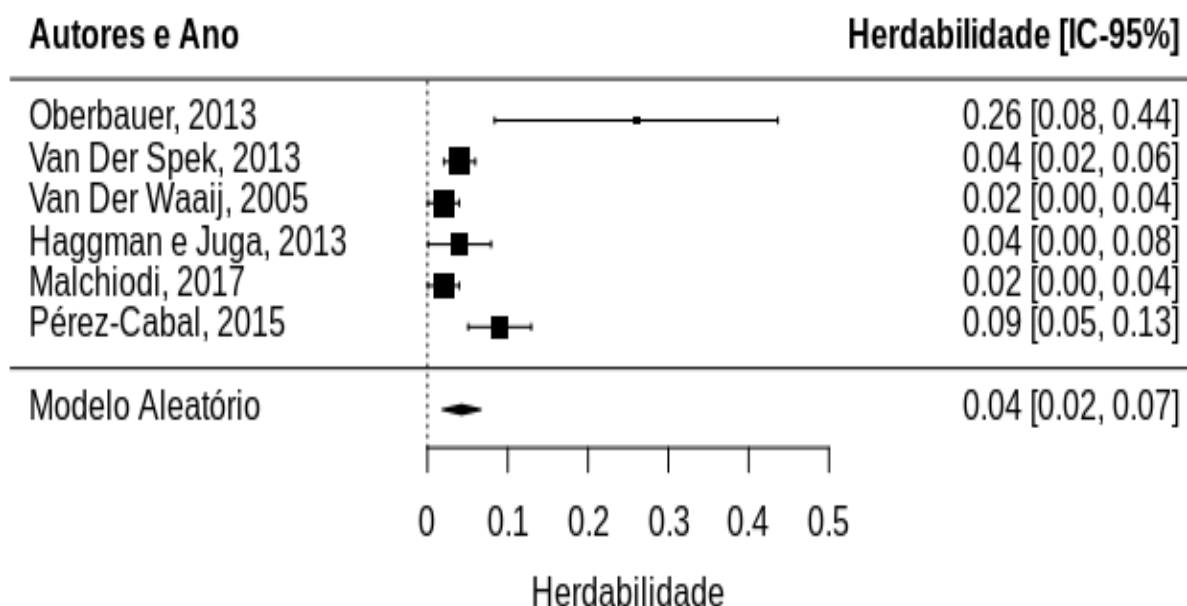
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 41 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



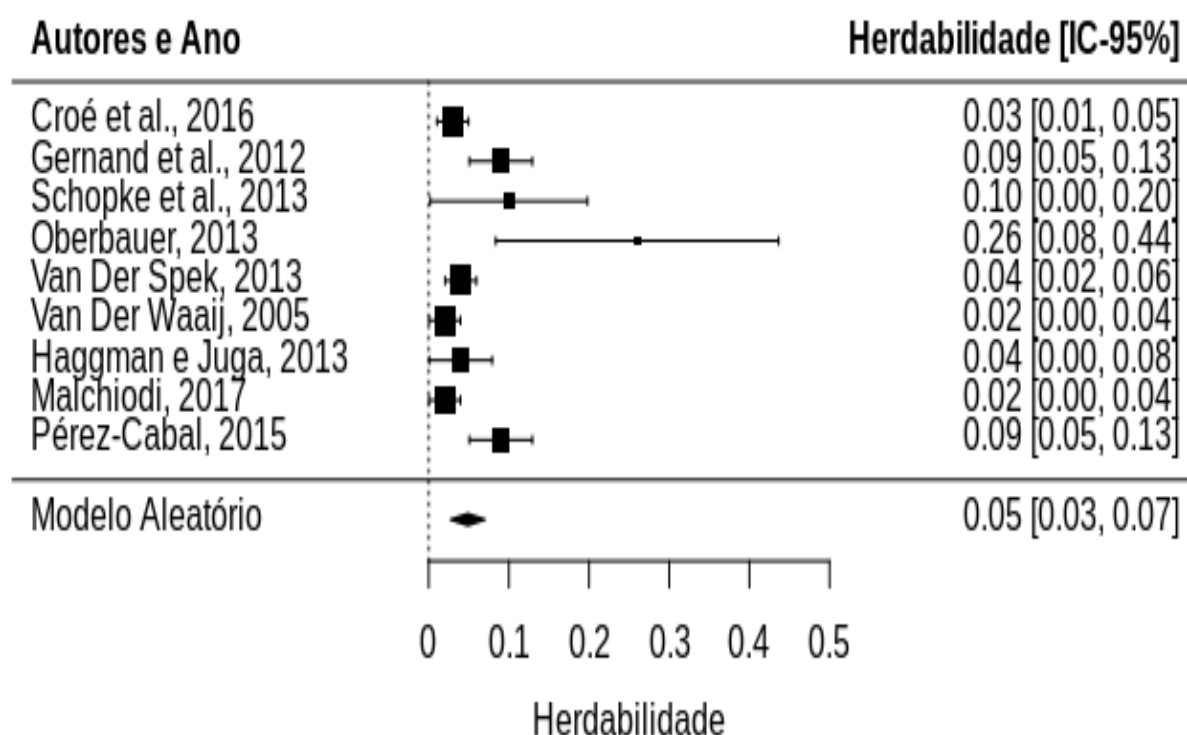
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 42 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.



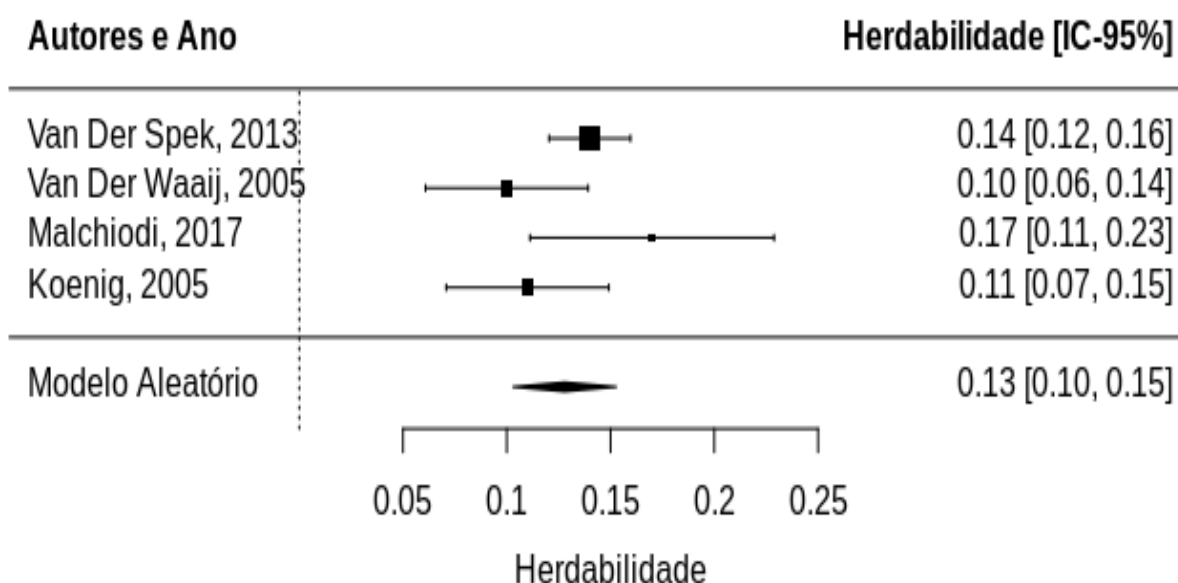
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 43 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



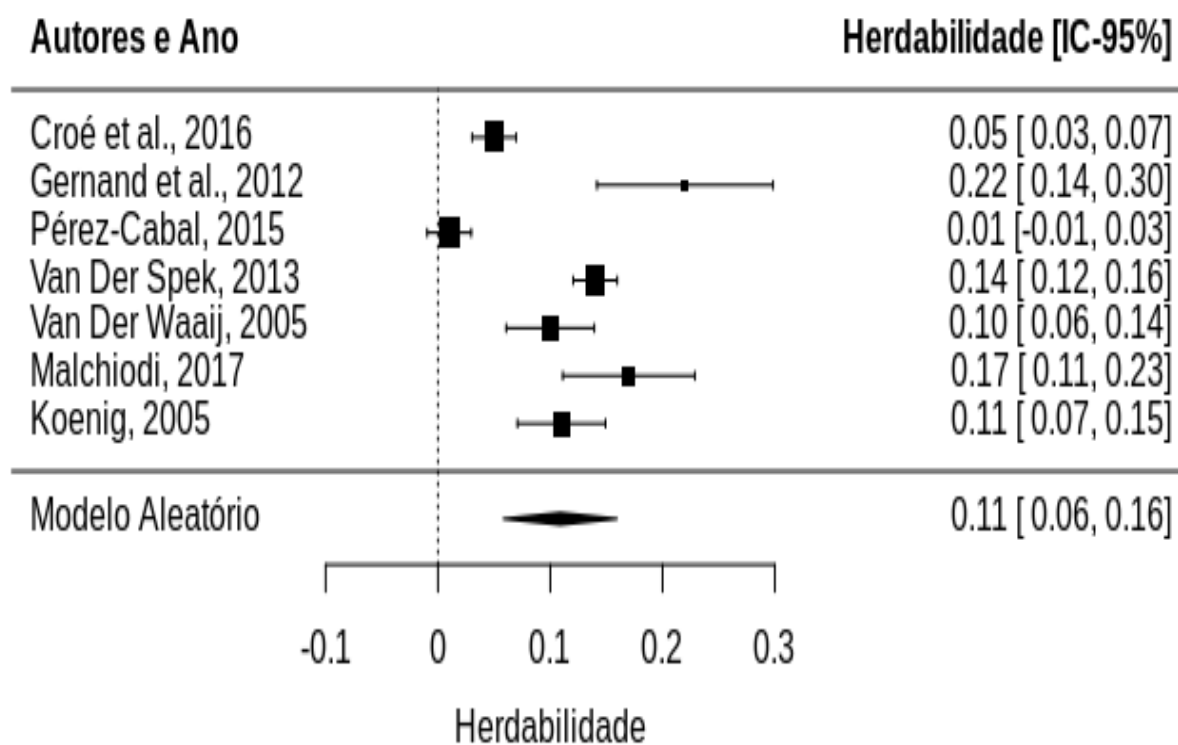
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 44 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



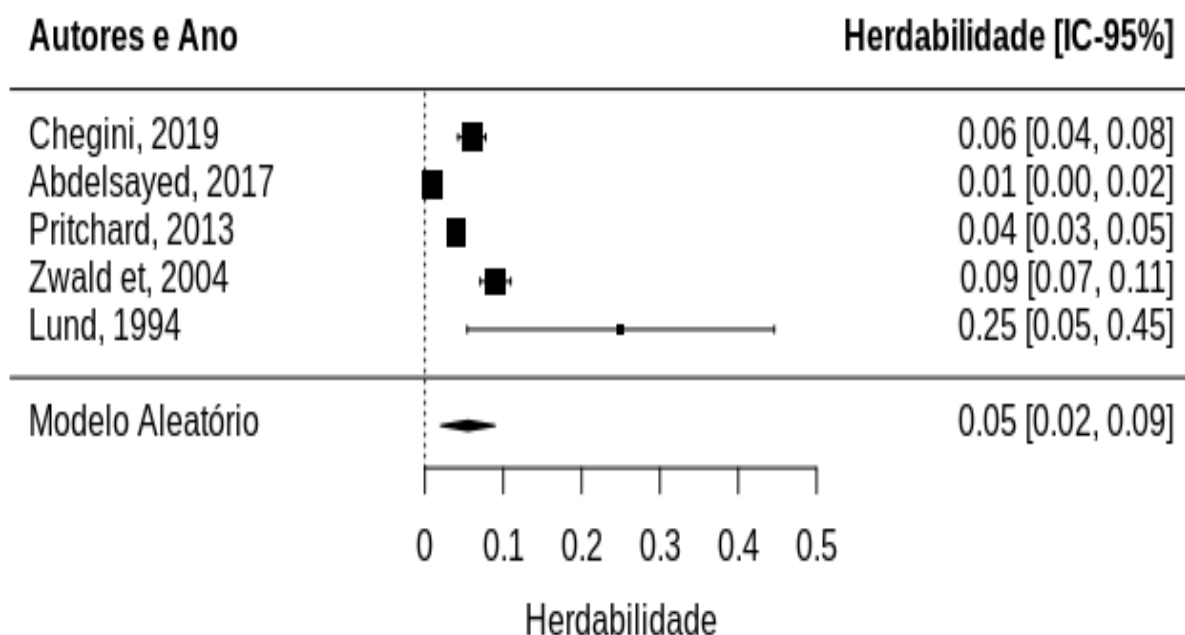
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 45 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



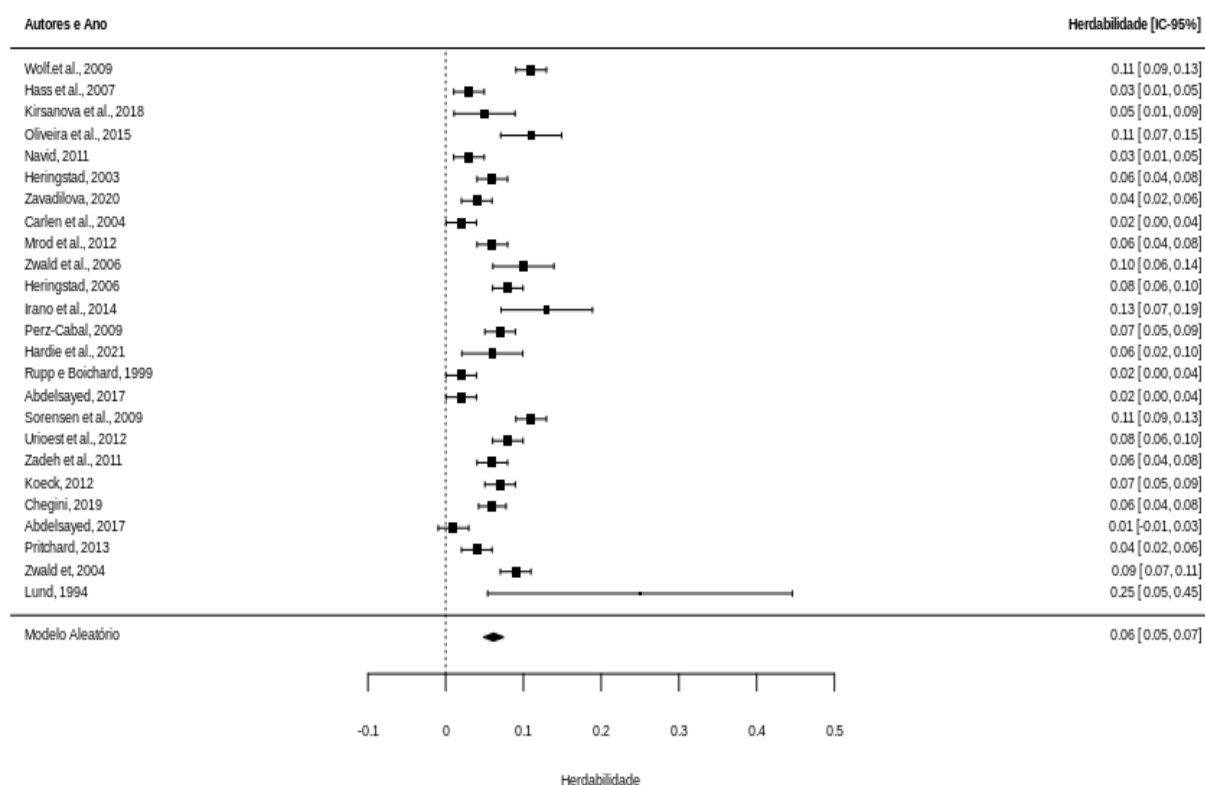
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 46 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.



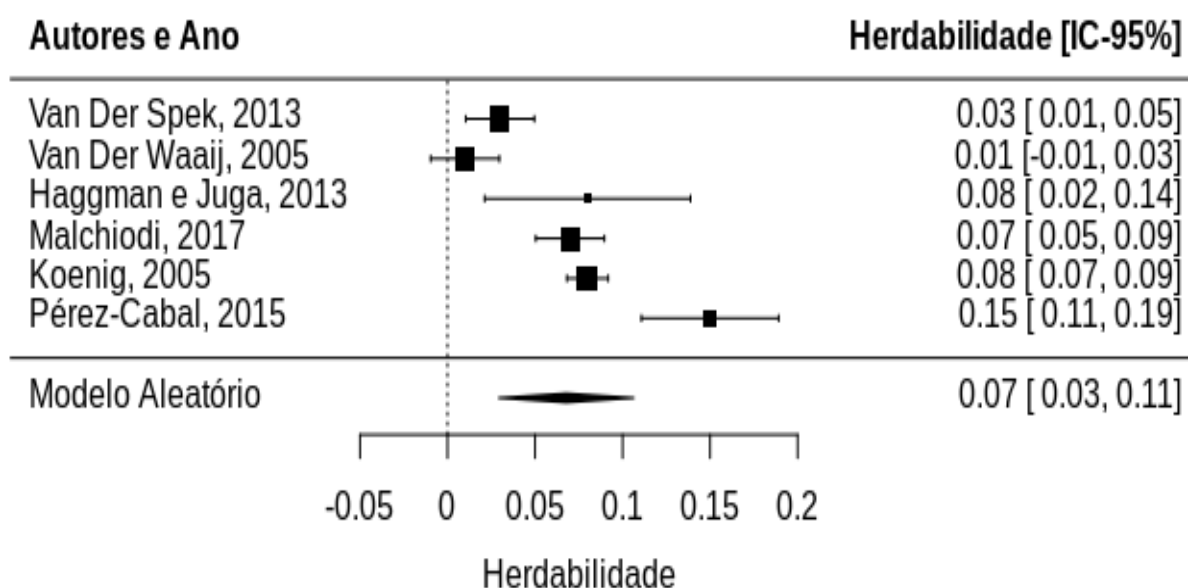
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 47 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



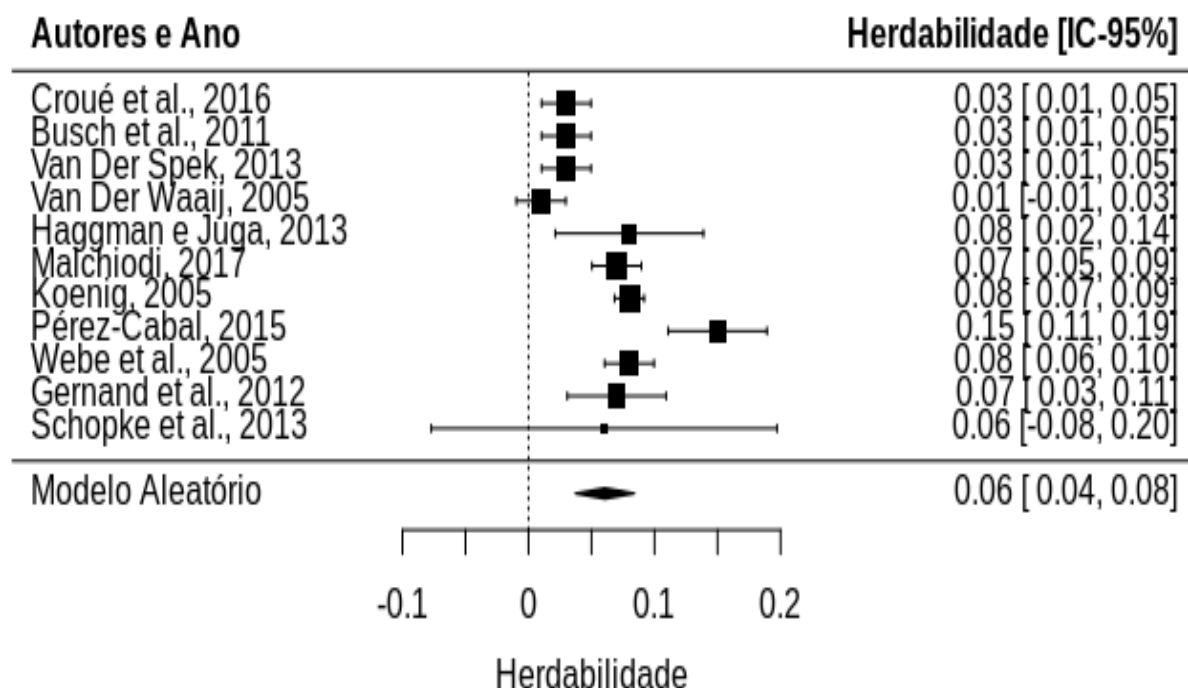
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 48 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 49 - Gráfico de floresta para a característica indicadora de bem-estar, úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.

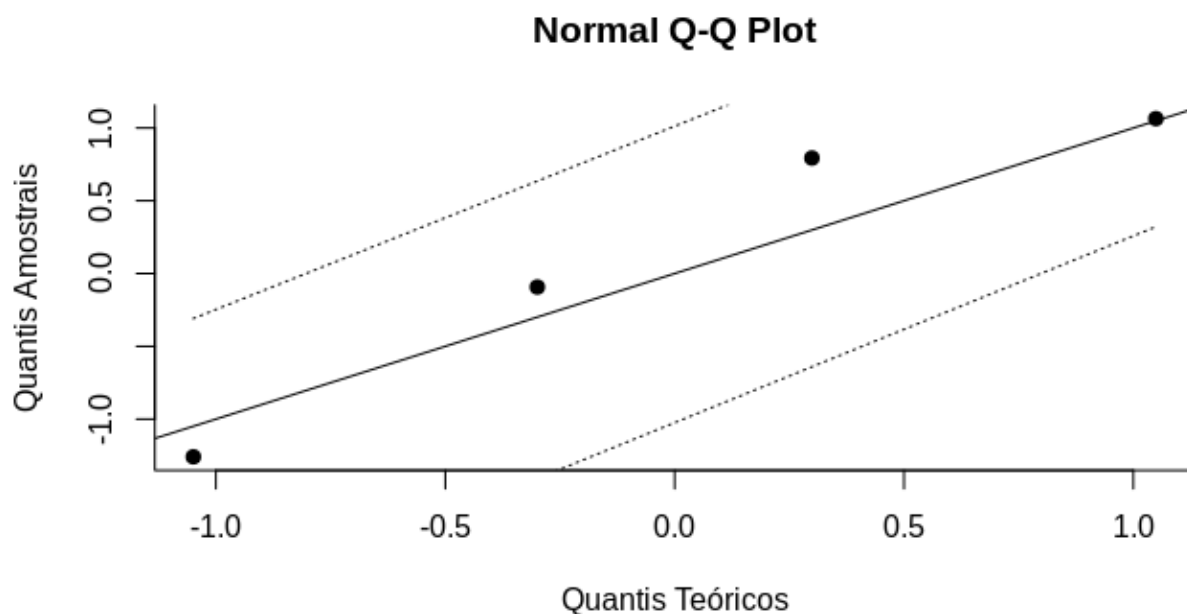


Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Apêndice 4

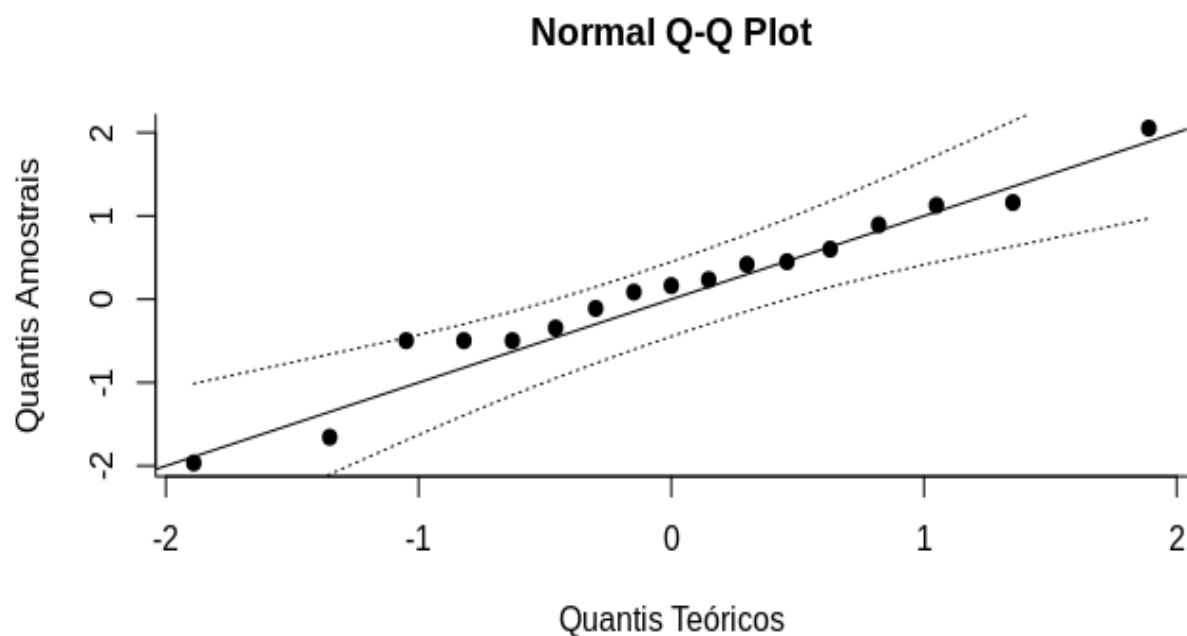
Análises gráficas quantil-quantil para as características indicadoras de bem-estar animal, incluindo ou não incluindo o grupo bem-estar da estratégia de busca.

Figura 50 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas com a inclusão do grupo bem-estar animal.



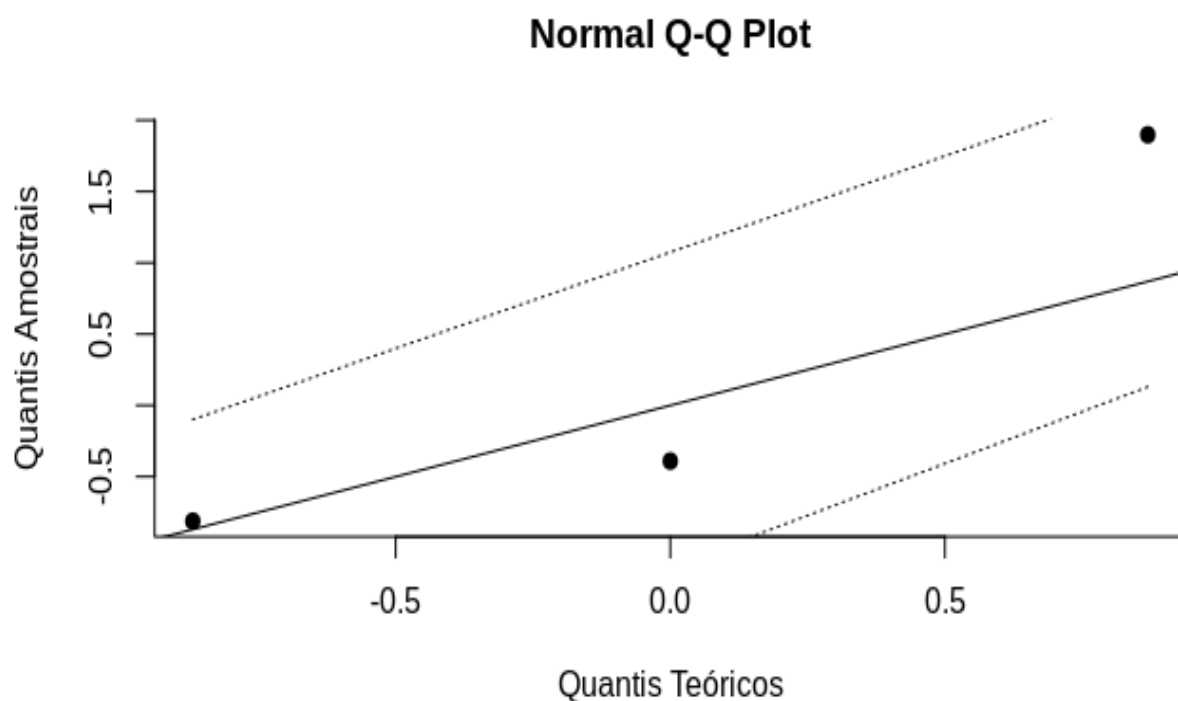
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 51 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, contagem de células somáticas sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



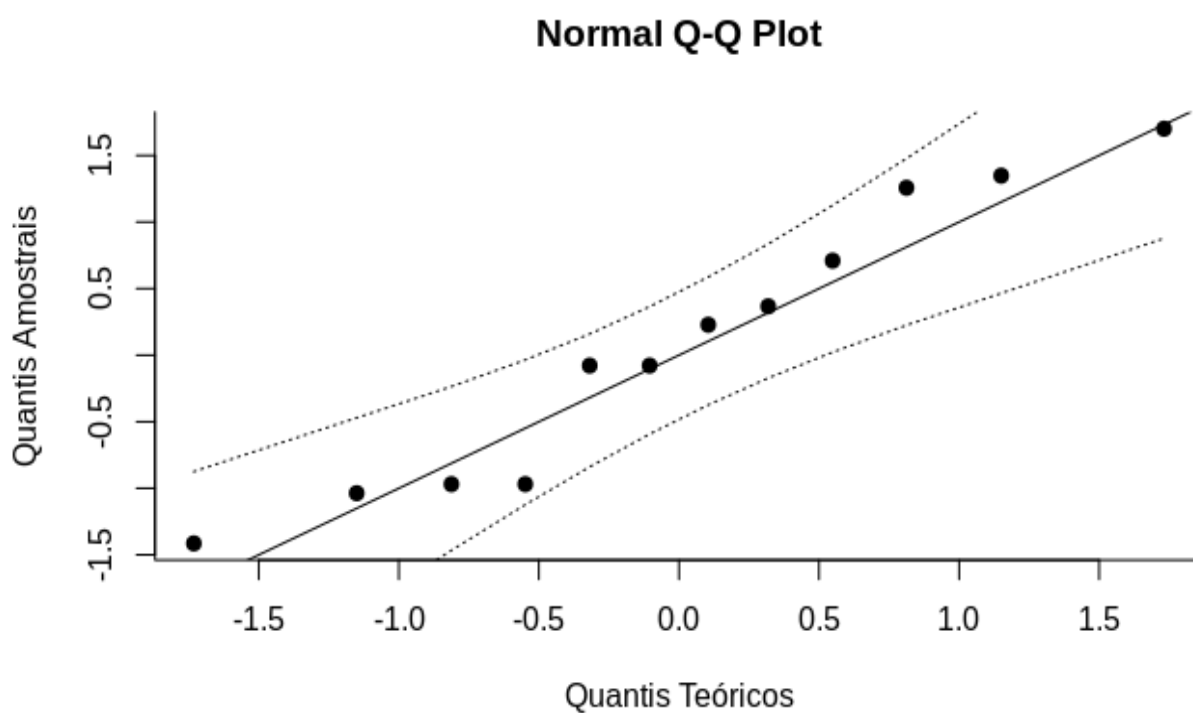
Fonte: Elaborado pelo próprio do autor.

Figura 52 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar claudicação com a inclusão do grupo bem-estar animal.



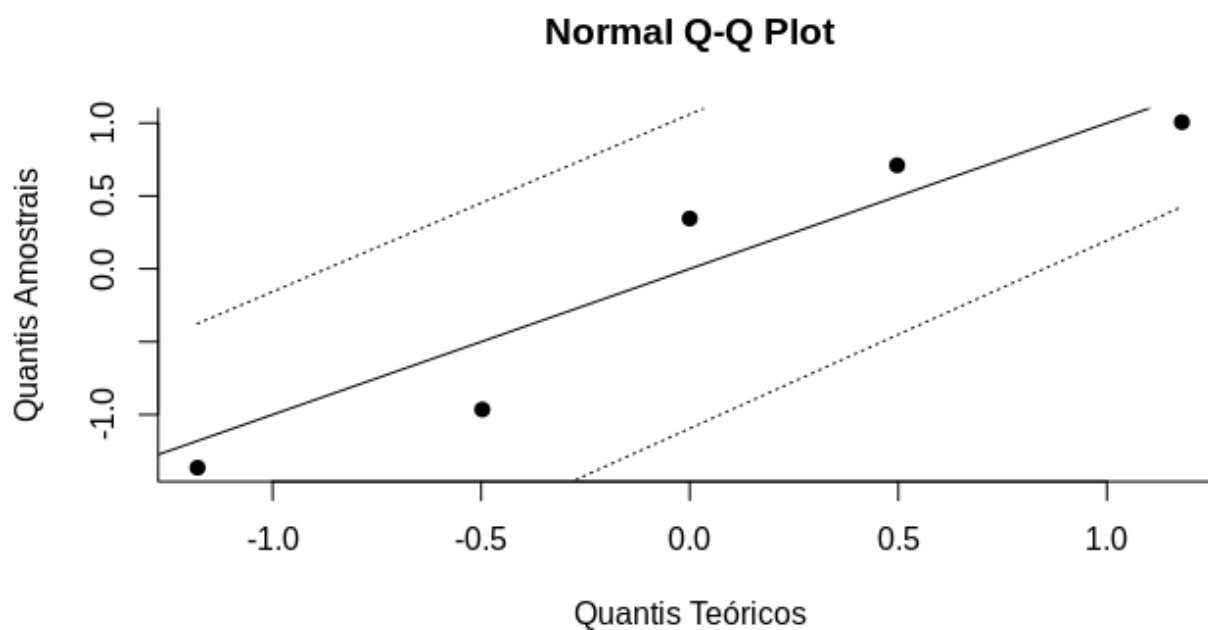
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 53 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar claudicação sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



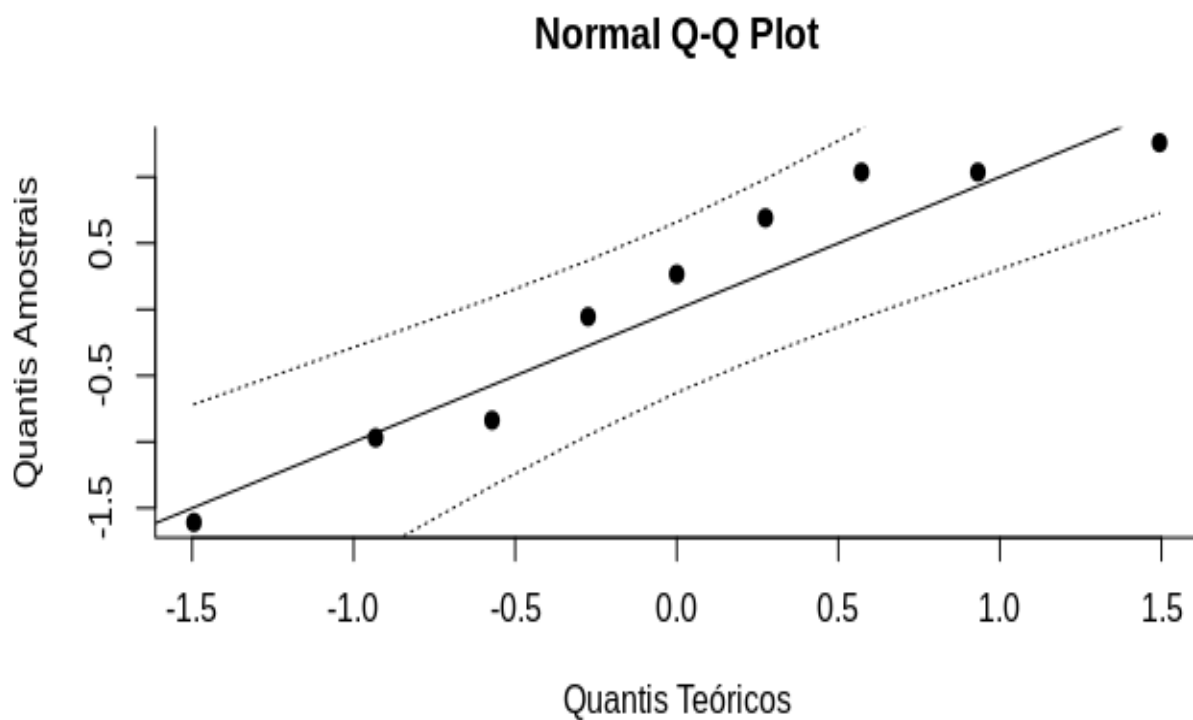
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 54 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



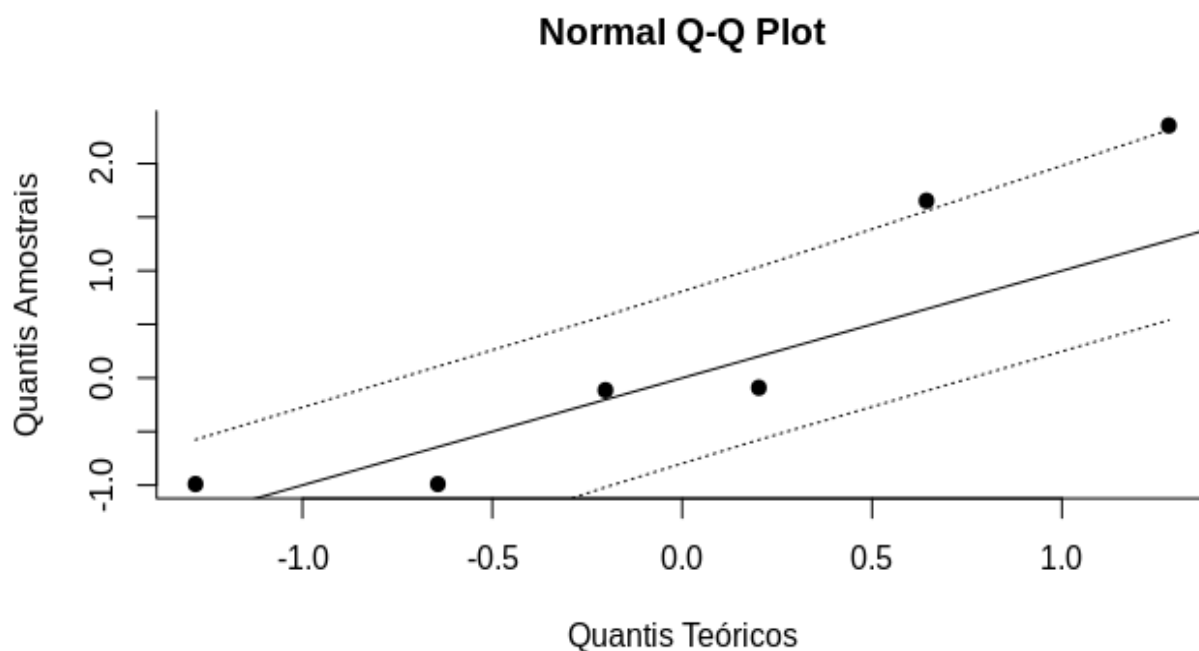
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 55 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar dermatite digital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



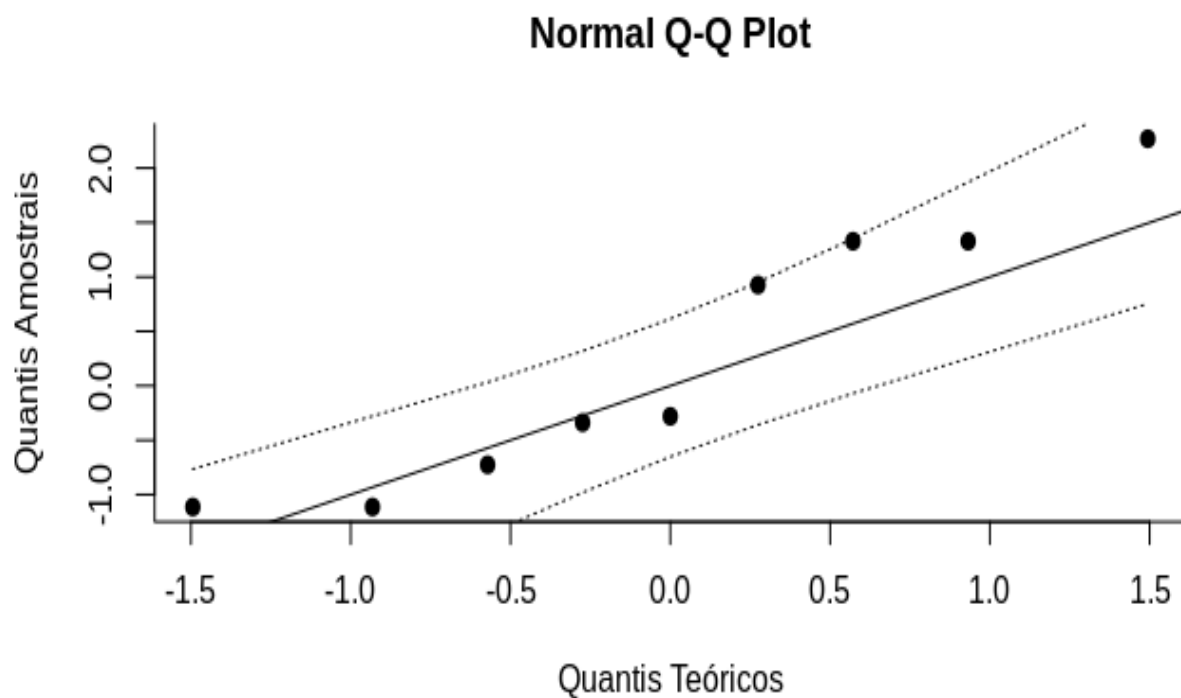
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 56 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar doença de linha branca com a inclusão do grupo bem-estar animal.



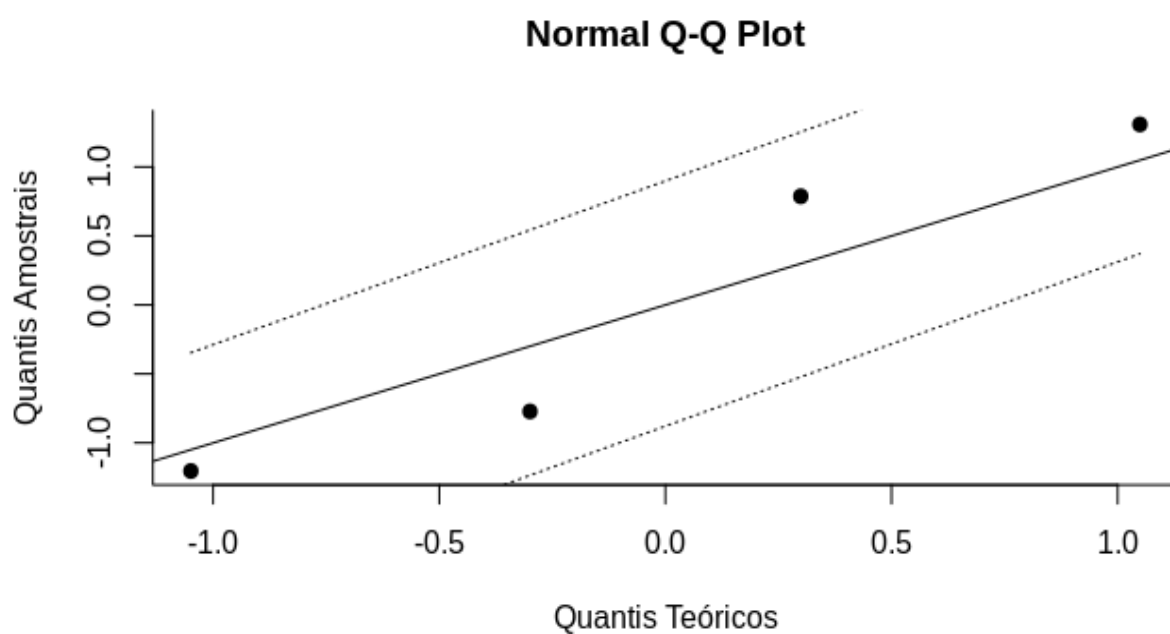
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 57 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar doença de linha branca sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



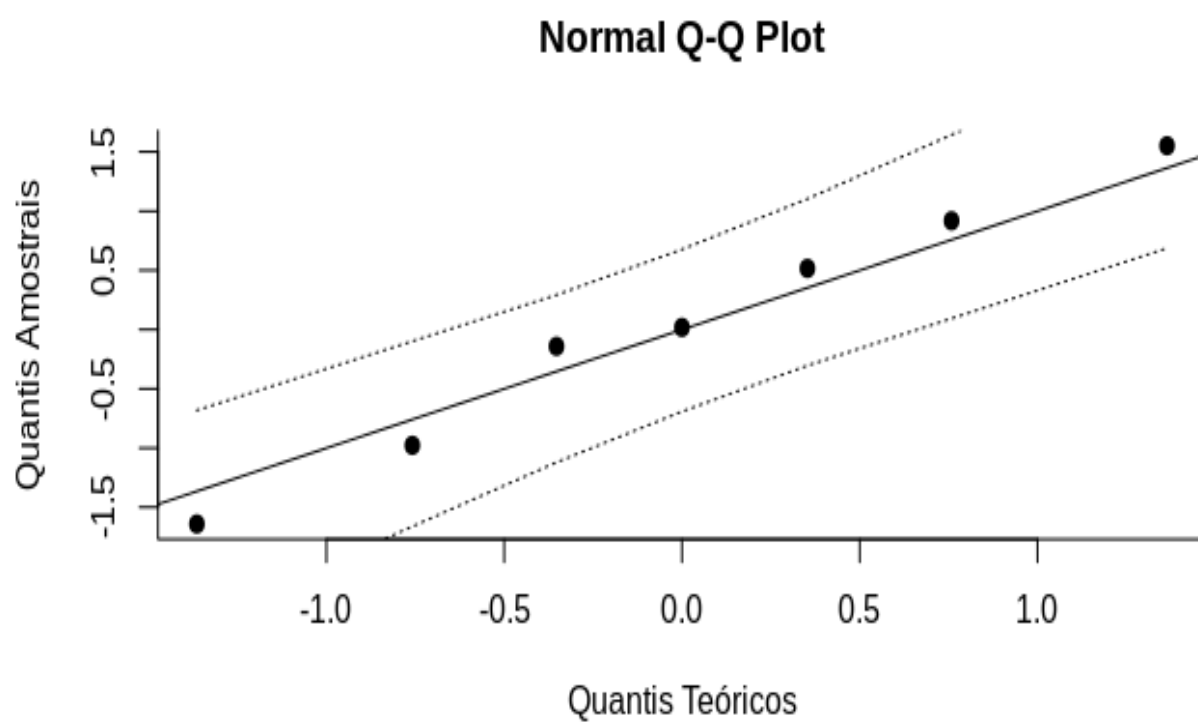
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 58 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital com a inclusão do grupo bem-estar animal.



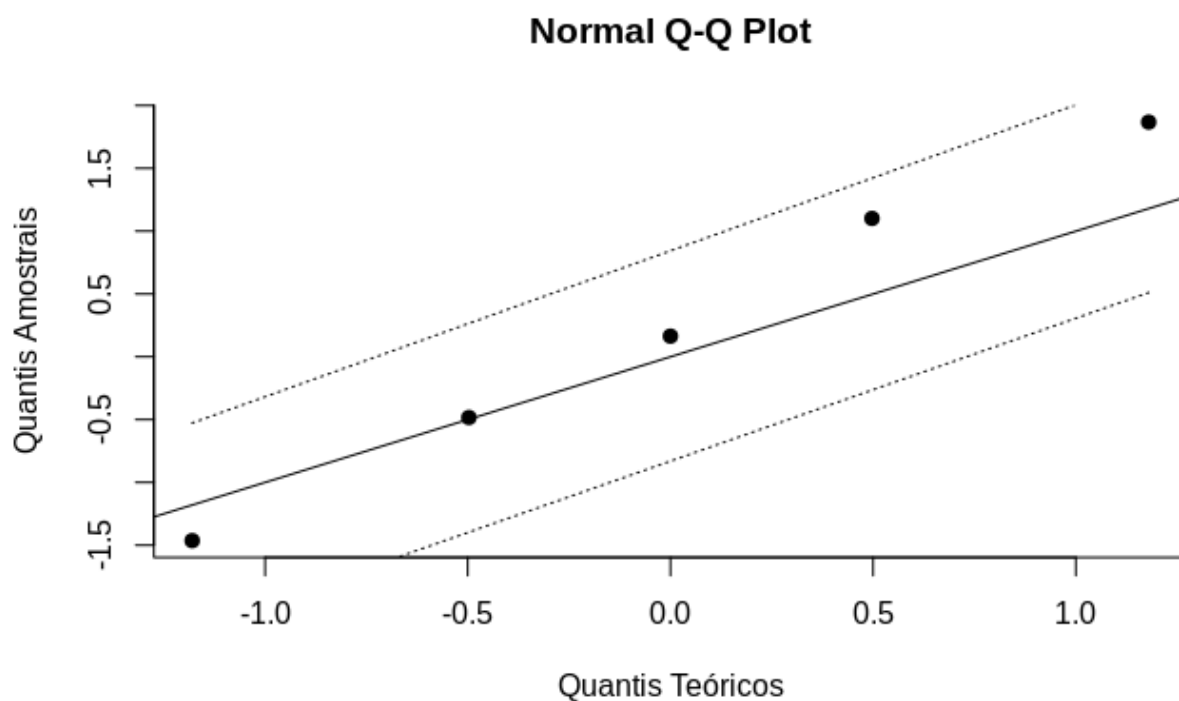
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 59 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar, hiperplasia interdigital sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



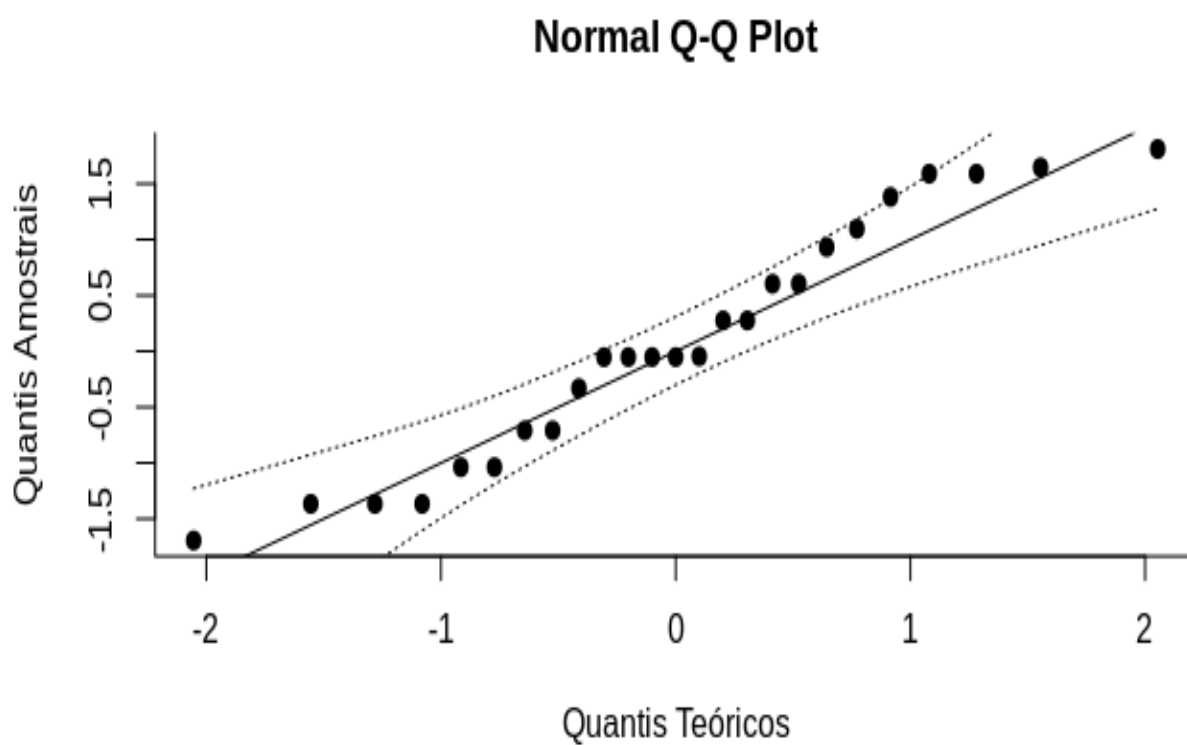
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 60 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.



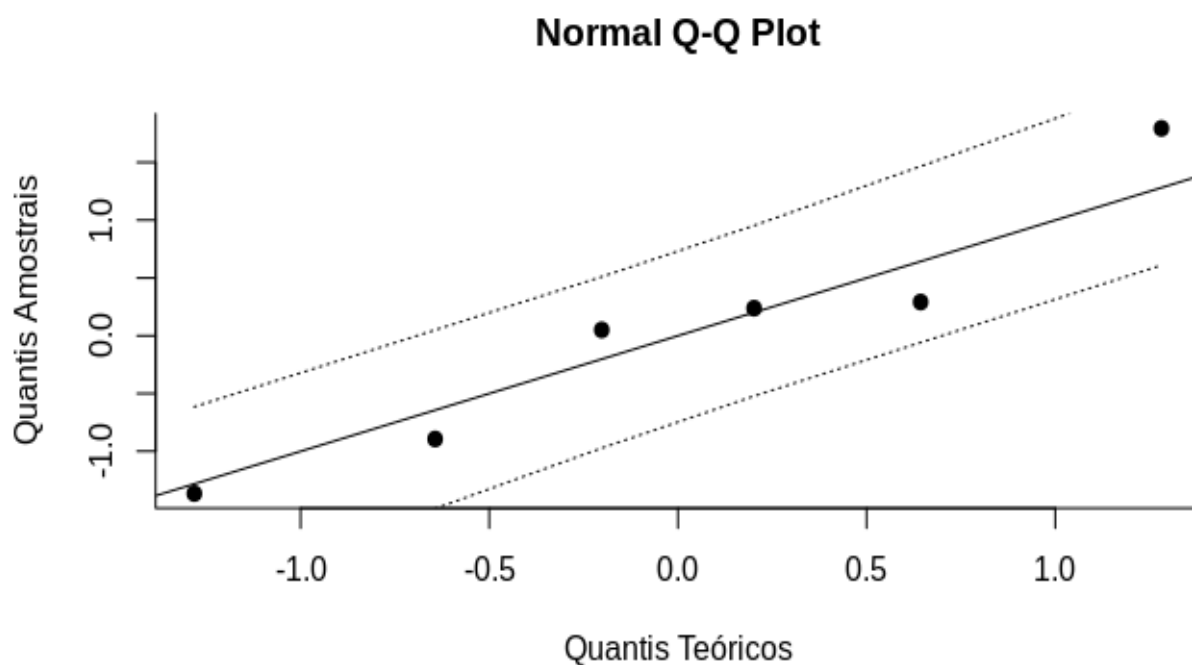
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 61 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar mastite sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



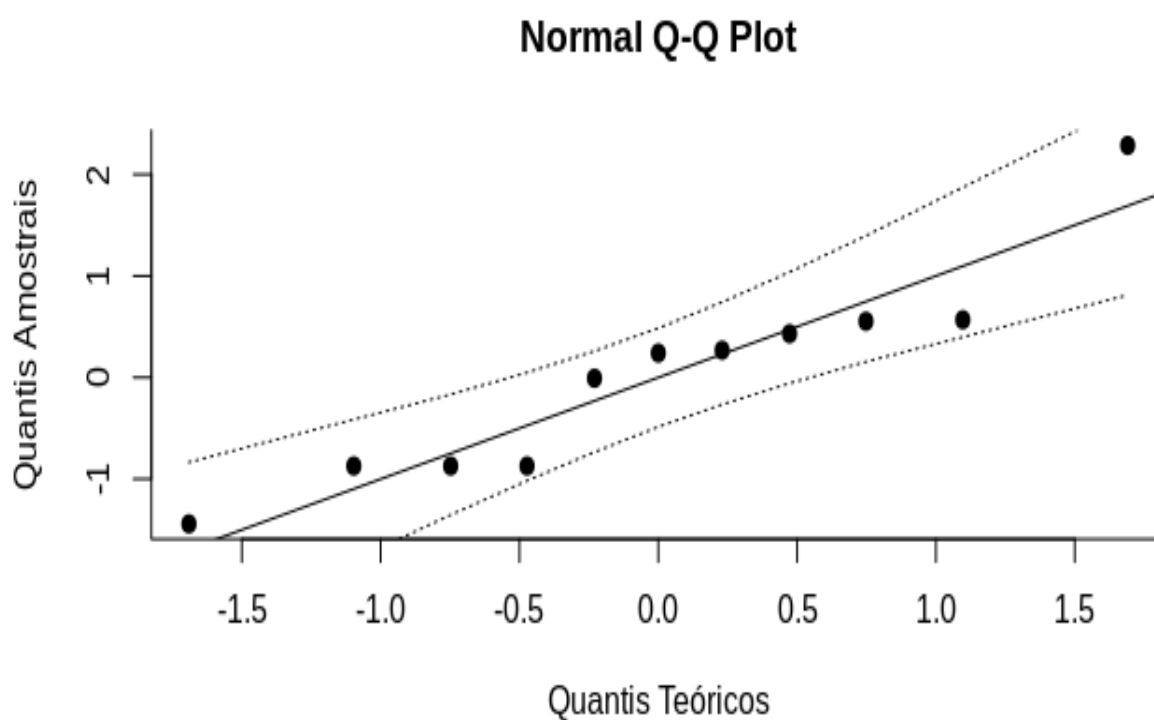
Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 62 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola com a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Figura 63 - Gráfico quantil-quantil para a característica indicadora de bem-estar úlcera de sola sem a inclusão do grupo bem-estar animal.



Fonte: Elaborado pelo próprio autor.

Apêndice 5

Script R

```
# Autores: Danilo Pereira da Silva e Ricardo da Fonseca #
```

```
# Data: 31/05/2022 #
```

```
## Metanálise ##
```

```
## Modelo Aleatório ##
```

```
library(metafor)
```

```
## Contagem de Células Somáticas ##
```

```
rma(h, sei=ep, data=ccs1)
```

```
c<-rma(h, sei=ep, data=ccs1)
```

```
forest(c,header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-95%]"),xlab  
="Herdabilidade",slab = paste(ccs1$Autor,ccs1$Ano,sep = ", "),mlab = c("Modelo  
Aleatório"))
```

```
funnel((c),xlab = "Resultados Observados", ylab= " Erro Padrão")
```

```
qqnorm((c),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis Amostrais")
```

```
shapiro.test(ccs1$h)
```

```
qqplot(ccs1$h,ccs1$ep)
```

```
influence(c)
```

```
plot(influence(c))
```

```
confint(rma(h, sei=ep, data=ccs1))
```

```
## Claudicação ##
```

```
rma(h, sei=ep, data=Claudica1)
```

```
forest(rma(h, sei=ep, data=Claudica1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-  
95%]"),xlab = "Herdabilidade", slab = paste(Claudica1$Autor,Claudica1$Ano,sep = ",  
"),mlab = c("Modelo Aleatório"))
```

```

funnel(rma(h, sei=ep, data=Claudica1),xlab = "Resultados Observados",ylab = "Erro
Padrão")
qqnorm(rma(h, ,sei=ep, data=Claudica1),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis
Amostrais")
shapiro.test(claudica$h)
qqplot(claudica$h,claudica$ep)
influence(rma(h, sei=ep, data=Claudica1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=Claudica1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=Claudica1))

```

Dermatite Digital

```

rma(h, sei=ep, data=dermatite1)
forest(rma(h, sei=ep, data=dermatite1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-
95%]"),xlab ="Herdabilidade",slab = paste(dermatite1$Autor,dermatite1$Ano,sep = ",
"),mlab = c("Modelo Aleatório"))
funnel(rma(h,sei=ep,data=dermatite1),xlab = "Resultados Observados", ylab= " Erro
Padrão")
qqnorm(rma(h, sei=ep, data=dermatite1),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis
Amostrais")
shapiro.test(dermatite$h)
qqplot(dermatite$h,dermatite$ep)
influence(rma(h, sei=ep, data=dermatite1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=dermatite1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=dermatite1))

```

Doença de Linha Branca

```

rma(h, sei=ep, data= dlb1)
forest(rma(h, sei=ep, data=dlb1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-
95%]"),xlab ="Herdabilidade",slab = paste(dlb1$Autor,dlb1$Ano,sep = ", "),mlab =
c("Modelo Aleatório"))
funnel(rma(h,sei=ep,data=dlb1),xlab = "Resultados Observados", ylab= " Erro
Padrão")

```

```
qqnorm(rma(h, sei=ep, data=dlb1),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis
Amostrais")
shapiro.test(dlb$h)
qqplot(dlb$h,dlb$total)
influence(rma(h, sei=ep, data=dlb1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=dlb1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=dlb1))
```

Hiperplasia Interdigital

```
rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1)
forest(rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade
[IC-95%]"),xlab ="Herdabilidade",slab =
paste(hiperplasia1$Autor,hiperplasia1$Ano,sep = ", "),mlab = c("Modelo Aleatório"))
funnel(rma(h,sei=ep,data=hiperplasia1),xlab = "Resultados Observados", ylab= "
Erro Padrão")
qqnorm(rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis
Amostrais")
shapiro.test(hiperplasia$h)
qqplot(hiperplasia$h,hiperplasia$total)
influence(rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=hiperplasia1))
```

Mastite

```
rma(h, sei=ep, data=mastite1)
forest(rma(h, sei=ep, data=mastite1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-
95%]"),xlab ="Herdabilidade",slab = paste(mastite1$Autor,mastite1$Ano,sep = ",
"),mlab = c("Modelo Aleatório"))
funnel(rma(h,sei=ep,data=mastite1),xlab = "Resultados Observados", ylab= " Erro
Padrão")
qqnorm(rma(h, sei=ep, data=mastite1),xlab="Quantis Teóricos", ylab="Quantis
Amostrais")
```

```
shapiro.test(mastite$h)
qqplot(mastite1$h,mastite1$total)
influence(rma(h, sei=ep, data=mastite1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=mastite1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=mastite1))
```

Úlcera de Sola

```
rma(h, sei=ep, data=ulcera1)
forest(rma(h, sei=ep, data=ulcera1),header=c("Autores e Ano","Herdabilidade [IC-
95%]"),xlab ="Herdabilidade",slab = paste(ulcera1$Autor,ulcera1$Ano,sep = ",
"),mlab = c("Modelo Aleatório"))
funnel(rma(h,sei=ep,data=ulcera1),xlab = "Resultados Observados", ylab= " Erro
Padrão")
qqnorm(rma(h, sei=ep, data=ulcera1),xlab="Quantis Teóricos",ylab="Quantis
Amostrais")
shapiro.test(ulcera$h)
qqplot(ulcera$h,ulcera$total)
influence(rma(h, sei=ep, data=ulcera1))
plot(influence(rma(h, sei=ep, data=ulcera1)))
confint(rma(h, sei=ep, data=ulcera1))
```