

UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA
ESCOLA DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL NOS TRÓPICOS

**META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS
E BUBALINOS**

BRUNO DELPHINO MEDRADO

Salvador - Ba

2021



UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA
ESCOLA DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL NOS TRÓPICOS

**META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS
E BUBALINOS**

BRUNO DELPHINO MEDRADO

Médico veterinário

Salvador - Ba

2021

BRUNO DELPHINO MEDRADO

**META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS
E BUBALINOS**

Tese de doutorado apresentada ao programa de pós-graduação em Ciência Animal nos Trópicos da Universidade Federal da Bahia como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Ciência Animal nos Trópicos

Área de concentração: Saúde Animal

Orientador: Prof. Dr. Luís Fernando Batista Pinto

Salvador - Ba

2021

Medrado, Bruno Delphino.

Meta-análise de parâmetros genéticos em ovinos e bubalinos / Bruno Delphino Medrado. - 2021.

108 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Luís Fernando Batista Pinto.

Tese (doutorado) - Universidade Federal da Bahia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Salvador, 2021.

1. Zootecnia. 2. Ruminantes. 3. Búfalos - Melhoramento genético. 4. Ovinos - Melhoramento genético. I. Pinto, Luís Fernando Batista. II. Universidade Federal da Bahia. Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia. III. Título.

CDD - 636.213

CDU - 636.082

META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS E BUBALINOS

BRUNO DELPHINO MEDRADO

Tese defendida e aprovada para obtenção do grau de Doutor em Ciência Animal nos Trópicos

Salvador, 17 de dezembro de 2021

Comissão examinadora:



Dr. Luís Fernando Batista Pinto
(UFBA)
(Presidente)

Dr. Humberto Tonhati
(UNESP)

Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo
(UFBA)

Dr. Victor Breno Pedrosa
(UEPG)

Dr. Luís Fernando Brito
(PURDUE UNIVERSITY)



Luís Fernando Pita Gondim
Coordenador PPGCAT
EMEVZ / UFBA

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

BRUNO DELPHINO MEDRADO - Nascido em 04 de agosto de 1982, na cidade de Salvador-Ba, formado em Medicina veterinária pela Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia em 2009, especialização em clínica e cirurgia de equinos pelo Instituto Brasileiro de Veterinária em 2011, Mestrado em Zootecnia pela Universidade Federal Da Bahia em 2015. Atualmente é médico veterinário do Instituto Federal Baiano, campus Santa Inês, onde ingressou em 2010.

Dedico este trabalho à minha querida mãe, que me deixou, mas que continua viva em meu coração. Para sempre te amarei e lembrarei da pessoa maravilhosa que foi.

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar à minha família, minha esposa Lorena e meus filhos Bruno e Igor, que sempre me apoiaram e me ajudaram a completar mais esta tarefa.

Agradeço ao Instituto Federal Baiano e ao campus Santa Inês, nas pessoas dos Professores Clóvis Vaz Sampaio Filho e Abdon Santos Nogueira pela liberação que me deram de realizar este trabalho.

Agradeço ao professor Luís Fernando Batista Pinto pela oportunidade e pelo apoio durante a realização deste trabalho.

Agradeço ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal no Trópicos pela oportunidade.

Agradeço ao Professor Victor Breno Pedrosa pela orientação na elaboração dos artigos.

Agradeço a Professora Maria Consuelo Caribé Ayres pelo apoio dispensado.

Agradeço aos meus colegas Luís Paulo, Taiana e Tatiana Cortez por toda ajuda dispensada durante a caminhada no doutorado.

Agradeço a todos os professores do grupo de melhoramento animal por passarem com dedicação o conhecimento que muito me ajudou nesta jornada. Aos professores Gregório, Rafael, Val e Iara.

RESUMO

MEDRADO, B. D. **META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS E BUBALINOS**. 2021. 108p. Tese (Doutor em Ciência Animal nos Trópicos) - Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - Universidade Federal da Bahia, 2021.

Este trabalho objetivou realizar meta-análises de características de interesse econômico para obter estimativas de herdabilidades e correlações genéticas nas espécies ovina e bubalina. Foi utilizado o modelo com efeitos aleatórios nas meta-análises, que contou ao todo com 308 artigos entre ovinos e bubalinos, 892 coeficientes de herdabilidade e 643 correlações genéticas. A meta-análise com ovinos estimou herdabilidades variando de 0,1213 a 0,3912 para características de crescimento, de 0,0398 a 0,3047 para características reprodutivas, 0,1724 a 0,2582 para características de resistência a nematóides, 0,3616 a 0,5808 para características de lã e de 0,2063 a 0,3299 para características de carcaça. As estimativas das correlações genéticas foram principalmente positivas e variaram de 0,2500 a 0,9665, exceto para ovos por grama de fezes com peso corporal (-0,18) e com hematócrito (-0,48). Para os bubalinos, as médias ponderadas das herdabilidades se estenderam de 0,2344 até 0,3764 para as características de crescimento, de 0,1134 até 0,2069 para as reprodutivas, de 0,1058 até 0,3130 para as de produção de leite e de 0,1651 até 0,2751 para as características de qualidade do leite. A maioria das correlações genéticas foram positivas, variando entre 0,1342 e 0,9884, mas algumas correlações foram negativas, a exemplo de produção de leite x percentual de gordura (-0,2103) e produção de leite x percentual de proteína (-0,1967). Por terem sido obtidas através da combinação de muitos estudos, realizados em diversos ambientes, com raças e metodologias diferentes, as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas neste trabalho podem ser usadas em programas de melhoramento sob diferentes condições. Assim, esses resultados podem subsidiar o desenvolvimento de programas de melhoramento genético em ovinos e bubalinos, principalmente em países em desenvolvimento e subdesenvolvidos, que ainda não possuem um controle de dados que permita estimar de forma acurada os parâmetros aqui analisados, onde estes animais têm uma grande importância econômica.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, ruminante, seleção

ABSTRACT

MEDRADO, B. D. **META-ANALYSIS OF GENETIC PARAMETERS IN SHEEP AND BUBALINE**. 2021. 108p. Tese (Doutor em Ciência Animal nos Trópicos) - Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - Universidade Federal da Bahia, 2021.

This study aimed to perform meta-analyzes of economic traits to estimate heritability and genetic correlations in sheep and buffalo species. The model with random effects was used in the meta-analyzes, which included a total of 308 articles regarding sheep or buffaloes, 892 heritability coefficients, and 643 genetic correlations. The meta-analysis with sheep estimated heritability ranging from 0.1213 to 0.3912 for growth traits, from 0.0398 to 0.3047 for reproductive traits, 0.1724 to 0.2582 for resistance to nematodes traits, 0.3616 to 0.5808 for wool traits, and from 0.2063 to 0.3299 for carcass traits. The estimates of genetic correlations were mainly positive and ranged from 0.2500 to 0.9665, except for eggs per gram of feces with both body weight (-0.18) and hematocrit (-0.48). For buffalo, the weighted averages of heritabilities ranged from 0.2344 to 0.3811 for growth traits, 0.1134 to 0.2069 for reproductive traits, 0.1058 to 0.3130 for milk production traits, and from 0.1651 to 0.2751 for milk quality traits, and was 0.2075 for resistance to mastitis measure by somatic cell score. Most genetic correlations were positive, ranging from 0.1342 to 0.9884, but some correlations were negative such as expected between milk yield x fat percentage (-0.2103) and milk yield x protein percentage (-0.1967). Because they were obtained through the combination of many studies, carried out in different environments, with different breeds and methodologies, the estimates of the genetic parameters obtained in the present study can be used in breeding programs under different conditions. Thus, these results can support the development of genetic improvement programs in sheep and buffaloes, especially in developing and underdeveloped countries, that do not yet have a data control that allows to accurately estimate the parameters analyzed here, where these animals are of great economic importance.

Keywords: genetic correlation; heritability; ruminant; selection

LISTA DE FIGURAS

	Página
REVISÃO DE LITERATURA GERAL	
Figura 1 Representação esquemática dos modelos com efeito fixo e efeitos aleatórios.....	29

LISTA DE TABELAS

REVISÃO DE LITERATURA GERAL

		Página
Tabela 1	Critérios de seleção e intervalos de herdabilidade (h^2) observados para ovinos.....	18
Tabela 2	Critérios de seleção e intervalos de herdabilidade (h^2) observados para ovinos.....	22
Tabela 3	Principais equações utilizadas na meta-análise.....	31

CAPÍTULO 1

Meta-análise de parâmetros genéticos para características econômicas em ovinos

Tabela 1	Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.....	39
Tabela 2	Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %)......	43
Tabela 3	Número de artigos (n), correlações genéticas (rg), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (RSE%)......	44

CAPÍTULO 2

Meta-análise de parâmetros genéticos para características econômicas em búfalos

Tabela 1	Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.....	62
----------	--	----

Tabela 2	Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %).....	66
Tabela 3	Número de artigos (n), correlações genéticas (r_g), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (RSE%).....	67

LISTA DE SIGLAS

AOLC	Área do olho de lombo na carcaça
AOLUS	Área do olho de lombo in vivo por ultrassom
CDOE	Cordeiro desmamado / ovelha exposta
CDOP	Cordeiro desmamado / ovelha parida
CE	Circunferência escrotal
CM	Comprimento da mecha de lã
CNOE	Cordeiro nascido / ovelha exposta
CNOP	Cordeiro nascido / ovelha parida
DF	Diâmetro da fibra de lã
DL	Duração da lactação
DPL	Duração da primeira lactação
ECS	Escore de células somáticas
EGSC	Espessura de gordura subcutânea na carcaça
EGSUS	Espessura de gordura subcutânea in vivo por ultrassom
FAM	Famacha
GOR%	Percentual de gordura no leite
h ²	Herdabilidade
HCT	Hematócrito
I ²	Índice de heterogeneidade
IP	Intervalo entre partos
IPP	Idade ao primeiro parto
LOLC	Largura do olho de lombo na carcaça
OPG	Ovos por grama de fezes
PCQ	Peso da carcaça quente
PG	Produção de gordura no leite
PIP	Primeiro intervalo entre partos
PL	Produção de leite
PL270	Produção de leite ajustado para 270 dias
PL305	Produção de leite ajustado para 305 dias
PLAC	Produção de lactose no leite
PVL	Peso do velo limpo
PLLT	Produção de leite na lactação total
PLPI	Produção de leite no pico da lactação
PLPL	Produção de leite na primeira lactação
PVS	Peso do velo sujo
POLC	Profundidade do olho de lombo na carcaça
POLUS	Profundidade do olho de lombo in vivo por ultrassom
pós-GMD	Ganho diário pós-desmame

PP	Produção de proteína no leite
PPP	Peso vivo ao primeiro parto
PQM	Produção de queijo mozzarella
pré-GMD	Ganho diário pré-desmame
PS	Período de serviço
PSC	Período seco
PTCD	Peso total de cordeiros desmamados
PTCN	Peso total de cordeiros nascidos
PTN%	Percentual de proteína no leite
PV	Peso vivo
PV12	Peso vivo aos 12 meses de idade
PV18	Peso vivo aos 18 meses de idade
PV24	Peso vivo aos 24 meses de idade
PV3	Peso vivo aos 3 meses de idade
PV36	Peso vivo aos 36 meses de idade
PV4	Peso vivo aos 4 meses
PV6	Peso vivo aos 6 meses
PV7	Peso vivo aos 7 meses de idade
PV9	Peso vivo aos 9 meses
PVD	Peso vivo ao desmame
PVN	Peso vivo ao nascer
RC	Rendimento de carcaça
RLL	Rendimento do velo limpo
RSE	Relative Standard-Error
SBD	Sobrevivência até o desmame
TP	Taxa de parição

SUMÁRIO

META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS E BUBALINOS

	Página
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	16
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	17
2.1 PARÂMETROS GENÉTICOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM OVINOS.....	17
2.2 PARÂMETROS GENÉTICOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM BUBALINOS.....	21
2.3 META-ANÁLISE.....	27
2.3.1 Metodologia da meta-análise.....	28
3 OBJETIVOS.....	33
3.1 OBJETIVO GERAL.....	33
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	33
4 HIPÓTESE.....	34
5 CAPÍTULO 1 META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS ECONÔMICAS EM OVINOS	
Resumo.....	35
Abstract.....	36
1. Introdução.....	36
2. Material e métodos.....	38
2.1. Escopo e características fenotípicas.....	38
2.2. Registro dos dados e análises.....	39
2.3. Controle de qualidade.....	40
2.4. Teste de heterogeneidade.....	41
2.5. Meta-análise e estimação dos efeitos combinados.....	41
3. Resultados.....	42
3.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade.....	42
3.2. Herdabilidades.....	45
3.3. Correlações genéticas.....	45
4. Discussão.....	46
4.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade.....	46
4.2. Herdabilidades.....	47
4.3. Correlações genéticas.....	49
5. Conclusão.....	51
6. Referências.....	52
6 CAPÍTULO 2 META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS ECONÔMICAS EM BUBALINOS	
Resumo.....	58
Abstract.....	59
1. Introdução.....	59
2. Material e métodos.....	60
2.1. Escopo e características fenotípicas.....	61
2.2. Registro dos dados e análises.....	62
2.3. Controle de qualidade.....	63

2.4. Teste de heterogeneidade.....	64
2.5. Meta-análise e estimação dos efeitos combinados.....	64
3. Resultados.....	65
3.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade.....	65
3.2. Herdabilidades.....	67
3.3. Correlações genéticas.....	68
4. Discussão.....	69
4.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade.....	69
4.2. Herdabilidades.....	70
4.3. Correlações genéticas.....	73
5. Conclusão.....	76
6. Referências.....	76
7. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	82
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS (geral)	83
ANEXOS.....	101
ANEXO A.....	101
ANEXO B.....	103
ANEXO C.....	105
ANEXO D.....	107

1 INTRODUÇÃO GERAL

Existe uma necessidade de aumentar a lucratividade da atividade pecuária, a qual poderá ser atingida através da redução dos custos de produção ou pelo aumento da produtividade. O melhoramento genético é uma ferramenta para alavancar os rendimentos e, nesse contexto, o conhecimento dos parâmetros genéticos das características de interesse é fundamental para escolha do melhor esquema de seleção (Akhtar et al., 2008).

As avaliações genéticas têm como premissa a maximização da taxa de ganho genético (Amou Posht-e- Masari et al., 2013). Para tanto, o cálculo da resposta à seleção e o correto delineamento dos programas de melhoramento genético são extremamente dependentes de estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com boa acurácia (Jiménez, 2019). O processo acurado de estimação das herdabilidades e correlações genéticas requer grandes bancos de dados contendo várias gerações de indivíduos (Safari et al., 2005). Por outro lado, diversos países apresentam dificuldades em formar grandes banco de dados, devido aos custos envolvidos e encontram-se em fase inicial do desenvolvimento de seus programas de melhoramento genético (Mrode et al., 2020).

Ao longo dos anos, diversos artigos têm sido publicados com valores de parâmetros genéticos para várias características. Existe uma grande variabilidade entre os trabalhos, nos valores estimados, tanto para herdabilidade quanto para as correlações. Isso ocorre, principalmente, devido à variedade de raças utilizadas, os tipos de criação, a quantidade de animais avaliados e os efeitos introduzidos no modelo (Akanno et al., 2013), tornando as estimativas de parâmetros específicas para a população na qual foram estimadas. Logo, a utilização de tais dados por programas de melhoramento de outras populações pode superestimar ou subestimar a resposta a seleção e o ganho genético (Gathura et al., 2020).

Neste contexto, a realização de uma meta-análise utilizando os diversos trabalhos publicados tem a função de resolver os problemas das diferenças entre os artigos devido a heterogeneidade, por considerar a variância existente entre eles na estimação da média combinada, principalmente quando o modelo com efeito aleatório é o escolhido (Dawson et al., 2016). Deste modo, gerando uma estimativa única dos parâmetros genéticos que pode ser utilizada nos diversos sistemas de criação com as mais variadas raças e manejos diversificados (Akanno et al., 2013), principalmente em programas de melhoramento que estão em fase inicial e ainda possuem

parâmetros com reduzida acurácia ou na avaliação de populações sem parâmetros estimados (Borenstein et al., 2010).

Existem publicações de meta-análises de parâmetros genéticos para bovinos da raça Nelore (Oliveira et al., 2017), com diversas raças bovinas em região tropical (Gathura et al., 2020), com bovinos zebuínos (Giannotti et al., 2005), com suínos (Akanno et al., 2013) e com caprinos (Jembere et al., 2017), mas ainda não há relatos de meta-análise de parâmetros genéticos para bubalinos e as meta-análises realizadas com ovinos utilizaram outras metodologias. Portanto objetivou-se realizar meta-análise utilizando o modelo com efeito aleatório combinando diferentes estimativas de herdabilidade e correlações genéticas publicadas na literatura para características de interesse econômico em ovinos e bubalinos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 PARÂMETROS GENÉTICOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM OVINOS

A criação de ovinos é amplamente distribuída ao redor do mundo, com diversas raças constituindo o setor produtivo e vem passando por um período de grandes mudanças, principalmente devido a alterações nos preços da lã e da carne (Swan et al., 2007). Assim, os objetivos de seleção estão se tornando cada vez mais complexos. Por outro lado, existem discrepâncias entre os países quanto à robustez dos programas. A Austrália, por exemplo, possui um grande programa (Sheep Genetics Australia), que gera grande quantidade de informação genética (Brown et al., 2007), enquanto na Nova Zelândia o melhoramento genético foi responsável por um aumento de 83% em peso de cordeiro produzido por ovelha e 28% no peso de carcaça em 22 anos (Beef and Lamb New Zealand, 2012). Entretanto países da África, como a Etiópia por exemplo, tem a ovinocultura como atividade importante, porém sem programas de avaliação genética que gerem resultados confiáveis (Gizaw et al., 2013).

Programas de melhoramento genético de ovinos focam na combinação das características tidas como critérios de seleção para formação dos índices de mérito genético, desta forma norteando a escolha dos reprodutores e animais de descarte e reposição (Conington et al., 2004). Os critérios de seleção nos programas de melhoramento são principalmente ditados pelas tendências de mercado. Portanto, os objetivos de seleção na ovinocultura são aqueles voltados para as características de interesse econômico ligadas a produção de carne, leite ou lã (Byrne et al., 2010). Os critérios de seleção que mais são publicados na literatura relacionados a estimação de

parâmetros genéticos em ovinos e sua variação nos valores de herdabilidade estão demonstrados na Tabela 1.

Tabela 1- Critérios de seleção e intervalos de herdabilidade (h^2) observados em ovinos

Critérios de seleção	h^2	Referências
Crescimento		
Peso vivo ao nascer	0,04 - 0,46	(Gizaw et al., 2007; Kamjoo et al., 2014)
Peso vivo ao desmame	0,01 - 0,31	(Baneh et al., 2010; Mohammadi et al., 2015)
Peso vivo aos 4 meses	0,12 - 0,54	(Borg et al., 2009; Bosso et al., 2007)
Peso vivo aos 6 meses	0,085 - 0,51	(Gizaw et al., 2007; Savar-Sofla et al., 2011)
Peso vivo aos 9 meses	0,13 - 0,59	(Behzadi et al., 2007; Snyman et al., 1995)
Peso vivo aos 12 meses	0,10 - 0,58	(Snyman et al., 1995; Thiruvankadan et al., 2011)
Peso vivo aos 18 meses	0,34 - 0,56	(Groenewald et al., 1999; Snyman et al., 1995)
Ganho diário pré-desmame	0,08 - 0,41	(Jafaroghli et al., 2010; Talebi, 2012)
Ganho diário pós-desmame	0,023 - 0,30	(Kariuki et al., 2010; Savar-Sofla et al., 2011)
Reprodução		
Taxa de parição	0,02 - 0,11	(Afolayan et al., 2008; Fogarty et al., 1994)
Sobrevivência até o desmame	0,003 - 0,12	(Hossein-Zadeh et al., 2018; Rosati et al., 2002)
Cordeiro nascido / ovelha parida	0,02 - 0,26	(Amou Posht-e- Masari et al., 2013; Matika et al., 2003)
Cordeiro desmamado / ovelha parida	0,01 - 0,21	(Mohammadi et al., 2015; Rosati et al., 2002)
Cordeiro nascido / ovelha exposta	0,02 - 0,12	(Bromley et al., 2000; Vatankhah and Talebi, 2008)
Cordeiro desmamado / ovelha exposta	0,01 - 0,07	(Bromley et al., 2000; Vatankhah and Talebi, 2008)
Peso total de cordeiros nascidos	0,01 - 0,44	(Eteqadi et al., 2017; Shiotsuki et al., 2014)
Peso total de cordeiros desmamados	0,03 - 0,195	(Ekiz et al., 2005; Nabavi et al., 2014)
Circunferência escrotal	0,01 - 0,50	(Al-Shorepy and Notter; 1996; Moraes, 1992)
Resistencia a nematóide		
Ovos por grama de fezes	0,06 - 0,34	(Bisset et al., 1992; Mpetile et al., 2015)
Famacha	0,12 - 0,41	(Cloete et al., 2016; Ngere et al., 2017)
Hematócrito	0,11 - 0,39	(Miller et al., 2006; Vanimisetti et al., 2004)
Produção de lã		
Peso do velo sujo	0,02 - 0,68	(Akhtar et al., 2008; Hanford et al., 2006)
Peso do velo limpo	0,23 - 0,62	(Groenewald et al., 1999; Snyman et al., 1995)
Rendimento do velo limpo	0,35 - 0,66	(Cloete et al., 1998; Mortimer and Atkins, 1989)
Comprimento da mecha	0,25 - 0,76	(Hanford et al., 2006; Naidoo et al., 2004)
Diâmetro da fibra	0,42 - 0,77	(Huisman et al., 2008; James et al., 1990)
Carcaça		
Área do olho de lombo ultrassom	0,07 - 0,32	(Karamichou et al., 2006; Kiya et al., 2019)
Profundidade do olho de lombo ultrassom	0,14 - 0,42	(Einarsson et al., 2015; Mortimer et al., 2017)
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	0,08 - 0,42	(Einarsson et al., 2015; Maxa et al., 2007)
Peso de carcaça quente	0,17 - 0,48	(Ciappesoni et al., 2014; Massender et al., 2018)
Rendimento de carcaça	0,21 - 0,35	(Ingham et al., 2007; Mortimer et al., 2017)
Área do olho de lombo carcaça	0,19 - 0,41	(Jopson et al., 2009; Mortimer et al., 2017)
Profundidade do olho de lombo carcaça	0,12 - 0,39	(Ingham et al., 2007; Mortimer et al., 2017)
Largura do olho de lombo carcaça	0,15 - 0,63	(Safari et al., 2001; Waldron et al., 1992)
Espessura de gordura subcutânea carcaça	0,21 - 0,50	(Brito et al., 2017; Mortimer et al., 2010)

Existem várias características de interesse econômico como foi demonstrado na Tabela 1, e a predição acurada dos valores genéticos para estas características necessita de estimativas precisas dos parâmetros genéticos (Oliveira et al., 2017). Ao longo dos anos, diversos artigos têm sido publicados com valores de parâmetros genéticos para várias características ligadas ao crescimento (Maxa et al., 2007a; Gad, 2013; Kamjoo et al., 2014), a reprodução (Rosati et al., 2002; Boujenane et al., 2013; Nabavi et al., 2014), a produção de lã (Hanford et al., 2006; Gizaw et al., 2007; Gowane et al., 2010), a qualidade da carcaça (Massender et al., 2018; Mortimer et al., 2018) e a resistência a parasitas (Cloete et al., 2016; Ngere et al., 2018; Notter et al., 2018).

Características ligadas ao crescimento são importantíssimas, pois aumentando a taxa de crescimento dos animais consegue-se alcançar o peso desejado em menor tempo. A garantia de melhores resultados na ovinocultura passa por animais mais pesados ao desmame e com maior ganho de peso no pós-desmame (Mohammadi et al., 2015). O conhecimento dos parâmetros genéticos para o peso dos cordeiros em várias idades e as relações genéticas entre essas pesagens são de extrema importância para a eficiência da atividade (Aguirre et al., 2016; Kamjoo et al., 2014). Diversos trabalhos publicados estimaram parâmetros genéticos para peso corporal ao nascer (Prakash et al., 2012; Sallam et al., 2019), ao desmame (Prince et al., 2010; Savar-Sofla et al., 2011), aos 4, 6, 9, 12 e 18 meses de idade (Gowane et al., 2010; Greeff et al., 2008; Taghi et al., 2016). Além destas, existem as variáveis que avaliam o ganho médio diário e que também apresentam parâmetros genéticos publicados, como o ganho médio diário pré-desmame e pós-desmame (AL-Bial, 2016; Talebi, 2012).

As características reprodutivas são consideradas as mais importantes características no sistema de produção de ovinos (Matika et al., 2003). O aumento do número e do peso dos cordeiros desmamados pelas ovelhas é crucial para o melhoramento da produtividade da atividade, sendo a produção de cordeiros a maior fonte de lucros na ovinocultura (Ekiz et al., 2005). Estas variáveis fazem parte, por exemplo, do índice materno do sistema de avaliação genética de ovinos canadense (Quinton et al., 2014). As características que possuem mais parâmetros genéticos publicados são a taxa de parto (Boujenane et al., 2013), a taxa de sobrevivência até o desmame (Everett-Hincks et al., 2014), o número de cordeiros nascidos e desmamados (Aguirre et al., 2017; Yadollahi et al., 2018), além do peso total de cordeiros nascidos e desmamados (Nabavi et al., 2014). Apesar de serem reconhecidas pelas baixas herdabilidades diretas e sofrerem muita influência ambiental (Chimonyo et al., 2008), estas características devem ser incorporadas nos índices de seleção pois

são importantes para a produtividade geral do rebanho. Outra importante característica reprodutiva, cujos parâmetros genéticos são publicados é a circunferência escrotal. Esta variável geralmente apresenta herdabilidade moderada e pode ser usada através de seleção indireta para precocidade sexual e aumento da prolificidade (Kiya et al., 2019; Toe et al., 2000).

A produção de ovinos resistentes à nematóides gastrintestinais através da seleção genética é uma realidade, e o aumento dos ganhos econômicos da produção pode ser conseguido devido a correlação positiva entre resistência e peso vivo (Gowane et al., 2019). É conhecido que existe variação genética para resistência a nematóides entre raças e dentro de cada raça, o que torna esse objetivo passível de ser alcançado através da seleção (Ngere et al., 2018; Sarmento et al., 2020). Existem diversas variáveis que podem ser utilizadas como critérios de seleção (Davies et al., 2005), entretanto os que apresentam maior número de publicações para os parâmetros genéticos são ovos por grama de fezes (OPG) (Oliveira et al., 2018), avaliação da mucosa ocular através do método Famacha (Cloete et al., 2016) e hematócrito (Berton et al., 2019). Estas duas últimas sendo importantes devido ao hábito alimentar hematófago do *Haemonchus contortus*, o principal nematóide que acomete os ovinos (Zajac e Garza, 2020). As herdabilidades estimadas para OPG na literatura variam muito, estendendo-se de 0,01 a 0,65 (Zvinorova et al., 2016). Existem muitas discrepâncias nas metodologias de coleta desses fenótipos, que ocorrem sob as mais diversas condições de tipo de infecção, quantidade de larvas infectantes, idade dos animais e transformação de dados brutos que podem ser responsáveis por este grande intervalo.

Apesar da lã ter perdido competitividade devido as fibras sintéticas e o algodão, com os preços em tendência de baixa, a produção de lã ainda têm sua importância, principalmente em raças com dupla aptidão, que se beneficiam da resposta à seleção devido ao melhoramento nas características de produção de lã (Bromley et al., 2000; Swan et al., 2007). Este último autor cita que na Austrália, por exemplo, matrizes Merino produtoras de lã estão sendo cruzadas com reprodutores com aptidão para produção de carne. Neste sentido, a estimação das herdabilidades e correlações genéticas entre as características é extremamente importante para uma resposta à seleção em conjunto (Bromley et al., 2000). As principais características avaliadas no melhoramento da produção de lã na raça Merino são os pesos do velo sujo e limpo, o rendimento do velo limpo, o comprimento da mecha e o diâmetro da fibra (LAMBPLAN, 2004). Estas características apresentam herdabilidades na maioria das vezes altas, sugerindo que a seleção pode

ser utilizada para estas variáveis e promover um ganho genético em curto prazo (Huisman and Brown, 2008; Matebesi-Ranthimo et al., 2014).

A qualidade e o rendimento da carcaça dos ovinos deve estar em contínuo processo de melhoramento genético, assim como ocorre para as demais características, para que a atividade se mantenha competitiva por um longo período (Brito et al., 2017). A inclusão das características de carcaça nos programas de melhoramento genético busca também responder se existe ligação genética entre tamanho e peso corporal com as características de carcaça (Figueiredo Filho et al., 2015). As características de carcaça são consideradas importantes para a ovinocultura e a avaliação genética destas já faz parte de programas de melhoramento de alguns países, a exemplo da Austrália e Nova Zelândia (Beef + Lamb New zealand, 2017; Massender et al., 2018; Swan et al., 2017). As características de carcaça que podem ser mensuradas após o abate são os pesos da carcaça quente e fria, os rendimentos de carcaça quente e fria, espessura de gordura subcutânea, além de profundidade, largura e área do olho de lombo. Com o animal vivo, algumas destas variáveis são medidas através da ultrassonografia, sendo espessura de gordura subcutânea e a área do olho de lombo as mais comuns (Greeff et al., 2008). A literatura mostra que estas características apresentam herdabilidade moderada e as medidas de musculosidade (olho de lombo) possuem correlações positivas com peso corporal (Brown e Swan, 2016; Safari et al., 2005).

2.2 PARÂMETROS GENÉTICOS E CRITÉRIOS DE SELEÇÃO EM BUBALINOS

Os bubalinos são considerados uma espécie de importância econômica e cultural, principalmente em países em desenvolvimento, possuindo aptidão para a produção de leite e carne com um potencial genético que não foi completamente estudado (Safari et al., 2018). Na Europa, a criação e melhoramento genético de búfalos vem mostrando uma tendência de aumento, principalmente na Itália, gerando produtos de alta qualidade (Borghese, 2013). Entretanto, em diversos países, o melhoramento genético da espécie é prejudicado devido aos registros zootécnicos serem de má qualidade, tanto por parte de pequenos e grandes criadores (Suhail e Qureshi, 2010), e a falta de dados corretos de pedigree e seleção. Tudo isto faz com que o melhoramento genético da bubalinocultura esteja muito aquém do que já se vê na bovinocultura (Borghese, 2005).

A atividade de seleção animal baseia-se na importância econômica de determinada espécie e pelos produtos que dela podem ser extraídos (Borghese, 2005). Os bubalinos (*Bubalus bubalis*) são a segunda espécie em importância no planeta em termos de produção de leite (Safari et al., 2018), por isso o melhoramento genético dos bubalinos é voltado principalmente para a produção

e qualidade do leite. Entretanto, características voltadas para o crescimento e fertilidade também fazem parte dos programas de melhoramento em diversos países (Borghese, 2013). Nas últimas décadas têm sido estimados parâmetros genéticos para várias características de interesse econômico na bubalinocultura, incluindo variáveis de crescimento (Agudelo-Gómez et al., 2015), reprodução (Parmar et al., 2019), produção e qualidade do leite (Jakhar et al., 2017) e resistência a mastite (El-Awady et al., 2016), como demonstrados na Tabela 2.

Tabela 2- Critérios de seleção e intervalos de herdabilidade (h^2) observados em bubalinos

Critérios de seleção	h^2	Referências
Crescimento		
Peso vivo ao nascimento	0,04 - 0,66	(Mourad, 2009; Thevamanoharan et al., 2001)
Peso vivo aos 3 meses de idade	0,02 - 0,86	(Elsayed et al., 2021; Thevamanoharan et al., 2001)
Peso vivo aos 7 meses de idade	0,16 - 0,51	(Agudelo-Gómez et al., 2015; Silveira et al., 2017)
Peso vivo aos 12 meses de idade	0,14 - 0,95	(Pandya et al., 2015; Shahin et al., 2010)
Peso vivo aos 18 meses de idade	0,11 - 0,58	(Malhado et al., 2008; Malhado et al., 2007)
Peso vivo aos 24 meses de idade	0,21 - 0,50	(Agudelo-Gómez et al., 2015; Gupta et al., 2015)
Peso vivo aos 36 meses de idade	0,23 - 0,59	(Akhtar et al., 2012; Gupta et al., 2015)
Reprodução		
Idade ao primeiro parto	0,001 - 0,57	(Marques et al., 2019; Singh and Barwal, 2012)
Peso vivo ao primeiro parto	0,03 - 0,27	(El-bramony, 2015; Singh and Barwal, 2012)
Intervalo entre partos	0,01 - 0,27	(Jakhar et al., 2016; Shalaby et al., 2016)
Primeiro intervalo entre partos	0,04 - 0,38	(Cassiano et al., 2004; Dev et al., 2015)
Período de serviço	0,001 - 0,29	(Jakhar et al., 2016; Shalaby et al., 2016)
Produção de leite		
Duração da lactação	0,01 - 0,43	(Suhail et al., 2009; Tonhati et al., 2000)
Duração da primeira lactação	0,06 - 0,94	(Thevamanoharan et al., 2002; Yadav et al., 2002)
Período seco	0,03 - 0,23	(Jakhar et al., 2016; Shalaby et al., 2016)
Produção de leite no pico da lactação	0,07 - 0,52	(Galsar et al., 2016; Jakhar et al., 2016)
Produção de leite na primeira lactação	0,01 - 0,61	(Suhail et al., 2009; Thevamanoharan et al., 2002)
Produção de leite na lactação total	0,07 - 0,49	(EL-Hedainy et al., 2020; Thevamanoharan et al., 2002)
Produção de leite ajustado para 270 dias	0,008 - 0,38	(Parlato and Van Vleck, 2012; Sarubbi, 2012)
Produção de leite ajustado para 305 dias	0,09 - 0,50	(Baharizadeh, 2012; Jakhar et al., 2016)
Qualidade do leite		
Produção de gordura no leite	0,05 - 0,33	(Kumar et al., 2016; Morammazi et al., 2007)
Produção de proteína no leite	0,09 - 0,30	(Baharizadeh, 2012; Oliveira et al., 2014)
Produção de lactose no leite	0,17 - 0,29	(Aspilcueta-Borquis et al., 2013; Oliveira et al., 2014)
Percentual de gordura no leite	0,03 - 0,49	(Marques et al., 2019; Morammazi et al., 2007)
Percentual de proteína no leite	0,04 - 0,42	(Aspilcueta-Borquis et al., 2015; Sarubbi, 2012)
Produção de queijo mozzarella	0,01 - 0,23	(Aspilcueta-Borquis et al., 2010; Sarubbi, 2012)
Resistência à mastite		
Escore de células somáticas	0,11 - 0,30	(Awad, 2015; Mendoza-Sánchez et al., 2007)

O melhoramento genético das características de crescimento tem sido o grande foco, principalmente para alguns países, como a Índia e o Egito, onde os búfalos contribuem com cerca de 16% e 47% da produção de carne, respectivamente. Além de caracterizar a adaptabilidade e

aptidão econômica do animal (Gupta et al., 2015; Kamal El-den et al., 2020), levando em conta as tendências de mercado, que buscam animais cada vez mais precoces, é extremamente importante o melhoramento de variáveis de desenvolvimento ponderal nos bubalinos. Portanto, a estimação de parâmetros genéticos para dados de pesagens é necessário em programas de melhoramento de bubalinos (Silveira et al., 2017). Os principais fenótipos associados ao crescimento em búfalos encontrados na literatura foram peso ao nascer e aos 3 meses de idade (Elsayed et al., 2021; Pandya et al., 2015), aos 7 e 12 meses (Agudelo-Gómez et al., 2015), e aos 18, 24 e 36 meses (Abu El-Naser, 2019; Akhtar et al., 2012). Muitos trabalhos publicados estimaram herdabilidades moderadas para estas características (El-bramony et al., 2008; Kamal El-den et al., 2020). Além disso pesagens em idades diferentes possuem correlação genética positiva fazendo com que pesos iniciais possam ser usados como critérios de seleção para tomadas de decisão mais precoces (Silveira et al., 2017).

A eficiência reprodutiva é um componente fundamental para a produção de búfalos, apesar destas características apresentarem normalmente baixa herdabilidade e serem pouco responsivas nos programas de melhoramento (Safari et al., 2018). Um importante critério de seleção associado à fertilidade das búfalas é o intervalo entre partos, que afeta diretamente o tempo de vida produtiva do animal (Hossein-Zadeh, 2016). A idade ao primeiro parto é outra característica reprodutiva que apresenta grande número de artigos publicados com estimativas dos parâmetros genéticos. Esta variável indica a idade da búfala quando produz o primeiro bezerro e inicia sua vida produtiva. Fêmeas que falham em gestar são aquelas propícias ao descarte (Hossein-zadeh, 2011). Diminuição na idade ao primeiro parto reduz os custos de criação até o início da produção, elevando o retorno financeiro anual, e eleva a vida produtiva do animal (Kumar et al., 2015). Por outro lado, parece existir um antagonismo genético entre produção de leite e eficiência reprodutiva, evidenciado por correlações genéticas positivas entre produção de leite e idade ao primeiro parto (Barros et al., 2016; Vilela et al., 2020) e também com intervalo entre partos (Dev et al., 2015; Shalaby et al., 2016). Logo, uma intensa seleção para aumento na quantidade de leite poderá exacerbar o declínio das características reprodutivas (Kadarmideen et al., 2000). Deste modo, o melhoramento em uma característica é penalizado pelo prejuízo da outra. Assim, o ganho genético em produção de leite pode ocasionar perdas econômicas devido ao atraso na concepção (Malhado et al., 2013).

O melhoramento e a seleção animal em qualquer rebanho leiteiro parte do pressuposto básico de registrar individualmente a produtividade juntamente com a genealogia, para estimar o

mérito genético de cada animal (Borghese, 2005). Na bubalinocultura, os principais critérios de seleção relacionados a produção e qualidade do leite são a quantidade de leite e sólidos (gordura e proteína) em quilogramas, o percentual dos sólidos e a contagem de células somáticas (Borghese, 2013). A produção de queijo *mozzarella* é um dos principais objetivos da bubalinocultura leiteira, portanto, a produção desse queijo é outra variável importante para o animal, sendo dependente da quantidade de leite produzida e do percentual de proteína e gordura (Madad et al., 2013).

As principais características avaliadas na seleção para produtividade são a produção de leite na primeira lactação (Yadav e Singh, 2016), a produção ajustada para 270 ou 305 dias de lactação (El-bramony et al., 2017; Jakhar et al., 2016). Além disso, a produção no pico da lactação (Pareek e Narang, 2014) e durante o período total de lactação (Mostafa et al., 2017) são outras variáveis cuja as estimativas dos parâmetros genéticos são publicadas. A literatura mostra que as herdabilidades para estes critérios de seleção variam muito entre os trabalhos. Valores baixos foram encontrados em alguns trabalhos (Chakraborty et al., 2010; Malhado et al., 2009), enquanto outros estimaram herdabilidades moderadas (Campos et al., 2007; Sahoo et al., 2014). Estimativas acima de 0,4 também foram publicados em alguns estudos (EL-Hedainy et al., 2020; Khattab et al., 2003). Existe uma inter-relação entre as variáveis ligadas a produção de leite, pois a produtividade na primeira lactação é um indicativo das futuras performances e com a seleção direta para altas produções na lactação inicial espera-se alcançar ganhos genéticos mais rápidos (Suhail and Qureshi, 2010). Em adição a este fato, assumindo correlação genética entre a produção nas lactações subsequentes, a seleção utilizando registros repetidos também é utilizada. O principal benefício da utilização do desempenho de mais de uma lactação é o aumento da acurácia da estimação (Madad et al., 2013).

O período de lactação (duração da lactação) e o período seco também são variáveis ligadas à produção de leite. Existe grande variação no período de lactação entre os bubalinos, resultando em discrepâncias na produção de leite. Entretanto, este fato fornece uma ampla base para a seleção desta característica individualmente (Suhail and Qureshi, 2010). Alguns países selecionam para esta variável ajustando para determinada quantidade de dias. Na Itália e Bulgária a padronização ocorre para 270 dias, enquanto no Egito e na Índia a lactação é ajustada para 305 dias (Borghese, 2005). A duração da lactação e o período seco apresentam estimativas de herdabilidade que variam menos entre os trabalhos quanto a classificação. A maior parte dos estudos apresentam estimativas de herdabilidade abaixo de 0,2 para estes critérios de seleção (Malhado et al., 2012;

Thevamanoharan et al., 2002). Vários estudos observaram correlação genética positiva entre período de lactação e período de serviço (Jakhar et al., 2016; Mostafa et al., 2017; Shalaby et al., 2016). Também foi observada correlação positiva entre período de lactação e idade ao primeiro parto (Kuralkar e Raheja, 1997; Bashir et al., 2009 e Barros et al., 2016). Por outro lado, a maioria dos trabalhos que estimaram parâmetros genéticos em bubalinos encontraram correlações genéticas positivas e altas entre produção de leite e duração da lactação. Malhado et al (2019) observaram correlação de 0,89, enquanto El-bramony (2011) encontrou valor de 0,88. Desta forma pode-se inferir que alguns genes responsáveis pelo aumento na produção leiteira serão os mesmos que farão a fêmea necessitar de mais dias para o primeiro parto e intervalo entre partos (Vilela et al., 2020). Tonhati et al. (2000) indicaram que a seleção para as características reprodutivas e para produção de leite deveriam ser consideradas independentemente.

Como citado anteriormente, o principal objetivo na bubalinocultura leiteira é a produção do queijo *mozzarella*. Portanto, a seleção deve ser dirigida principalmente para o melhoramento desta variável e não simplesmente para a elevação da quantidade de leite, pois a seleção exclusiva para produção de leite pode ocasionar menores teores de sólidos e comprometer a produção de derivados do leite, como os queijos (Borghese, 2013; Shalaby et al., 2016). Comparado ao leite de vacas, o leite das búfalas apresenta características qualitativas superiores, sendo mais rico em gordura, proteína, lactose e energia (Safari et al., 2018). Percentual de gordura e proteína, quantidade em quilos de proteína, gordura e lactose, além da mensuração da produção de queijo *mozzarella* são os critérios de seleção utilizados no melhoramento da qualidade do leite de bubalinos (Popa et al., 2018; Popa et al., 2014).

A literatura relacionada a estimação de parâmetros genéticos para a maioria destas características qualitativas evidencia que as estimativas de herdabilidade são baixas e moderadas (El-Arian et al., 2012; El-bramony et al., 2017; Rosati e Van Vleck, 2002). Percentual de gordura e proteína foram as únicas variáveis que apresentam em alguns estudos herdabilidades acima de 0,4 (Aspilcueta-Borquis et al., 2015; El-Awady et al., 2016; Marques et al., 2019). Uma grande quantidade de trabalhos mostra, como foi citado anteriormente, que a seleção intensa para produção pode prejudicar a qualidade do leite. Nazari et al. (2010) e Barros et al. (2016) encontraram correlação genética negativa entre produção de leite e percentual de gordura, o mesmo acontecendo para o percentual de proteína (Popa et al., 2018; Sarubbi, 2012). Existem poucos estudos estimando os parâmetros genéticos para a produção de queijo *mozzarella* e sua correlação com a produção de

leite e seus componentes. Apesar disso, a literatura mostra que existe uma correlação genética positiva e alta entre produção de leite e de *mozzarella*, em alguns casos acima de 0,8 (Aspilcueta-Borquis et al., 2010; Rosati and Van Vleck, 2002; Sarubbi, 2012). Embora, em muitos locais se de maior ênfase à seleção baseada no aumento da produção de leite, alguma atenção é direcionada também para o melhoramento da qualidade do leite. A principal preocupação dos criadores e melhoristas é como aumentar a produção de leite das búfalas sem, no entanto, prejudicar a qualidade (Aspilcueta-Borquis et al., 2010).

Na Itália, um país onde o programa de melhoramento de bubalinos é avançado, o registro da contagem de células somáticas no leite é obrigatório (Borghese, 2013). Contagem de células somáticas é uma característica que avalia a saúde da glândula mamária e indiretamente mensura a resistência da fêmea à mastite (El-Awady et al., 2016). O conjunto de fenótipos para esta característica em uma população muitas vezes não apresenta distribuição normal. Nestes casos, é utilizado uma transformação logarítmica para estimação dos parâmetros genéticos, o que dá origem ao escore de células somáticas (Ali e Shook, 1980; Costa et al., 2021). Entretanto em alguns trabalhos os autores utilizam a própria contagem de células somáticas sem transformação (El-Awady et al., 2016; El-bramony et al., 2004). Na bubalinocultura leiteira, contagem elevada de células somáticas é associada a queda na produção e qualidade do leite (Cerón-Muñoz et al., 2002). A literatura apresenta trabalhos que estimaram herdabilidades tanto para contagem de células somáticas, como para escore de células somáticas, variando entre baixa (Mendoza-Sánchez et al., 2007), moderada (El-bramony et al., 2010) e alta (El-bramony et al., 2004). Quanto a correlação entre células somáticas e produção de leite, muitos estudos indicaram uma correlação genética negativa. Awad (2015) e Popa et al. (2017) encontraram correlação genética negativa (-0,12) entre produção de leite e escore de células somáticas, enquanto El-Arian et al. (2012) e Aspilcueta-Borquis et al. (2015) observaram correlação genética negativa entre escore de células somáticas com produção de gordura (-0,18 e -0,12) e produção de proteína (-0,4 e -0,12) respectivamente.

Para vacas leiteiras, grande parte da literatura indica correlação genética desfavorável entre produção de leite e contagem de células somáticas, ou seja, correlações positivas (Carlén et al., 2004), demonstrando que a arquitetura genética entre estas espécies, no que diz respeito a estas características, pode ser diferente, ou evidencia um melhor mecanismo de defesa das búfalas, principalmente relacionado a um esfíncter da teta mais forte que previne a entrada de patógenos

(El-Awady et al., 2016). Neste sentido, pode-se dizer que produção de leite e contagem de células somáticas podem ser selecionadas em conjunto.

2.3 META-ANÁLISE

Atualmente, manter-se atualizado em qualquer disciplina é uma tarefa muito difícil, haja visto o crescente número de novas informações que são geradas. Neste sentido revisões de literatura, sejam elas narrativas ou sistemáticas, e meta-análises destas revisões são uma eficiente forma de resumir e comunicar as novas descobertas das pesquisas, atualizando os leitores e explorando os resultados encontrados (Dawson et al., 2016). Uma meta-análise é definida como uma avaliação estatística de um conjunto de resultados de estudos individuais, com o objetivo de combinar e integrar os dados encontrados (Glass, 1976). É utilizada para avaliar os resultados de estudos prévios e gerar conclusões (Lean et al., 2009).

Desde a introdução do termo meta-análise por Glass (1976), a utilização desta metodologia tem se tornado amplamente utilizada nos campos da educação, psicologia e ciências biomédicas (Hedges, 1992). A realização de uma meta-análise apresenta diversos benefícios, dentre eles está a revisão quantitativa e consolidada de um grande número de experimentos, que muitas vezes são complexos e com resultados conflitantes (Lean et al., 2009). Gil et al. (2019) realizaram uma meta-análise para investigar a sensibilidade dos testes para detecção da trissomia do DNA, enquanto Schüchen et al. (2018) utilizaram a metodologia para avaliar o uso de analgésicos não opióides no tratamento da dor. Diversas outras meta-análises são realizadas nas mais diferentes áreas, Garzón et al. (2020) na pedagogia e Wilson et al. (2020) na área educacional são outros exemplos que mostram a utilidade desta metodologia.

Na área de veterinária e ciência animal, cada vez mais a técnica de combinação de resultados através de meta-análise vem se tornando comum. O grande crescimento nas publicações ocorreu a partir de 2006 (Vriezen et al., 2019). A crescente demanda por padrões de segurança e eficácia e o crescente número de publicações são fatores responsáveis por este crescimento na utilização (Lean et al., 2009). De acordo com este mesmo autor, apesar do crescente uso da meta-análise nestas áreas, está ainda muito aquém do que ocorre no campo da medicina. Vriezen et al. (2019) demonstraram na sua revisão sobre meta-análises e revisões sistemáticas na área de veterinária, que gado leiteiro, peixes e suínos são as mais inseridas nesta metodologia. Pequenos ruminantes, sem especificação, e bubalinos aparecem com 6 e 8 meta-análises apenas, respectivamente. Na etiópia uma meta-análise foi realizada para investigação de tuberculose bovina

(Sibhat et al., 2017), enquanto na Nigéria a meta-análise foi realizada numa investigação sobre helmintos de ruminantes (Karshima et al., 2018). Outra meta-análise foi realizada sobre a soroprevalência global de *Toxoplasma gondii* em suínos (Foroutan et al., 2019), e em pequenos animais Chalkowski et al. (2019) investigaram o risco de parasitismo em gatos.

Em comparação com as demais áreas citadas anteriormente, poucos são os trabalhos utilizando meta-análise que buscam revisar, combinar resultados e tirar conclusões relacionadas a estimação de parâmetros genéticos em animais de interesse pecuário. O trabalho de Vriezen et al. (2019) encontrou 1787 trabalhos que realizaram meta-análise ou revisão sistemática nas áreas de saúde animal e desempenho, mas apenas 40 ligados a genética, estimação de valor genético ou herdabilidades. Trabalhos com gado de corte (Gathura et al., 2020; Oliveira et al., 2017), bovinos leiteiros (Zerehdaran et al., 2020), suínos (Akanno et al., 2013), galinhas (Ndung et al., 2020), ovinos (Safari et al., 2005) e caprinos (Jembere et al., 2017) realizaram meta-análises relacionadas ao melhoramento animal.

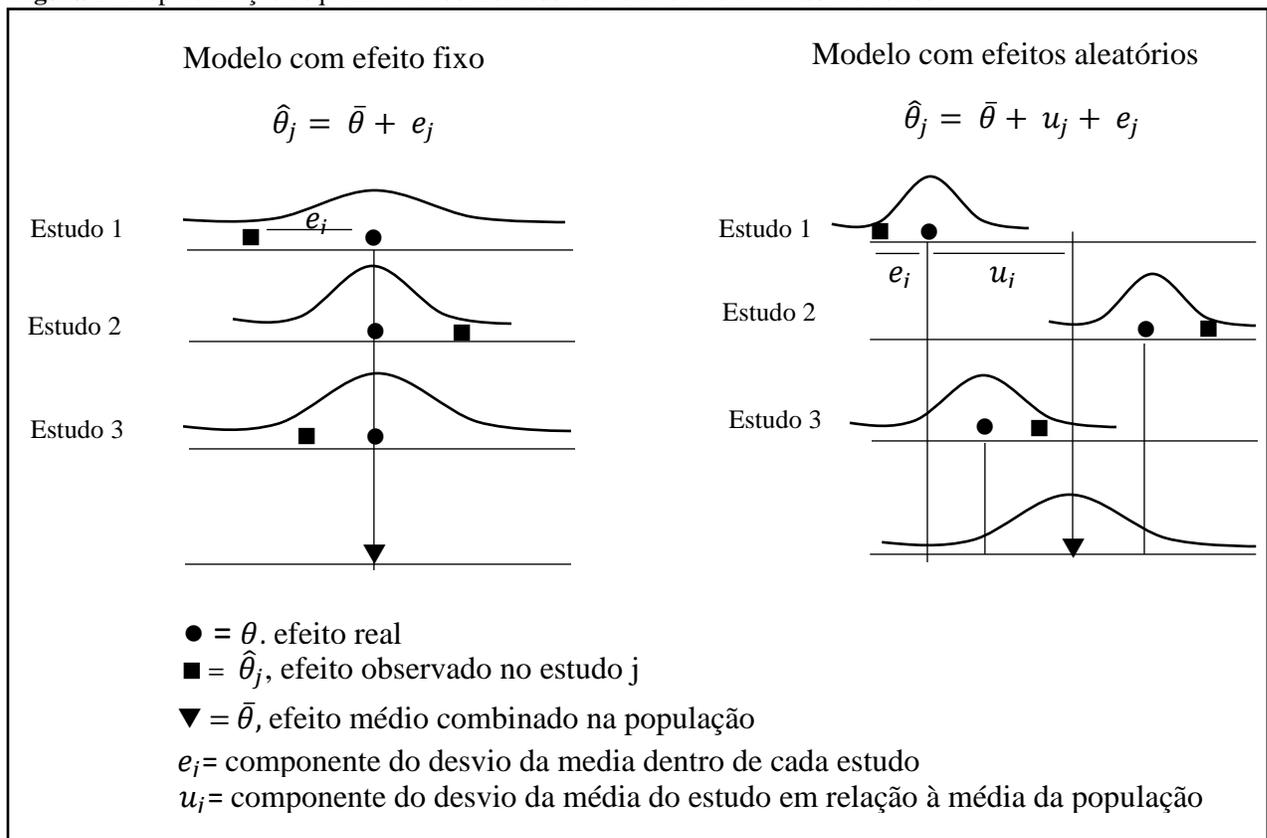
2.3.1 Metodologia da meta-análise

A meta-análise fornece os meios de combinar os resultados de diversos experimentos, os quais podem avaliar efeitos de tratamento, riscos associados a doença, diferenças entre médias, prevalência de doenças, médias de grupos ou qualquer outro tipo de efeito gerado na pesquisa. Sua função é produzir uma estimativa geral do efeito e sua variabilidade, a partir de um acurado resumo dos efeitos individuais junto com seus erros-padrão (Dawson et al., 2016). Por diversas vezes, os efeitos dos estudos individuais devem ser padronizados, pois podem ter sido publicados em escalas diferentes (Field e Gillett, 2010). Entretanto, seja qual for o tipo de efeito a ser combinado, o que se utiliza nas meta-análises são os valores numéricos e suas variâncias, sendo submetidos à mesma fórmula matemática (Borenstein et al., 2009).

Toda meta-análise se inicia com a definição do objeto da pesquisa, o qual determinará o conjunto de artigos que serão pesquisados e incluídos na análise (Eisend, 2017). A realização da meta-análise pode ser didaticamente dividida em partes, que incluem revisão de literatura sobre o assunto nas bases disponíveis, decidir os critérios de inclusão dos artigos, cálculo dos efeitos individuais se necessário (*odds ratio* por exemplo), executar a meta-análise propriamente dita (encontrar os efeitos combinado), realizar análise mais avançadas (teste de viés de publicação) e escrever o artigo (Field and Gillett, 2010).

Como citado anteriormente, a meta-análise combina efeitos individuais e gera uma única estimativa para a população. Esta nada mais é que uma média ponderada dos efeitos individuais, onde o ponderador muitas vezes reflete a acurácia de cada artigo individualmente. A atribuição dos pesos a cada artigo depende da suposição sobre a distribuição dos efeitos dos artigos dos quais foram retirados (Borenstein et al., 2009). Uma suposição possível é que exista apenas um efeito real, o qual seria observado se o estudo tivesse um tamanho amostral infinitamente grande (sem erro amostral). Logo, a diferença entre os efeitos observados de cada artigo é devido ao erro de amostragem e a estimativa combinada é o próprio efeito comum, o que configura um modelo com efeito fixo ou efeito comum. Porém, se cada artigo utilizado apresenta um efeito real, então a estimativa combinada é uma média da distribuição destes efeitos, sendo necessário um modelo com efeitos aleatórios (Hunter and Schmidt, 2000). A diferença entre os dois modelos é a fonte do erro (Field e Gillett, 2010). A representação esquemática dos dois tipos de modelos pode ser vista na Figura 1.

Figura 1 - Representação esquemática dos modelos com efeito fixo e efeitos aleatórios



Adaptado de Borenstein et al. (2010)

No modelo com efeito fixo, a única fonte de variação é a variância do erro dentro de cada estudo, pois os artigos compartilham o mesmo efeito real. Esta depende da variância das

observações na população e do tamanho da amostra de cada estudo. O modelo com efeito aleatório apresenta outra fonte de variação além da citada antes, é a variância entre estudos, pois estes não compartilham o mesmo valor real (Hedges and Vevea, 1998; Hunter and Schmidt, 2000). A variância entre estudos é denominada τ^2 (Tau) e pode ser estimada por diferentes métodos como DerSimonian e Laird. Este método é muito utilizado pois sua estimação da variância entre estudos tem a qualidade de ser mais consistente com a heterogeneidade dos trabalhos. Máxima verossimilhança, máxima verossimilhança restrita são outras metodologia utilizadas (Borenstein et al., 2009). Os dois modelos quase sempre produzem efeitos combinados que diferem, isto ocorre devido à forma de ponderação. O método mais utilizado para ponderar os efeitos individuais é o inverso da variância. No modelo fixo grandes pesos são atribuídos aos estudos mais precisos e os menos precisos são quase que ignorados já que todos possuem o mesmo efeito real e estima-se o efeito comum. No modelo aleatório os pesos são mais distribuídos entre os artigos, devido ao componente da variância entre estudos, e nesse caso estudos mais precisos perdem influência e os menos precisos ganham. Nenhum efeito pode ser ignorado pois no modelo aleatório estima-se a média de uma distribuição de efeitos. Ocorre também que o intervalo de confiança da estimativa é menos amplo no modelo com efeito fixo (Borenstein et al., 2010). Uma descrição das principais equações utilizadas na realização da meta-análise pode ser visualizada na Tabela 3.

As diferenças nos valores dos efeitos reais que existe entre os estudos se deve a fatores como população estudada, protocolos e metodologias (Dawson et al., 2016). No campo do melhoramento animal, fatores de ordem genética como a raça dos animais e o nível de seleção da população, fatores ambientais como o manejo e diferenças na abordagem metodológicas são alguns dos responsáveis pela existência de variabilidade entre os parâmetros estimados em cada estudo (Oliveira et al., 2017). Desta forma, Higgins et al. (2003) desenvolveram uma abordagem que quantifica o grau de heterogeneidade. O índice criado por estes autores calcula o percentual da variabilidade entre os trabalhos que é devido a heterogeneidade ao invés do acaso. A heterogeneidade é considerada baixa quando atinge até 25%, moderada entre 25 e 75% e alta quando acima de 75%. Oliveira et al. (2017) realizaram uma meta-análise de parâmetros genéticos em bovinos Nelore e encontraram índice de heterogeneidade variando entre 29 e 97%, enquanto Jimenéz (2019) encontraram valores de heterogeneidade entre 10 e 97% em uma meta-análise de parâmetros genéticos para perfil de ácidos graxos no leite. Sibhat et al. (2017) observaram heterogeneidade de 98% na meta-análise de prevalência de tuberculose bovina na Etiópia.

Tabela 3- Principais equações utilizadas na meta-análise

Descrição	Equação	Legenda
Modelo com efeito fixo	$\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + e_j$	$\hat{\theta}_j$ = efeito observado no artigo j $\bar{\theta}$ = efeito combinado na população
Modelo com efeito aleatório	$\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$	u_j = componente entre estudos do desvio da média e_j = componente do desvio da média dentro de cada estudo j
Variância dentro de cada estudo	$v_j = \frac{\sigma_e^2}{n}$	v_j = variância dentro de cada estudo σ_e^2 = variância na população n = tamanho da amostra no artigo
Variância entre estudos	τ^2	τ^2 = variância entre os estudos
Peso atribuído no modelo com efeito fixo	$w_j = \frac{1}{v_j}$	w_j = ponderador do artigo j v_j = variância dentro de cada estudo τ^2 = variância entre os estudos
Peso atribuído no modelo com efeito aleatório	$w_j = \frac{1}{(v_j + \tau^2)}$	
Cálculo das estimativas combinadas	$\bar{\theta} = \frac{(\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j)}{\sum_{k=1}^k w_j}$	w_j = ponderador do artigo j $\hat{\theta}_j$ = efeito observado no artigo j $\bar{\theta}$ = efeito combinado na população
Intervalo de confiança da estimativa combinada	$IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1.96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^j w_j} \right]^{1/2}$	$\bar{\theta}$ = efeito combinado na população $SE_{\bar{\theta}}$ = erro-padrão da estimativa combinada w_j = ponderador do artigo j
Teste de heterogeneidade	$I^2 = \left(\frac{(Q - df)}{Q} \right) \times 100$	Q = estatística do teste Q df = graus de liberdade (j - 1) j = nº de artigos utilizados

Adaptado de Borenstein e colaboradores (2010)

De acordo com Hedges e Vevea (1998), a principal condição para se optar entre um dos dois modelos, fixo ou aleatório, é a inferência que se deseja realizar com os resultados obtidos. Se o pesquisador deseja inferir os resultados apenas para conjunto de dados de onde a média ponderada foi gerada, chamada inferência condicional, então a opção é o modelo fixo. Entretanto, se uma inferência incondicional é a intenção do autor, ele deseja extrapolar seus resultados para além daquela população presente nos artigos utilizados na meta-análise, então o modelo com efeitos aleatórios é o mais indicado. Outro critério para a escolha entre os dois modelos é o resultado do teste de heterogeneidade. Se os artigos utilizados são homogêneos deve-se optar pelo modelo fixo, enquanto o modelo aleatório é mais adequado quando estes são heterogêneos (Dawson et al., 2016). O que ocorre na prática é que raramente um cientista não estará interessado em inferir seus

resultados para um universo maior. Além disso, muitas vezes não é plausível o uso do modelo fixo pois não há como afirmar que o mesmo efeito real é compartilhado pelos artigos. Portanto, na maior parte das meta-análises o uso do modelo com efeito aleatório é mais apropriado (Borenstein et al., 2010; Hunter and Schmidt, 2000).

Uma das principais objeções à confiabilidade de uma meta-análise, principalmente na pesquisa clínica, é o viés de publicação (Dawson et al., 2016) também chamado de efeito de pequenos estudos. Este é um termo genérico para o fenômeno em que estudos menores, com grandes erros-padrão, às vezes mostram efeitos de tratamento diferentes, muitas vezes maiores do que os grandes estudos (Schwarzer et al., 2015). Este fenômeno pode surgir também quando os estudos utilizados na meta-análise não representam todos os estudos na área de interesse. Na medicina, por exemplo, artigos com efeitos estatisticamente significativos ou com resultados de tratamentos positivos têm maior possibilidade de serem publicados, isto causa um viés na estimativa combinada (Macaskill et al., 2001). Outra provável causa de efeito de pequenos estudos é a heterogeneidade da população, onde o menor número de indivíduos torna mais fácil a homogeneização da população, em contraste com uma população heterogênea em estudos maiores, que pode acarretar discrepâncias nos resultados (Schwarzer et al., 2015). Begg e Mazumdar (1994) afirmam que devido a esta séria questão, ao se conduzir uma meta-análise é essencial testar os dados quanto ao viés de publicação. Estes mesmos autores propuseram um método de correlações de postos para avaliar o risco de viés. Este teste correlaciona os efeitos dos artigos com seus erros-padrão. Outro teste utilizado é o teste de Egger, que é baseado em regressão dos efeitos sobre os erros-padrão. Meta-análises na área de veterinária e melhoramento animal costumam usar estes testes (Del Claro et al., 2012; Sibhat et al., 2017).

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

O presente projeto tem por objetivo realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório combinando diferentes estimativas de herdabilidade e correlações genéticas publicadas na literatura, para características de interesse econômico em ovinos e bubalinos.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Formar um banco de dados com informações fenotípicas para características de interesse econômico em ovinos.

Formar um banco de dados com informações sobre parâmetros genéticos em ovinos.

Publicação de estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas para as principais características de interesse econômico avaliadas nos ovinos.

Formar um banco de dados com informações fenotípicas para características de interesse econômico em bubalinos.

Formar um banco de dados com informações sobre parâmetros genéticos em bubalinos.

Publicação de estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas para as principais características de interesse econômico avaliadas nos bubalinos.

4 HIPÓTESE

A realização de uma meta-análise com a metodologia de efeitos aleatórios produz estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas, que podem ser usadas em programas de melhoramento que estejam em fase inicial de implantação.

5 CAPÍTULO 1 - META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS ECONÔMICAS EM OVINOS¹

Resumo

Estudos muito diversificados estimaram parâmetros genéticos em ovelhas, e estimativas confiáveis que explicam a variação entre os artigos podem ser obtidas por meio de uma meta-análise. Este estudo se propôs a realizar uma meta-análise para obter estimativas de herdabilidade e correlações genéticas para 35 características, incluindo crescimento, reprodução, resistência a parasitas, produção de lã e características relacionadas à carcaça. Um total de 191 artigos, 505 coeficientes de herdabilidade e 356 correlações genéticas foram avaliados usando um modelo aleatório. A meta-análise estimou herdabilidades variando de 0,1213 a 0,3912 para características de crescimento, de 0,0398 a 0,3047 para características reprodutivas, 0,1724 a 0,2582 para características de resistência a nematóides, 0,3616 a 0,5808 para características de lã e de 0,2063 a 0,3299 para características de carcaça. As estimativas das correlações genéticas foram principalmente positivas e variaram de 0,2500 a 0,9665, exceto para ovos por grama de fezes com peso corporal (-0,18) e com hematócrito (-0,48). Os parâmetros genéticos estimados no presente estudo podem ser utilizados em programas de melhoramento nas mais diversificadas condições ambientais, visto que foram obtidos através de diversos estudos em diferentes situações. Assim, esses resultados podem subsidiar o desenvolvimento de programas de melhoramento genético com ovinos, principalmente em países em desenvolvimento e subdesenvolvidos, onde a ovinocultura é uma importante atividade agropecuária.

Palavras-chave: cordeiros, correlação genética, herdabilidade, seleção

¹Artigo publicado na revista Livestock Science em 19/03/2021 (ANEXO C). <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104477>

Abstract

Very diversified studies estimated genetic parameters in sheep, and reliable estimates that account for the variation between articles can be achieved through a meta-analysis. This study proposed to carry out a meta-analysis to obtain estimates of heritability and genetic correlations for 35 traits, including growth, reproductive, resistance to parasites, wool, and carcass related traits. A total of 191 articles, 505 heritability coefficients, and 356 genetic correlations were evaluated using a random model. The meta-analysis estimated heritability ranging from 0.1213 to 0.3912 for growth traits, from 0.0398 to 0.3047 for reproductive traits, 0.1724 to 0.2582 for resistance to nematodes traits, 0.3616 to 0.5808 for wool traits, and from 0.2063 to 0.3299 for carcass traits. The estimates of genetic correlations were mainly positive and ranged from 0.2500 to 0.9665, except for eggs per gram of feces with body weight (-0.18) and with hematocrit (-0.48). The genetic parameters estimated in the present study can be used in breeding programs under the most different environmental conditions, as they were obtained through many studies with different situations. Thus, these results can support the development of sheep breeding programs, especially in developing and underdeveloped countries, where sheep farming is an important agricultural activity.

Keywords: genetic correlation; heritability; lamb; ovine; selection

1. Introdução

Estimativas confiáveis de parâmetros genéticos são relevantes para melhorar a estimação dos valores genéticos (Oliveira et al., 2017). O processo acurado de estimar a herdabilidade e a correlação genética requer um extenso banco de dados. Atualmente, existem grandes conjuntos de dados que são usados em esquemas de seleção para melhorar várias raças em diversas espécies de interesse pecuário. No entanto, os programas de melhoramento genético com um grande conjunto de dados para pequenos ruminantes permanecem restritos a um pequeno número de países. Nas Américas, o Brasil possui o maior rebanho ovino com 19,7 milhões de cabeças em 2019 (FAOSTAT, 2021), mas não há um grande conjunto de dados para uso em esquemas de seleção de ovinos no Brasil. O processo de construção de um grande conjunto de dados para estimar parâmetros genéticos confiáveis leva tempo. Assim, os novos programas de melhoramento

utilizam, inicialmente, estimativas de parâmetros genéticos com baixa precisão em seus esquemas de seleção.

Ao longo dos anos, vários artigos foram publicados com estimativas de parâmetros genéticos para muitas características, incluindo objetivos de seleção, como melhorar o crescimento (Maxa et al., 2007a; Gad e El-Wakil, 2013; Kamjoo et al., 2014), reprodução (Rosati et al., 2002; Boujenane et al., 2013; Nabavi et al., 2014), produção de lã (Gizaw et al., 2007; Gowane et al., 2010), carcaça (Mortimer et al., 2018), e resistência a nematóides (Cloete et al., 2016; Ngere et al., 2018; Notter et al., 2018). Os parâmetros genéticos estimados a partir desses estudos devem ser aplicados de forma restrita à população ovina estudada, uma vez que o uso em outras populações pode superestimar ou subestimar o ganho genético (Gathura et al., 2020). No entanto, é possível agrupar esses diversos estudos usando uma meta-análise (Safari et al., 2005), e as estimativas de parâmetros genéticos produzidas a partir de meta-análises podem ser informações úteis para programas de melhoramento em fase de implementação.

Há uma variabilidade significativa nos parâmetros genéticos estimados nos diferentes estudos, principalmente devido às diferenças genéticas dentro e entre as raças, o número de animais avaliados em cada estudo e os efeitos fixos e aleatórios incluídos no modelo de diferentes estudos (Akanno et al., 2013). Uma meta-análise com efeitos aleatórios pode resolver a heterogeneidade entre os artigos (Dawson et al., 2016) e estimar parâmetros genéticos confiáveis (Akanno et al., 2013). O uso do modelo aleatório na meta-análise produz resultados mais confiáveis do que estudos individuais (Borenstein et al., 2010), além disso, os resultados podem ser generalizados para uma grande população de referência. Assim, estudos anteriores relataram meta-análise de parâmetros genéticos em bovinos de corte (Giannoti et al., 2005; Oliveira et al., 2017; Gathura et al., 2020), suínos (Akanno et al., 2013), caprinos (Jembere et al., 2017) e ovelhas (Safari et al., 2005).

A única meta-análise anterior de parâmetros genéticos em ovinos (Safari et al., 2005) estimou a variância entre os artigos por meio de máxima verossimilhança restrita (REML). Além disso, Safari et al. (2005) utilizaram apenas artigos cujos parâmetros genéticos foram estimados por REML. De acordo com Borenstein et al. (2010), o método DerSimonian e Laird tem a qualidade de ser mais consistente com a heterogeneidade entre os estudos, e aumentar o número de artigos com estimativas baseadas em métodos diferentes, pode tornar os resultados mais abrangentes. Portanto, o presente estudo teve como objetivo realizar uma meta-análise com um modelo de efeito aleatório, utilizando o método DerSimonian e Laird, para combinar diferentes estimativas de

herdabilidade e correlações genéticas publicadas para características de crescimento, reprodução, resistência a nematóides, produção de lã e relacionadas a carcaça.

2. Material e métodos

2.1. Escopo e características fenotípicas

Inicialmente, foi realizada uma busca sistemática da literatura para identificar a quantidade de pesquisas relacionadas à estimativa de parâmetros genéticos em ovinos. A presente meta-análise utilizou 191 artigos publicados entre 1982 e 2021, que gerou 505 estimativas de herdabilidade e 356 correlações genéticas. A metodologia de estimação dos componentes de variância entre os artigos foi variada, compreendendo máxima verossimilhança restrita, análise de meios-irmãos paternos, regressão prole-mãe e estimação bayesiana.

O peso corporal foi medido ao nascimento, ao desmame, aos 4, 6, 9, 12 e 18 meses de idade. Na meta-análise para peso ao desmame, foram utilizados apenas artigos com desmame aos 90 dias de idade. Além disso, foi registrado o ganho de peso médio diário pré e pós-desmame. A característica peso vivo (PV), independentemente da idade, esteve presente apenas em algumas correlações genéticas. Taxa de parição, taxa de sobrevivência até o desmame, número de cordeiros nascidos e desmamados por ovelhas paridas, número de cordeiros nascidos e desmamados por ovelhas expostas, peso total dos cordeiros ao nascimento e desmame e circunferência escrotal foram as características reprodutivas avaliadas. Ovos por grama de fezes, avaliação visual da mucosa ocular pelo método FAMACHA e valor do hematócrito foram as características associadas à resistência aos nematóides. Peso do velo sujo e limpo, rendimento do velo limpo, comprimento da mecha e diâmetro da fibra foram as características relacionadas à produção de lã. A área do olho de lombo, a profundidade do olho de lombo e a espessura da gordura subcutânea foram medidas in vivo através do ultrassom e, após o abate, entre a 12ª e a 13ª costela, a largura do olho de lombo neste mesmo local foi avaliada somente após o abate. Além disso, o peso da carcaça quente e o rendimento de carcaça foram as outras características relacionadas à carcaça também avaliadas. Cada característica teve seu número total de registros calculado somando-se a quantidade indicada em cada artigo individualmente. O valor médio de cada artigo foi utilizado para estimar a média global de cada característica (Tabela 1). Além disso, o desvio padrão e o coeficiente de variação

foram calculados para cada característica, utilizando o respectivo conjunto de médias de cada característica (Tabela 1).

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Crescimento							
Peso vivo ao nascer	PVN	Kg	34	332395	3,83	0,80	22,86
Peso vivo ao desmame	PVD	Kg	21	70545	20,43	6,24	30,56
Peso vivo aos 4 meses	PV4	Kg	11	139654	26,37	9,66	36,64
Peso vivo aos 6 meses	PV6	Kg	26	70400	25,19	7,91	31,40
Peso vivo aos 9 meses	PV9	Kg	15	47563	29,55	9,92	33,58
Peso vivo aos 12 meses	PV12	Kg	26	114194	38,32	16,28	42,47
Peso vivo aos 18 meses	PV18	Kg	5	41828	44,79	13,35	29,82
Ganho diário pré-desmame	pré-GMD	g/dia	14	37103	174,41	55,11	31,60
Ganho diário pós-desmame	pós-GMD	g/dia	12	22938	75,63	31,62	41,81
Reprodução							
Taxa de parição	TP	%	14	76481	84,65	9,17	10,84
Sobrevivência até o desmame	SBD	%	16	309851	83,72	5,32	6,35
Cordeiro nascido / ovelha parida	CNOP	Uni	26	357214	1,43	0,37	26,17
Cordeiro desmamado / ovelha parida	CDOP	Uni	19	158599	1,12	0,32	28,72
Cordeiro nascido / ovelha exposta	CNOE	Uni	12	116524	1,36	0,30	22,55
Cordeiro desmamado / ovelha exposta	CDOE	Uni	13	122568	1,10	0,24	21,82
Peso total de cordeiros nascidos	PTCN	Kg	16	91875	4,94	1,17	23,78
Peso total de cordeiros desmamados	PTCD	Kg	16	88959	25,48	6,94	27,23
Circunferência escrotal	CE	cm	12	16628	27,57	5,81	21,08
Resistência a nematóides							
Ovos por grama de fezes	OPG	ovos/g	37	231231	1107,7	1041,54	94,02
Famacha	FAM	Uni	11	57481	1,72	0,59	34,69
Hematócrito	HCT	%	16	23703	28,34	3,33	11,75
Produção de lã							
Peso do velo sujo	PVS	Kg	14	192571	4,01	1,51	37,81
Peso do velo limpo	PVL	Kg	10	102507	2,96	0,69	23,50
Rendimento do velo limpo	RVL	%	6	16609	71,27	3,63	5,10
Comprimento da mecha	CM	mm	14	69183	85,77	12,63	14,72
Diâmetro da fibra	DF	µm	10	127147	20,13	1,30	6,49
Carcaça							
Área do olho de lombo ultrassom	AOLUS	cm ²	7	14230	9,73	1,32	13,62
Profundidade do olho de lombo ultrassom	POLUS	mm	17	227226	25,17	2,84	11,28
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	EGSUS	mm	21	234173	3,09	1,07	34,88
Peso de carcaça quente	PCQ	Kg	13	58583	19,22	3,10	16,17
Rendimento de carcaça	RC	%	6	28084	44,76	5,30	11,84
Área do olho de lombo carcaça	AOLC	cm ²	6	21855	12,86	3,07	23,90
Profundidade do olho de lombo carcaça	POLC	mm	8	34092	28,08	1,30	4,64
Largura do olho de lombo carcaça	LOLC	mm	6	17128	58,26	4,65	7,99
Espessura de gordura subcutânea carcaça	EGSC	mm	11	54964	9,12	5,46	59,48

2.2. Registro dos dados e análises

A compilação dos artigos gerou uma base de dados composta pelas seguintes informações: autor, ano de publicação, local onde a população animal foi criada, tipo de criação, raça, época de

coleta de dados, metodologia de estimação de componentes de variância, o modelo usado, os efeitos fixos e aleatórios incluídos no modelo. A meta-análise foi realizada para herdabilidade direta e correlações genéticas. O erro padrão dessas estimativas, o número de registros fenotípicos, a média fenotípica, o desvio padrão e o coeficiente de variação para cada característica também foram incluídos no banco de dados. Quando dois ou mais artigos estimaram os mesmos parâmetros genéticos com a mesma população e método, escolhemos apenas o artigo mais recente para incluir na meta-análise. Para artigos que não apresentaram erro padrão, um valor aproximado para erro padrão foi calculado usando o método da variância combinada (Sutton et al., 2000). Este método usa a seguinte equação:

$$SE_{ij} = \left[\left(\frac{\sum_{k=1}^K s_{ik}^2 n_{ik}^2}{\sum_{k=1}^K n_{ik}} \right) / n'_{ij} \right]^{1/2}$$

Onde: SE_{ij} é o erro-padrão aproximado do parâmetro para a i° característica no j° artigo sem erro-padrão publicado, s_{ik} é o erro-padrão da estimativa do parâmetro para a i° característica no k° artigo, n_{ik} é o número de registros usados para estimar o parâmetro para a i° característica no k° artigo. s_{ik} e n_{ik} foram encontrados nos artigos com erro padrão publicados, enquanto n'_{ij} é o número de registros usados para estimar o parâmetro para a i° característica no j° artigo, que não apresentava erro-padrão da estimativa.

2.3. Controle de qualidade

Um número mínimo de artigos é necessário para garantir que a meta-análise de cada parâmetro da característica tenha confiabilidade e para evitar estimativas viesadas. Esta premissa foi avaliada usando o erro padrão relativo (RSE) de acordo com Zarkovich (1979) usando a equação:

$$RSE_i(\%) = \left(\frac{\left(\frac{s_i}{(n)^{1/2}} \right)}{\mu_i} \right) \times 100$$

Onde: s_i é o desvio-padrão da estimativa do parâmetro para a i° característica, n é o número de estimativas utilizadas para a i° característica, e μ_i é a média das estimativas do parâmetro para a i° característica. Estimativas de parâmetros com $RSE > 25\%$ foram excluídos da meta-análise,

pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais.

As análises de cada característica foram submetidas à verificação de viés de publicação (efeito de pequenos estudos) através do teste do método de correlação de postos de Begg (Begg and Mazumdar, 1994; Schwarzer et al., 2015), este teste é baseado na correlação entre o efeito padronizado e a variância dentro do estudo que utiliza a seguinte fórmula:

$$z = \frac{x - y}{\sqrt{K(K - 1)(2K + 5)/18}}$$

Onde: x é o número de pares de estudos com efeito padronizado e variâncias na mesma ordem, y é o número de pares de estudos com efeitos e variâncias em ordens opostas, e K é o número de estudos envolvidos na meta-análise. A estatística z é distribuída de acordo com uma distribuição normal sob a hipótese nula que não há viés na meta-análise.

2.4. Teste de heterogeneidade

As estimativas dos parâmetros encontrados nos artigos também foram submetidas a um teste de heterogeneidade, ou seja, uma hipótese nula de que a estimativa do parâmetro seria a mesma em todos os estudos ($H_0: \theta_1 = \theta_2 = \theta_3 = \dots = \theta_j$) contra H_1 , onde pelo menos uma das estimativas difere das outras testadas. O índice proposto por Higgins et al. (2003), chamado I^2 , descreve a variação total entre os estudos devido à heterogeneidade ao invés do acaso. Este índice é calculado da seguinte forma:

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

Onde: Q é o resultado do teste Q de Cochran (Cochran, 1954), que tem uma distribuição qui-quadrada aproximada com (j - 1) graus de liberdade (df), e j é o número de artigos usados na meta-análise. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizada como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente (Higgins et al., 2003).

2.5. Meta-análise e estimação dos efeitos combinados

Qualquer meta-análise é baseada em dois pressupostos básicos: independência e distribuição normal das estimativas cujos valores serão combinados. A utilização de diferentes

estudos, com populações oriundas de diferentes rebanhos e locais distintos, garante a independência das estimativas. Avaliamos a normalidade da distribuição usando o teste de Shapiro-Wilk, e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada.

A meta-análise foi realizada usando o pacote meta do programa R (Schwarzer et al., 2015), que usou o modelo de efeitos aleatórios para cada característica, demonstrado por $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j + e_j$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j, com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. Para calcular o efeito combinado das estimativas dos parâmetros de cada estudo, é necessário ponderar os valores individuais.

No método utilizado nesta pesquisa, o peso (w_j) foi o inverso da variância, que no modelo aleatório é composto pela variância residual dentro de cada estudo v_j ($v_j = \frac{\sigma_e^2}{n}$), adicionado a τ^2 , sendo $w_j = \frac{1}{(v_j + \tau^2)}$. Este método garante que mais peso seja atribuído a estimativas mais precisas, com menor erro padrão e menos peso para aquelas com menor precisão. O método utilizado pelo pacote para estimar o τ^2 é o DerSimonian-Laird, que sempre é consistente com o teste de heterogeneidade (Borenstein et al., 2010). O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{(\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j)}{\sum_{k=1}^k w_j}$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j, $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, e w_j é o peso do efeito de cada artigo.

O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1.96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^j w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, SE_{θ} é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

3. Resultados

3.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade

Um RSE inferior a 25% foi encontrado tanto para as herdabilidades (Tabela 2) quanto para as correlações genéticas (Tabela 3), demonstrando que as estimativas individuais utilizadas no presente estudo, embora heterogêneas, não apresentam discordância exacerbada.

Tabela 2 - Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %).

Característica	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Crescimento				
Peso vivo ao nascer	0,1651	0,1397 - 0,1906	86,7	8,70
Peso vivo ao desmame	0,1513	0,1179 - 0,1846	84,8	10,00
Peso vivo aos 4 meses	0,1766	0,1408 - 0,2123	58,0	13,24
Peso vivo aos 6 meses	0,1951	0,1588 - 0,2315	76	7,17
Peso vivo aos 9 meses	0,1667	0,1362 - 0,1973	0	7,61
Peso vivo aos 12 meses	0,2403	0,2013 - 0,2793	72,5	8,38
Peso vivo aos 18 meses	0,3912	0,3362 - 0,4462	20,7	8,97
Ganho diário pré-desmame	0,1557	0,1080 - 0,2033	85,1	15,17
Ganho diário pós-desmame	0,1213	0,0838 - 0,1589	59,2	15,40
Reprodução				
Taxa de parição	0,0399	0,0234 - 0,0564	72,2	18,52
Sobrevivência até o desmame	0,0398	0,0205 - 0,0590	94,1	22,32
Cordeiro nascido / ovelha parida	0,0746	0,0631 - 0,0861	73,2	10,88
Cordeiro desmamado / ovelha parida	0,0472	0,0303 - 0,0641	76,2	17,90
Cordeiro nascido / ovelha exposta	0,0788	0,0634 - 0,0943	84,7	10,29
Cordeiro desmamado / ovelha exposta	0,0473	0,0344 - 0,0601	65,6	12,30
Peso total de cordeiros nascidos	0,0914	0,0458 - 0,1370	93,9	18,07
Peso total de cordeiros desmamados	0,0995	0,0644 - 0,1346	85,9	16,68
Circunferência escrotal	0,3047	0,2472 - 0,3621	46,5	13,92
Resistência a nematóides				
Ovos por grama de fezes	0,1724	0,1513 - 0,1936	74,4	6,60
Famacha	0,2582	0,1933 - 0,3231	87,7	12,13
Hematócrito	0,2170	0,1724 - 0,2615	54,4	9,01
Produção de lã				
Peso do velo sujo	0,4826	0,4394 - 0,5259	90,9	6,51
Peso do velo limpo	0,3616	0,2961 - 0,4272	78,1	10,01
Rendimento do velo limpo	0,5436	0,4432 - 0,6441	84,4	10,38
Comprimento da mecha	0,4874	0,4143 - 0,5604	94,5	9,03
Diâmetro da fibra	0,5808	0,4896 - 0,6721	86,6	6,94
Carcaça				
Área do olho de lombo ultrassom	0,2063	0,1273 - 0,2853	72,1	14,15
Profundidade do olho de lombo ultrassom	0,2970	0,2715 - 0,3225	71,6	6,41
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	0,2594	0,2199 - 0,2989	91,0	9,33
Peso de carcaça quente	0,2601	0,2116 - 0,3087	70,7	10,11
Rendimento de carcaça	0,2523	0,2128 - 0,2918	0	7,44
Área do olho de lombo carcaça	0,3086	0,2386 - 0,3786	65,5	9,92
Profundidade do olho de lombo carcaça	0,2561	0,2143 - 0,2978	43,5	11,72
Largura do olho de lombo carcaça	0,3299	0,2237 - 0,4362	83,5	19,80
Espessura de gordura subcutânea carcaça	0,3144	0,2569 - 0,3718	78,7	9,88

Os valores de RSE para estimativas de herdabilidade variaram de 6,51 (peso do velo sujo) a 22,32 (taxa de sobrevivência até o desmame). A média dos valores de RSE para as características de crescimento, reprodução, resistência a nematóides, produção de lã e relacionadas à carcaça

foram 10,5, 15,7, 9,2, 8,6 e 11, respectivamente. O RSE para as correlações genéticas na Tabela 3 variaram de 1,60 (CNOP x CDOP) a 24,03 (OPG x PV). No entanto, algumas correlações genéticas, como (TP x CNOP), não foram incluídas na Tabela 3 porque RSE apresentou valores elevados (RSE > 25%). Todas as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas presentes nas Tabelas 2 e 3 não apresentaram indícios de viés de publicação ou efeito de pequenos estudos, evidenciado pelos resultados dos testes de Begg (ANEXO A).

Tabela 3 - Número de artigos (n), correlações genéticas (rg), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I²%) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (RSE%).

Características	n	r _g	IC 95%	I ² %	RSE %
PVN x PVD	21	0,5669	0,4179 - 0,7159	94,5	8,02
PVN x PV4	5	0,5485	0,5196 - 0,5775	64,9	4,13
PVN x PV6	14	0,5303	0,3958 - 0,6647	85,2	11,24
PVN x PV9	10	0,4538	0,2486 - 0,6591	91,2	16,82
PVN x PV12	15	0,4979	0,3918 - 0,6040	81,8	10,85
PVD x PV6	13	0,9009	0,8551 - 0,9467	62,5	2,93
PVD x PV9	9	0,6742	0,5619 - 0,7864	71,2	9,23
PVD x PV12	13	0,7093	0,6137 - 0,8050	76,3	7,16
PV6 x PV9	9	0,8508	0,7735 - 0,9282	82,2	8,62
PV6 x PV12	10	0,7970	0,6919 - 0,9021	87,4	7,64
PV9 x PV12	9	0,8466	0,7726 - 0,9207	91,0	8,48
PVN x pré-GMD	11	0,4343	0,3046 - 0,5639	39,4	15,74
PVD x pré-GMD	11	0,9665	0,9367 - 0,9963	73,5	7,40
PVD x pós-GMD	8	0,4171	0,2494 - 0,5847	76,4	22,92
PV6 x pré-GMD	8	0,7241	0,5921 - 0,8561	59,7	11,85
PV6 x pós-GMD	7	0,5960	0,3858 - 0,8062	88,9	16,32
PV9 x pré-GMD	3	0,6530	0,4412 - 0,8648	60,7	20,38
PV12 x pré-GMD	4	0,6054	0,4054 - 0,8055	67,4	19,91
PV12 x pós-GMD	3	0,7949	0,6710 - 0,9188	93,8	7,33
pré-GMD x pós-GMD	8	0,3822	0,2400 - 0,5244	50,9	22,62
CNOP x CDOP	9	0,9318	0,8840 - 0,9796	31,2	1,60
CNOP x PTCN	12	0,7611	0,6710 - 0,8511	0	4,11
CNOP x PTCN	11	0,7889	0,6118 - 0,9661	84,6	6,95
CDOP x PTCN	12	0,5959	0,4347 - 0,7571	36,1	16,73
CDOP x PTCN	12	0,6854	0,4879 - 0,8828	87,8	10,28
PTCN x PTCN	13	0,6784	0,4773 - 0,8796	85	11,28
PVS x PVN	8	0,2626	0,1426 - 0,3826	0	17,74
PVS x PVD	4	0,4699	0,3406 - 0,5991	0	22,97
PVS x PV12	5	0,3189	0,2641 - 0,3737	0	19,12
PVS x CM	6	0,5094	0,4023 - 0,6165	73,2	19,41
OPG x PV	19	-0,1871	-0,2689 - -0,1054	99,9	24,03
OPG x FAM	5	0,6967	0,5580 - 0,8354	31,3	17,42
OPG x HCT	9	-0,4805	-0,6836 - -0,2675	66,6	18,02
POLUS x PV	8	0,5109	0,3881 - 0,6338	96,7	10,04
EGSUS x PV	9	0,3738	0,3012 - 0,4464	79,7	23,13
POLUS x PCQ	4	0,5844	0,3122 - 0,8565	83,0	20,58
POLUS x EGSUS	7	0,2500	0,2210 - 0,2791	0	12,24
POLUS x POLC	3	0,8078	0,7241 - 0,8915	0	3,59
POLUS x AOLC	3	0,6727	0,5704 - 0,7750	0,9	12,79
EGSUS x EGSC	6	0,6807	0,5014 - 0,8600	87,8	14,17

O I^2 para estimativas de herdabilidade variou de 0 a 94,5 (Tabela 2), enquanto I^2 para correlações genéticas variou de 0 a 99,9 (Tabela 3). A média de I^2 para as características de crescimento, reprodução, resistência a nematóides, produção de lã e relacionadas à carcaça foram 60,3, 76,9, 72,2, 86,9 e 64,1, respectivamente. A herdabilidade estimada para o comprimento da mecha de lã apresentou o maior I^2 , enquanto um I^2 igual a zero foi encontrado quando a h^2 foi estimada tanto para o peso corporal aos nove meses quanto para rendimento de carcaça. Dentre as correlações genéticas, OPG x PV apresentou o maior I^2 , e I^2 igual a zero foi encontrado para as correlações genéticas CNOP x PTCN, PVS x PVN, PVS x PVD, PVS x PV12, POLUS x EGSUS e POLUS x POLC.

3.2 Herdabilidades

A distribuição normal foi encontrada para todas as estimativas de herdabilidade (teste de Shapiro-Wilk $p \geq 0,05$) (ANEXO A) ou foram normalizadas após a exclusão dos outliers. As estimativas de herdabilidade combinadas e o intervalo de confiança a 95% são mostrados na Tabela 2. Para características de crescimento, a meta-análise estimou a herdabilidade variando de 0,1213 (ganho diário pós-desmame) a 0,3912 (peso vivo aos dezoito meses). Entre as características de crescimento, apenas os pesos corporais aos 12 e 18 meses de idade apresentaram valores superiores a 0,20, enquanto as demais características apresentaram valores menores de h^2 . Para características reprodutivas, os valores de h^2 variaram de 0,0398 (taxa de sobrevivência até o desmame) a 0,3047 (circunferência escrotal), mas apenas a h^2 para circunferência escrotal apresentou valor superior a 0,20, enquanto os outros h^2 foram menores que 0,10. Entre as características relacionadas à resistência a nematóides, h^2 variou de 0,1724 (ovos por grama de fezes) a 0,2582 (escore Famacha), e apenas a característica ovos por grama de fezes apresentou $h^2 < 0,20$. As características de produção de lã foram as que apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade, com valores variando de 0,3616 (peso do velo limpo) a 0,5808 (diâmetro da fibra). Entre as características de carcaça, as estimativas de h^2 também foram superiores a 0,20, mas neste caso os valores variaram de 0,2063 (área do olho de lombo por ultrassom) a 0,3299 (largura do olho de lombo na carcaça).

3.3. Correlações genéticas

As estimativas de correlação também tiveram distribuição normal verificada pelo teste de Shapiro-Wilk ($p \geq 0,05$) (ANEXO A). As correlações genéticas que apresentaram RSE <25% podem ser encontradas na Tabela 3. A maioria das correlações foi positiva e variou de 0,2500 (POLUS x EGSUS) a 0,9665 (PVD x pré-GMD). Apenas as correlações genéticas OPG x PV (-0,18) e OPG x HCT (-0,48) foram negativas. Algumas correlações genéticas entre as características de crescimento foram superiores a 0,90, como (PVD x PV6) e (PVD x pré-GMD), o que indica um controle genético semelhante para essas características. As estimativas de correlação genética entre as características reprodutivas também foram altas e positivas, com o valor mais expressivo encontrado para CNOP x CDOP (0,9318). Dentre as características de resistência a nematóides, foi possível estimar a correlação genética entre OPG e FAM (0,6967) e OPG x HCT (-0,4805), que apresentaram valores moderados. Entre as características de carcaça, a correlação genética variou de 0,2500 (POLUS x EGSUS) a 0,8078 POLUS x POLC, o que indica uma relação pobre entre profundidade do olho de lombo e espessura da gordura subcutânea e uma forte associação genética entre as medidas de profundidade do olho de lombo registradas por ultrassom ou carcaça.

4. Discussão

4.1. Controle de qualidade e heterogeneidade

Uma meta-análise é uma avaliação quantitativa dos resultados publicados em outros estudos coletados e reunidos para produzir um valor combinado (Dawson et al., 2016). Aqui, estimamos a herdabilidade e a correlação genética usando as estimativas dos diferentes artigos, que foram derivadas de diversas populações, raças, modelos e metodologias. Nesse contexto, o controle de qualidade e o estudo da heterogeneidade entre os artigos são essenciais (Oliveira et al., 2017). Um alto RSE indica que as estimativas de diferentes artigos variam amplamente. No entanto, os valores de RSE encontrados na presente meta-análise (Tabelas 2 e 3) apresentaram variação aceitável e reforçam o uso do modelo aleatório para estimar os efeitos combinados (Oliveira et al., 2017). Além disso, os valores de I^2 variaram de moderado a alto, mas para algumas estimativas de parâmetros, não houve heterogeneidade. Resultados semelhantes foram relatados em outras meta-análises com diferentes espécies pecuárias (Giannotti et al., 2005; Akanno et al., 2013; Diaz et al.,

2014; Oliveira et al., 2017; Gathura et al., 2020). Essa heterogeneidade também justifica o uso do modelo aleatório para contabilizar a variação entre os estudos (Akanno et al., 2013).

Apesar das estimativas dos parâmetros genéticos utilizados na meta-análise terem sido estimados em populações com diversos tamanhos, esta discrepância não influenciou nos efeitos individuais e nem provocou viés nas estimativas combinadas, evidenciando a ausência de viés de publicação ou efeitos de pequenos estudos. A não significância no teste de Begg para as médias ponderadas encontradas para as herdabilidades e correlações (ANEXO A) indica que os efeitos de estudos com erros-padrão pequenos não diferem dos efeitos dos estudos menos precisos (Begg and Mazumdar, 1994).

4.2. Herdabilidades

Os parâmetros genéticos são propriedade da população em que foram estimados (Koots e Gibson, 1996). No entanto, os novos programas de melhoramento, inicialmente têm um banco de dados insuficiente porque um pequeno número de criadores participa desses programas. Assim, a estimativa de parâmetros de um pequeno conjunto de dados deve ser usada com cautela (Muasya et al., 2013). De acordo com Jembere et al. (2017), parâmetros genéticos estimados em outras populações podem ser usados para iniciar um programa de avaliação genética ou até que tenham um banco de dados adequado. Nesse contexto, as estimativas de parâmetros genéticos obtidas por meio de uma meta-análise com um modelo de efeito aleatório mostram-se confiáveis (Borenstein et al., 2010). Aqui relatamos estimativas de parâmetros genéticos para várias características de interesse em sistemas de produção de ovinos, que podem ser de grande utilidade para programas de seleção genética que estão iniciando suas atividades de coleta de dados.

As características de crescimento mostraram herdabilidade baixa a moderada, o que sugere que os esquemas de seleção irão melhorar o crescimento dos ovinos em longo ou médio prazo. As herdabilidades estimadas para características de peso corporal aumentaram do nascimento até a idade adulta, corroborando uma meta-análise anterior com ovinos (Safari et al., 2005). O incremento da herdabilidade direta à medida que os cordeiros se tornam independentes da mãe ocorre porque, em idades mais precoces, há uma grande influência do efeito materno, que é uma consequência das diferenças no ambiente uterino, produção de leite e habilidade materna

(Kushwaha et al., 2009). Além disso, alguns estudos demonstraram que o efeito materno diminui com o crescimento (Abegaz et al., 2002).

As estimativas de herdabilidade para características reprodutivas foram baixas, exceto para circunferência escrotal. Características relacionadas à reprodução são conhecidas por serem significativamente influenciadas pelos efeitos ambientais (Chimonyo et al., 2008). Uma grande fração de variância ambiental para características reprodutivas, como número de cordeiros nascidos por ovelha parida e peso total dos cordeiros ao nascimento, foi relatada anteriormente em ovelhas (Vatankhah e Talebi, 2008), sugerindo que estes podem estar sob ação expressiva do efeito ambiental permanente. A taxa de sobrevivência até o desmame apresentou a menor estimativa de herdabilidade, enquanto o maior valor foi encontrado para o peso total dos cordeiros ao desmame. Portanto, no presente estudo, o valor de herdabilidade indicou o peso total dos cordeiros ao desmame como o critério de seleção mais eficiente para avaliar a produtividade total das ovelhas.

De acordo com Ekiz et al. (2005), aumentar as taxas reprodutivas por meio de seleção baseada em características medidas nas fêmeas pode resultar em baixo ganho genético devido à pequena herdabilidade. Nesse contexto, o uso de características geneticamente correlacionadas com herdabilidade moderada a alta pode ser uma alternativa. A mensuração da circunferência escrotal é um importante critério de seleção em machos para melhorar a capacidade de reprodução em ovelhas (Kiya et al., 2019). No presente estudo, a herdabilidade para circunferência escrotal (0,3047) foi a maior estimativa entre todas as características reprodutivas, o que a caracteriza como um excelente critério de seleção para melhorar o desempenho reprodutivo em ovinos.

Para as características relacionadas à resistência aos nematóides foram estimadas herdabilidades moderadas, o que indica um potencial ganho genético por seleção em médio prazo. Estudos anteriores estimaram a herdabilidade para ovos por grama de fezes, usando várias condições ambientais, como tipos de infecção, número de larvas infectantes e idade dos animais. Apesar disso, o pequeno intervalo de confiança (0,1513 - 0,1936) para a herdabilidade na presente meta-análise com 37 artigos mostra a precisão representativa para esta estimativa.

A avaliação da mucosa ocular, denominada método FAMACHA, apresentou uma herdabilidade estimada superior às demais características relacionadas à resistência a nematóides. Os 11 estudos analisados estimaram esse parâmetro nas mais diversas condições, fazendo com que o resultado do presente estudo possa ser extrapolado para diferentes regiões, raças e tipos de manejo. O hematócrito é outro critério de seleção essencial para resistência aos nematóides

(Sarmiento et al., 2020), pois o principal parasita na ovinocultura é o *Haemonchus contortus*, de hábito alimentar hematófago (Zajac e Garza, 2020). Segundo Bishop (2012), a resposta à seleção artificial contra nematóides já foi demonstrada em ovinos, o que mostra a importância da estimativa de parâmetros genéticos para características associadas a esse objetivo de seleção. A herdabilidade encontrada na atual meta-análise para o hematócrito corrobora essa ideia e indica um potencial ganho genético por seleção em médio prazo.

As características relacionadas à produção de lã apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade entre todas as características avaliadas no presente estudo. Portanto, o genótipo animal é o principal fator determinante para a variação dessas características, e o ganho genético por seleção pode ser alcançado em curto prazo. Esses resultados também sugerem que a seleção massal pode ser usada para essas variáveis (Gowane et al., 2010). A maior estimativa de herdabilidade para características relacionadas à produção de lã foi encontrada para o diâmetro da fibra, que tem uma associação importante com a qualidade da lã. Além disso, a segunda maior herdabilidade foi encontrada para o rendimento do velo limpo, sendo, portanto, um critério de seleção significativo para melhorar a produção quantitativa de lã.

O melhoramento das características de carcaça é de extrema importância para a produção de carne ovina, e as características relacionadas à carcaça analisadas no presente estudo apresentaram herdabilidade moderada (Tabela 2). Esses valores de h^2 indicam que o ganho genético para características de carcaça pode ser alcançado em médio prazo por meio de esquemas de seleção. A h^2 para EGSC e AOLC foi ligeiramente maior do que h^2 para EGSUS e AOLUS, respectivamente. Esses resultados corroboram os estudos anteriores de Fogarty (1995) e Safari et al. (2005) e indicaram que uma avaliação direta da carcaça dessas características poderia ser um melhor critério de seleção para a seleção de ovinos. Apesar dessas diferenças, as herdabilidades estimadas diretamente na carcaça foram próximas aos valores encontrados para as características avaliadas através da ultrassonografia. Considerando que o ultrassom propicia uma escolha mais precoce dos animais com alto mérito genético para a produção de carne magra (Mortimer et al., 2014), as imagens de ultrassom são um critério útil para melhorar a produção de carne ovina.

4.3. Correlações genéticas

A correlação genética mede a força de associação entre os valores genéticos de duas características. Sua principal importância está no processo de seleção indireta, no qual a resposta em uma variável influenciará a outra, seja positiva ou negativamente (Falconer e Mackay, 1997; Bourdon, 2014). As correlações genéticas entre as características de crescimento apresentaram valores positivos e elevados, exceto para a correlação genética entre os ganhos médios diários pré e pós-desmame (0,38). As estimativas de correlação do peso ao nascer e do peso ao desmame com outras características mostraram uma tendência a diminuir com a idade, pois essas duas características sofrem a ação do efeito materno. Nota-se que as correlações genéticas foram maiores para idades adjacentes e, neste caso, aumentam nas idades mais avançadas, PVN x PVD (0,56) enquanto PV9 x PV12 (0,84). Resultados semelhantes foram relatados por Jembere et al. (2017), que explicaram que genes que controlam características em idades adjacentes são mais semelhantes do que aqueles responsáveis por variáveis em idades distantes devido aos mecanismos de ativação e desativação de genes que ocorrem ao longo do tempo. PVD x PV6 apresentou a maior correlação genética, demonstrando que essas duas características são essencialmente controladas pelos mesmos genes (Gathura et al., 2020). Com base nas estimativas encontradas nesta meta-análise, a seleção para essas variáveis de crescimento pode ser feita no desmame ou aos seis meses, porque essas foram as características que apresentaram altas correlações com a maioria das outras médias combinadas.

Os valores encontrados para as correlações genéticas entre as características da reprodução foram elevados para todos os pares avaliados, o que mostra a proximidade genética entre eles. Esses dados inferem que a seleção para aumentar o número de cordeiros pode aumentar o peso dos cordeiros, semelhante aos resultados relatados por Afolayan et al. (2008). O valor médio ponderado da correlação entre PTCN x PTCO sugere que o aumento no peso total dos cordeiros está sob a influência dos mesmos genes que controlam a produção de leite e a habilidade materna no período pré-desmame. Essa informação também foi relatada em estudos anteriores, como visto em Mohammadabadi e Sattayimokhtari (2013) e Eteqadi et al. (2017).

Os valores registrados por este estudo envolvendo o peso do velo e o peso corporal indicam que essas características estão sob o efeito dos mesmos fatores genéticos e que a seleção para o peso produzirá uma resposta correlacionada no peso do velo sujo (Hanford et al., 2002; Gowane et al., 2010). Essas correlações podem servir de base para um índice de seleção em raças exploradas para a produção de lã ou simplesmente prever o ganho genético por meio da seleção indireta. Por

exemplo, o PVS e CM foram correlacionados positivamente, o que significa que selecionar para aumentar o peso do velo sujo aumentaria indiretamente o comprimento da mecha (Hanford et al., 2003).

A seleção de animais resistentes aos nematódeos gastrointestinais é baseada principalmente na contagem de ovos por grama de fezes, FAMACHA e hematócrito (Bishop, 2012). A alta correlação genética entre OPG x FAM é extremamente útil, pois a avaliação da mucosa ocular é um método fácil que requer apenas um operador treinado e o cartão FAMACHA (Van-Wyk e Bath, 2002). As médias estimadas para essas correlações indicam que selecionar para o baixo OPG resultaria em menores escores do FAMACHA, ligado a animais com maior volume globular, ou seja, animais mais resistentes aos nematóides (Berton et al., 2019). A seleção de animais mais resistentes às infecções por nematóides gastrointestinais indiretamente produzirá animais com maior peso corporal devido à correlação genética negativa entre OPG x PV.

Avaliações de carcaças por meio de imagens de ultrassom são essenciais para a geração de informações que serão incluídas nos programas de avaliação genética, e têm a vantagem de serem de custo relativamente baixo (Maxa et al., 2007b). Portanto, a estimação de correlações genéticas entre características ultrassonográficas e características de carcaça avaliadas após o abate é essencial. Aqui encontramos uma correlação genética moderada a alta entre as medições in vivo e pós-abate. A correlação entre POLUS e POLC foi a maior, mostrando que a seleção para maior musculatura no lombo pode ser realizada mais precocemente por ultrassom. Além disso, as correlações genéticas moderadas entre avaliações ultrassonográficas e peso corporal corroboraram com o estudo anterior de Brown e Swan (2016) e reforçam a necessidade de incluir características de carcaça nos índices de seleção.

As correlações positivas entre EGSUS x POLUS e EGSUS x PV são consideradas indesejadas devido ao aumento da gordura na carcaça através da seleção para peso e carne magra (Brito et al., 2017). No entanto, observou-se que as estimativas de correlação genética entre POLUS com PV e PCQ foram maiores que as anteriores, o que refletiria o ganho mais significativo de carne magra na seleção para peso em relação ao ganho de gordura.

5. Conclusão

Foi possível encontrar estimativas confiáveis de herdabilidade e correlações genéticas para diversos critérios de seleção relacionados ao objetivo de melhorar o crescimento, reprodução, resistência a nematóides, produção de lã e carcaça, por meio de meta-análise em modelo aleatório. Este trabalho também mostrou que estudos de melhoramento animal de ovinos para estimação de parâmetros genéticos ainda carecem de padronização, tendo em vista o alto grau de heterogeneidade encontrado. As estimativas geradas indicam que as características estudadas possuem variabilidade genética e podem ser melhoradas via seleção. Os parâmetros aqui estimados podem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, tendo em vista a grande diversificação dos artigos utilizados para sua estimação.

6. Referências

- Abegaz, S., Negussie, E., Duguma, G., Rege, J.E.O., 2002. Genetic parameter estimates for growth traits in Horro sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 119, 35–45. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00309.x>.
- Afolayan, R.A., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., Ingham, V.M., Gaunt, G.M., Cummins, L.J., 2008. Genetic correlations between reproduction of crossbred ewes and the growth and carcass performance of their progeny. *Small Rumin. Res.* 80, 73–79. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2008.10.001>.
- Akanno, E.C., Schenkel, F.S., Quinton, V.M., Friendship, R.M., Robinson, J.A.B., 2013. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth, and carcass traits of pigs in the tropics. *Livest. Sci.* 152, 101–113. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.07.021>.
- Berton, M.P., Silva, R.P., Carvalho, F.E., Chiaia, H.L.J., Oliveira, P.S., Eler, J.P., Banchemo, G., Ferraz, J.B.S., Baldi, F., 2019. Genetic parameter estimates for gastrointestinal nematode parasite resistance and maternal efficiency indicator traits in Santa Inês breed. *J. Anim. Breed. Genet.* 136, 495–504. <https://doi.org/10.1111/jbg.12424>.
- Bishop, S.C., 2012. Possibilities to breed for resistance to nematode parasite infections in small ruminants in tropical production systems. *Animal.* 6, 741–747. <https://doi.org/10.1017/S1751731111000681>.

- Borenstein, M., Hedges, L. V., Higgins, J.P.T., Rothstein, H.R., 2010. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. *Res. Synth. Methods.* 1, 97–111. <https://doi.org/10.1002/jrsm.12>.
- Boujenane, I., Chikhi, A., Sylla, M., Ibelbachyr, M., 2013. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D'man ewes. *Small Rumin. Res.* 113, 40–46. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2013.02.009>.
- Bourdon, R.M., 2014. *Understanding Animal Breeding*, Second. ed. Pearson Education Limited, Edinburg.
- Brito, L.F., McEwan, J.C., Miller, S., Bain, W., Lee, M., Dodds, K., Newman, S.A., Pickering, N., Schenkel, F.S., Clarke, S., 2017. Genetic parameters for various growth, carcass and meat quality traits in a New Zealand sheep population. *Small Rumin. Res.* 154, 81–91. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.07.011>.
- Brown, D.J., Swan, A.A., 2016. Genetic importance of fat and eye muscle depth in Merino breeding programs. *Anim. Prod. Sci.* 56, 690–697. <https://doi.org/10.1071/AN14645>.
- Chimonyo, M., Dzama, K., Bhebhe, E., 2008. Genetic determination of mothering ability and piglet growth in indigenous Mukota sows of Zimbabwe. *Livest. Sci.* 113, 74–80. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.02.014>.
- Cloete, S.W.P., Mpetile, Z., Dzama, K., 2016. Genetic parameters involving subjective FAMACHA© scores and faecal worm egg counts on two farms in the Mediterranean region of South Africa. *Small Rumin. Res.* 145, 33–43. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.10.021>.
- Cochran, W.G. 1954. The Combination of Estimates from Different Experiments. *Biometrics*, 10, 101–129.
- Dawson, D. V., Pihlstrom, B.L., Blanchette, D.R., 2016. Understanding and evaluating meta-analysis. *J. Am. Dent. Assoc.* 147, 264–270. <https://doi.org/10.1016/j.adaj.2015.10.023>.
- Ekiz, B., Özcan, M., Yilmaz, A., Ceyhan, A., 2005. Estimates of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Turkish Merino (Karacabey Merino) sheep. *Turkish J. Vet. Anim. Sci.* 29, 557–564.
- Eteqadi, B., Hossein-Zadeh, N.G., Shadparvar, A.A., 2017. Genetic Analysis of Basic and Composite Reproduction Traits in Guilan Sheep. *Ann. Anim. Sci.* 17, 105–116. <https://doi.org/10.1515/aoas-2016-0016>.

- FAO, 2021. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT statistical database. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QL> (accessed 08 March 2021).
- Fogarty, N.M., 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. *Anim. Breed. Abstr.* 63, 101–143.
- Gad, S.M.A., El-Wakil, S.I., 2013. Estimates of genetic parameters of early growth traits of Barki sheep of Egypt. *J. Anim. Poult. Prod.* 4, 783-789. <https://doi.org/10.9790/2380-0356973>.
- Gathura, D.M., Muasya, T.K., Kahi, A.K., 2020. Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. *Livest. Sci.* 242, 104306. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104306>.
- Gizaw, S., Lemma, S., Komen, H., Van Arendonk, J.A.M., 2007. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. *Small Rumin. Res.* 70, 145–153. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2006.02.007>.
- Gowane, G.R., Chopra, A., Prakash, V., Arora, A.L., 2010. Estimates of (co)variance components and genetic parameters for body weights and first greasy fleece weight in Malpura sheep. *Livest. Sci.* 131, 94–101. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.03.006>.
- Hanford, K.J., Van Vleck, L.D., Snowden, G.D., 2003. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 81, 630–640. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2005.11.002>.
- Hanford, K.J., Van Vleck, L.D., Snowden, G.D., 2002. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. *J. Anim. Sci.* 80, 3086–3098. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2005.11.002>.
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G., 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. *Br. Med. J.* 327, 557–560. <https://doi.org/10.1136/bmj.327.7414.557>.
- Giannotti, J.D.G., Packer, I.U., Mercadante M.E.Z., 2005. Meta-Análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. *R. Bras. Zootec.* 34, 1173–1180.
- Jembere, T., Dessie, T., Rischkowsky, B., Kebede, K., Mwai, A.O., Haile, A., 2017. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Rumin. Res.* 153, 71-80. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.04.024>.

- Kamjoo, B., Baneh, H., Yousefi, V., Mandal, A., Rahimi, G., 2014. Genetic parameter estimates for growth traits in Iran-Black sheep. *J. Appl. Anim. Res.* 42, 79–88. <https://doi.org/10.1080/09712119.2013.822806>.
- Kiya, C.K., Pedrosa, V.B., Muniz, K.F.A., Gusmão, A.L., Pinto, L.F.B., 2019. Estimates of the genetic parameters of a Dorper flock in Brazil. *Small Rumin. Res.* 171, 57–62. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.12.007>.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., 1996. Realized sampling variances of estimates of genetic parameters. *Genetics* 143, 1409–1416.
- Kushwaha, B.P., Mandal, A., Arora, A.L., Kumar, R., Kumar, S., Notter, D.R., 2009. Direct and maternal (co)variance components and heritability estimates for body weights in Chokla sheep. *J. Anim. Breed. Genet.* 126, 278–287. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00771.x>.
- Maxa, J., Norberg, E., Berg, P., Pedersen, J., 2007a. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. *Small Rumin. Res.* 68, 312–317. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2005.12.001>.
- Maxa, J., Norberg, E., Berg, P., Pedersen, J., 2007b. Genetic parameters for carcass traits and in vivo measured muscle and fat depth in Danish Texel and Shropshire. *Acta Agric. Scand. A Anim. Sci.* 57, 49–54. <https://doi.org/10.1080/09064700701440439>.
- Mohammadabadi, M.R., Sattayimokhtari, R., 2013. Estimation of (co) variance components of ewe productivity traits in Kermani wheel. *Slovak J. Anim. Sci.* 46, 45–51.
- Mortimer, S.I., Fogarty, N.M., Van Der Werf, J.H.J., Brown, D.J., Swan, A.A., Jacob, R.H., Geesink, G.H., Hopkins, D.L., Hocking Edwards, J.E., Ponnampalam, E.N., Warner, R.D., Pearce, K.L., Pethick, D.W., 2018. Genetic correlations between meat quality traits and growth and carcass traits in Merino sheep. *J. Anim. Sci.* 96, 3582–3598. <https://doi.org/10.1093/jas/sky232/5035014>.
- Mortimer, S.I., Swan, A.A., Brown, D.J., Van Der Werf, J.H.J., 2014. Genetic Parameters Revisited for Ultrasound Scanning Traits in Australian Sheep. *Proceedings, 10th World Congr. Genet. Appl. to Livest. Prod.*
- Muasya, T.K., Peters, K.J., Kahi, A.K., 2013. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. *Anim. Genet. Resour.* 52, 127–137. <https://doi.org/10.1017/s2078633613000039>

- Nabavi, R., Alijani, S., Taghizadeh, A., Rafat, S.A., Bohlouli, M., 2014. Genetic study of reproductive traits in Iranian native Ghezel sheep using Bayesian approach. *Small Rumin. Res.* 120, 189–195. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.05.008>.
- Ngere, L., Burke, J.M., Morgan, J.L.M., Miller, J.E., Notter, D.R., 2018. Genetic parameters for fecal egg counts and their relationship with body weights in Katahdin lambs. *J. Anim. Sci.* 96, 1590–1599. <https://doi.org/10.1093/jas/sky064>.
- Notter, D.R., Ngere, L., Burke, J.M., Miller, J.E., Morgan, J.L.M., 2018. Genetic parameters for ewe reproductive performance and peri-parturient fecal egg counts and their genetic relationships with lamb body weights and fecal egg counts in Katahdin sheep. *J. Anim. Sci.* 96, 1579–1589. <https://doi.org/10.1093/jas/sky100>.
- Oliveira, H.R., Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Siqueira, O.H.G.B.D., Silva, F.F., 2017. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Anim. Prod. Sci.* 58, 1575–1583. <https://doi.org/10.1071/AN16712>.
- Rosati, A., Mousa, E., Van Vleck, L.D., Young, L.D., 2002. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. *Small Rumin. Res.* 43, 65–74. [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(01\)00256-5](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(01)00256-5).
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livest. Prod. Sci.* 92, 271–289. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.09.003>.
- Sarmiento, J.L.R., Rodrigues, F.N., Leal, T.M., Araújo, A.M., Figueiredo Filho, L.A.S., 2020. Genetic parameters for worm resistance in Santa Inês sheep using the Bayesian animal model. *Anim Biosci.* 34, 185–191. <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0634>
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rücker, G. 2015. *Meta- Analysis with R*. New York: Springer. 266p.
- Sutton, 2000. Book Review: *Methods for meta-analysis in medical research*. *Stat. Methods Med. Res.* 14, 319–320. <https://doi.org/10.1191/0962280205sm401xx>.
- Van-Wyk, J.A., Bath, G.F., 2002. The FAMACHA system for managing haemonchosis in sheep and goats by clinically identifying individual animals for treatment. *Vet. Res.* 33, 509–529. <https://doi.org/10.1051/vetres>.

- Vatankhah, M., Talebi, M.A., 2008. Heritability estimates and correlations between production and reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep in Iran. *South African J. Anim. Sci.* 38, 110–118.
- Zajac, A.M., Garza, J., 2020. Biology, Epidemiology, and Control of Gastrointestinal Nematodes of Small Ruminants. *Vet. Clin. North Am. - Food Anim. Pract.* 36, 73–87. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2019.12.005>.
- Zarkovich, S., 1979. Stability of variance patterns. *J. Indian Soc. Agric. Stat.* 31, 23-48.

6 CAPÍTULO 2 - META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS ECONÔMICAS EM BUBALINOS¹

Resumo

Estimativas confiáveis de parâmetros genéticos para características econômicas em bubalinos podem ser alcançadas através de uma meta-análise que reúna diversos estudos e contabilize a variação que exista entre eles. Este trabalho objetivou realizar uma meta-análise de 27 características, incluindo crescimento, reprodução, produção de leite, qualidade do leite e resistência à mastite, para obter estimativas de herdabilidades e correlações genéticas. Foi utilizado o modelo com efeitos aleatórios na meta-análise, que contou com 117 artigos, 387 coeficientes de herdabilidade e 297 correlações genéticas. As médias ponderadas das herdabilidades se estenderam de 0,2344 até 0,3811 para as características de crescimento, de 0,1134 até 0,2069 para as reprodutivas, de 0,1058 até 0,3130 para as de produção de leite, e de 0,1651 até 0,2751 para as características de qualidade do leite, e foi 0,2075 para resistência a mastite medida pelo escore de células somáticas. A maioria das correlações genéticas foram positivas, variando entre 0,1342 e 0,9884, algumas correlações foram negativas, tal como esperado para produção de leite x percentual de gordura e produção de leite x percentual de proteína. A amplitude das correlações negativas foi de -0,2669 até -0,1028. Por terem sido obtidas através da combinação de muitos estudos, realizados em diversos ambientes, com raças e metodologias diferentes, as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas nesta meta-análise podem ser usadas em programas de melhoramento sob diferentes condições. Essas estimativas são agora uma opção para populações que ainda não possuem um controle de dados que permita estimar de forma acurada os parâmetros aqui analisados.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, ruminante, seleção

¹ Artigo publicado na revista Livestock Science em 06/07/2021 (ANEXO D). <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104614>.

Abstract

Reliable estimates of genetic parameters for economic traits in buffaloes can be achieved through a meta-analysis that brings together several studies and accounts for the variation among them. This study aimed to perform a meta-analysis for 27 traits, including growth, reproduction, milk production and quality, and mastitis resistance, to estimate both heritability and genetic correlation parameters. The model with random effects was used in the meta-analysis, including 117 articles, 387 heritability coefficients, and 287 genetic correlations. The weighted averages of heritabilities ranged from 0.2344 to 0.3811 for growth traits, 0.1134 to 0.2069 for reproductive traits, 0.1058 to 0.3130 for milk production traits, and from 0.1651 to 0.2751 for milk quality traits, and was 0.2075 for resistance to mastitis measure by somatic cell score. Most genetic correlations were positive, ranging from 0.1342 to 0.9884, but some correlations were negative such as expected between milk yield x fat percentage and milk yield x protein percentage. The range of negative correlations was -0.2669 to -0.1028. The estimates of the genetic parameters obtained in this meta-analysis can be used in breeding programs under different conditions, mainly, because they were obtained through the combination of many studies, carried out in different environments, with different breeds and methodologies. These genetic parameters are now an option for use in populations that do not yet have data control that allows to accurately estimate the parameters analyzed here.

Keywords: genetic correlation; heritability; ruminant; selection

1. Introdução

O cálculo da resposta à seleção e o correto delineamento dos programas de melhoramento genético são extremamente dependentes de estimativas de herdabilidade e correlações genéticas com boa acurácia (Jiménez, 2019). Grandes bancos de dados contendo várias gerações de indivíduos são essenciais para a acurácia da estimação dos parâmetros (Akanno et al., 2013). Por outro lado, diversos países apresentam dificuldades em formar grandes banco de dados, devido aos custos envolvidos e encontram-se em fase inicial do desenvolvimento de programas de melhoramento de bubalinos. De acordo com a FAOSTATS (2021), existiam em 2019 cerca de 200 milhões de búfalos no mundo, com apenas 1% nas Américas. O Brasil, por exemplo, possuía

aproximadamente 1,4 milhões de animais, mas ainda carece de grandes bancos para avaliação genética. Os programas de melhoramento destes locais podem estar utilizando parâmetros genéticos estimados com baixa acurácia.

Apesar da dificuldade na coleta de dados, nas últimas décadas, diversos artigos têm sido publicados com valores estimados dos parâmetros genéticos para várias características de interesse econômico na bubalinocultura. Estes incluem objetivos de seleção como crescimento (Agudelo-Gómez et al., 2015), reprodução (Parmar et al., 2019), produção e qualidade do leite (Jakhar et al., 2017) e resistência a mastite (El-Awady et al., 2016). Fatores de ordem genética como a raça dos animais e o nível de seleção da população, fatores ambientais como o manejo e diferenças na abordagem metodológicas são alguns dos responsáveis pela existência de variabilidade entre os parâmetros estimados em cada estudo (Oliveira et al., 2017). Essas estimativas são, portanto, específicas para as populações nas quais foram estimadas. A utilização destes parâmetros em outras populações pode superestimar ou subestimar a resposta à seleção, levando a consequências negativas e prejudicando o progresso genético (Akanno et al., 2013; Gathura et al., 2020).

Uma única e mais precisa estimativa através da combinação das diversas estimativas pode ser encontrada via meta-análise e o uso do modelo com efeitos aleatórios possibilita superar o problema da heterogeneidade entre os artigos por considerar a variância existente entre eles na estimação da média combinada (Dawson et al., 2016), sendo possível extrapolar os resultados para uma grande população de referência. Deste modo, podendo usá-los em programas de melhoramento iniciais ou na avaliação de populações sem parâmetros estimados (Borenstein et al., 2010).

Estudos anteriores já publicaram meta-análises de parâmetros genéticos para outras espécies pecuárias, em gado de corte (Gathura et al., 2020; Oliveira et al., 2017), em bovinos leiteiros (Zerehdaran et al., 2020), em suínos (Akanno et al., 2013), em galinhas (Ndung et al., 2020), em ovinos (Medrado et al., 2021) e em caprinos (Jembere et al., 2017). Entretanto, meta-análises com bubalinos não foram reportadas previamente. Desta forma, o presente estudo objetivou realizar uma meta-análise com modelo de efeito aleatório combinando diferentes estimativas publicadas de herdabilidade e correlações genéticas pra características de crescimento, reprodução, produção e qualidade do leite, além de resistência a mastite em búfalos.

2. Material e métodos

2.1. Escopo e características fenotípicas

Inicialmente, uma busca sistemática da literatura foi realizada para identificar a quantidade de pesquisas relacionadas à estimativa de parâmetros genéticos em búfalos. A presente meta-análise utilizou 117 artigos publicados entre 1978 e 2020, realizados em 14 países (Brasil, Colômbia, Cuba, Egito, Filipinas, Índia, Itália, Malásia, Nepal, Paquistão, Romênia, Síria e Tailândia), e que utilizaram diversas raças para gerar 387 estimativas de herdabilidade e 287 correlações genéticas. A metodologia de estimação dos componentes de variância entre os artigos foi variada, compreendendo máxima verossimilhança restrita, análise de meios-irmãos paternos, regressão prole-mãe e estimação bayesiana.

As características relacionadas ao crescimento foram, peso vivo ao nascimento, aos 3, 7, 12, 18, 24 e 36 meses de idade. Idade e peso ao primeiro parto, primeiro intervalo entre partos (dias entre o primeiro e segundo parto), intervalo entre partos (dias entre partos consecutivos de diferentes ordens) e período de serviço foram as características reprodutivas avaliadas. Dentre as características de produção de leite foram avaliadas duração da lactação (usando lactações de diferentes ordens), duração da primeira lactação (apenas para a primeira lactação), duração do período seco, produção de leite no pico de lactação, produção de leite na primeira lactação, produção de leite ajustada para 270 e 305 dias, produção de leite na lactação sem ajuste (lactação total).

As características qualitativas do leite foram produção de gordura, proteína e lactose, percentual de gordura e proteína, produção de queijo *mozzarella*. Contagem de células somáticas, representada pelo escore de células somáticas (Ali and Shook, 1980), que é considerada uma característica sanitária, foi a característica relacionada a resistência a mastite. A variável produção de leite (PL), independentemente do tempo de lactação, foi utilizada para as correlações genéticas. Cada característica teve seu número total de registros calculado somando-se a quantidade indicada em cada artigo individualmente. O valor médio de cada artigo foi utilizado para estimar a média global de cada característica (Tabela 1). Além disso, o desvio padrão e o coeficiente de variação foram calculados para cada característica, utilizando o respectivo conjunto de médias de cada característica (Tabela 1).

Tabela 1 - Abreviação (Abr), unidade de medida, número de artigos (Art), tamanho amostral (N), média, desvio padrão (DP) e coeficiente de variação (CV %) para cada característica.

Característica	Abr	Uni	Art	N	Média	DP	CV %
Crescimento							
Peso vivo ao nascimento	PVN	Kg	25	60601	33,68	2,94	8,72
Peso vivo aos 3 meses de idade	PV3	Kg	12	32339	80,23	16,08	20,05
Peso vivo aos 7 meses de idade	PV7	Kg	9	69871	199,36	25,83	12,96
Peso vivo aos 12 meses de idade	PV12	Kg	16	35352	209,77	57,19	27,26
Peso vivo aos 18 meses de idade	PV18	Kg	6	18148	278,61	37,60	13,49
Peso vivo aos 24 meses de idade	PV24	Kg	8	9045	327,21	55,10	16,84
Peso vivo aos 36 meses de idade	PV36	Kg	5	3154	398,90	64,83	16,25
Reprodução							
Idade ao primeiro parto	IPP	Dias	27	78440	1262,81	196,35	15,54
Peso vivo ao primeiro parto	PPP	Kg	6	8754	473,49	40,40	8,53
Intervalo entre partos	IP	Dias	13	113525	449,13	40,91	9,10
Primeiro intervalo entre partos	PIP	Dias	18	38213	518,21	61,21	11,81
Período de serviço	PS	Dias	15	27886	173,25	38,75	22,36
Produção de leite							
Duração da lactação	DL	Dias	19	130900	253,73	42,17	16,62
Duração da primeira lactação	DPL	Dias	13	27260	271,72	48,56	17,87
Período seco	PSC	Dias	12	22987	224,51	84,31	37,55
Produção de leite no pico da lactação	PLPI	Kg	8	12098	10,06	0,10	0,99
Produção de leite na primeira lactação	PLPL	Kg	30	108175	1615,90	396,39	24,53
Produção de leite na lactação total	PLLT	Kg	23	50972	1677,59	426,96	25,45
Produção de leite ajustado para 270 dias	PL270	Kg	15	81429	1619,33	428,61	26,46
Produção de leite ajustado para 305 dias	PL305	Kg	27	221189	1742,45	278,46	15,98
Qualidade do leite							
Produção de gordura no leite	PG	Kg	20	45295	121,75	33,02	27,12
Produção de proteína no leite	PP	Kg	15	34973	75,56	17,52	23,19
Produção de lactose no leite	PLAC	Kg	4	16592	102,66	22,33	21,75
Percentual de gordura no leite	GOR%	%	17	52891	6,76	0,69	10,26
Percentual de proteína no leite	PTN%	%	13	37878	4,21	0,21	5,11
Produção de queijo mozzarella	PQM	Kg	4	15628	414,49	160,94	38,83
Resistência a mastite							
Escore de células somáticas	ECS	unit	7	14619	3,64	1,46	40,30

2.2. Registro dos dados e análises

A compilação dos artigos gerou uma base de dados composta pelas seguintes informações: autor, ano de publicação, local de criação dos animais, tipo de criação, raça, período de coleta de dados, metodologia de estimação dos componentes de variância, modelo utilizado, efeitos fixos e aleatórios incluídos no modelo. A meta-análise foi realizada para herdabilidade direta e correlações genéticas. O erro padrão dessas estimativas, o número de registros fenotípicos, a média fenotípica, o desvio padrão e o coeficiente de variação para cada característica também foram incluídos no banco de dados. Quando dois ou mais artigos estimaram os mesmos parâmetros genéticos com a mesma população e método, escolhemos apenas o artigo mais recente para incluir na meta-análise.

Para artigos que não apresentaram erro padrão, um valor aproximado para erro padrão foi calculado usando o método de variância combinada (Sutton et al., 2000). Este método usa a seguinte equação:

$$SE_{ij} = \left[\left(\frac{\sum_{k=1}^K s_{ik}^2 n_{ik}^2}{\sum_{k=1}^k n_{ik}} \right) / n'_{ij} \right]^{1/2}$$

Onde: SE_{ij} é o erro-padrão aproximado do parâmetro para a i° característica no j° artigo sem erro-padrão publicado, s_{ik} é o erro-padrão da estimativa do parâmetro para a i° característica no k° artigo, n_{ik} é o número de registros usados para estimar o parâmetro para a i° característica no k° artigo. s_{ik} e n_{ik} foram encontrados nos artigos com erro padrão publicados, enquanto n'_{ij} é o número de registros usados para estimar o parâmetro para a i° característica no j° artigo, que não apresentava erro-padrão da estimativa.

2.3. Controle de qualidade

Um número mínimo de artigos é necessário para garantir que a meta-análise de cada parâmetro da característica tenha confiabilidade e para evitar estimativas viesadas. Esta premissa foi avaliada usando o erro padrão relativo (RSE) de acordo com Zarkovich (1979) usando a equação:

$$RSE_i(\%) = \left(\frac{\left(\frac{s_i}{(n)^{1/2}} \right)}{\mu_i} \right) \times 100$$

Onde: s_i é o desvio-padrão da estimativa do parâmetro para a i° característica, n é o número de estimativas utilizadas para a i° característica, e μ_i é a média das estimativas do parâmetro para a i° característica. Estimativas de parâmetros com $RSE > 25\%$ foram excluídos da meta-análise, pois o RSE acima desse valor é uma indicação de que o parâmetro estimado estava sujeito a alto erro de amostragem e discrepância exacerbada entre os valores individuais.

As análises de cada característica foram submetidas à verificação de viés de publicação (efeito de pequenos estudos) através do teste do método de correlação de postos de Begg (Begg and Mazumdar, 1994; Schwarzer et al., 2015), este teste é baseado na correlação entre o efeito padronizado e a variância dentro do estudo que utiliza a seguinte fórmula:

$$z = \frac{x - y}{\sqrt{K(K - 1)(2K + 5)/18}}$$

Onde: x é o número de pares de estudos com efeito padronizado e variâncias na mesma ordem, y é o número de pares de estudos com efeitos e variâncias em ordens opostas, e K é o número de estudos envolvidos na meta-análise. A estatística z é distribuída de acordo com uma distribuição normal sob a hipótese nula que não há viés na meta-análise.

2.4. Teste de heterogeneidade

As estimativas dos parâmetros encontrados nos artigos também foram submetidas a um teste de heterogeneidade, ou seja, uma hipótese nula de que a estimativa real do parâmetro seria a mesma em todos os estudos ($H_0: \theta_1 = \theta_2 = \theta_3 = \dots = \theta_j$) contra H_1 , onde pelo menos uma das estimativas difere das outras testadas. O índice proposto por Higgins et al. (2003), chamado I^2 , descreve a variação total entre os estudos devido à heterogeneidade ao invés do acaso. Este índice é calculado da seguinte forma:

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

Onde: Q é o resultado do teste Q de Cochran (Cochran, 1954), que tem uma distribuição qui-quadrada aproximada com $(j - 1)$ graus de liberdade (df), e j é o número de artigos usados na meta-análise. O percentual de heterogeneidade quantificada pelo I^2 pode ser categorizada como baixo, moderado e alto se os valores forem 25%, 50% e 75% respectivamente (Higgins et al., 2003).

2.5. Meta-análise e estimação dos efeitos combinados

Qualquer meta-análise é baseada em dois pressupostos básicos: independência e distribuição normal das estimativas cujos valores serão combinados. A utilização de diferentes estudos, com populações oriundas de diferentes rebanhos e locais distintos, garante a independência das estimativas. Avaliamos a normalidade da distribuição usando o teste de Shapiro-Wilk, e quando as estimativas dos parâmetros tinham uma distribuição não normal, um boxplot foi gerado e os outliers foram removidos do conjunto de dados até que a normalidade fosse alcançada.

A meta-análise foi realizada usando o pacote `meta` do programa R (Schwarzer et al., 2015), que usou o modelo de efeitos aleatórios para cada característica, demonstrado por $\hat{\theta}_j = \bar{\theta} + u_j +$

e_j , onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, u_j é o componente entre os estudos do desvio da média, com $u_j \sim N(0, \tau^2)$, a quantidade de heterogeneidade entre os estudos é representada pelo τ^2 , enquanto e_j é o componente de desvio da média dentro de cada artigo j , com $e_j \sim N(0, \sigma_e^2)$. Para calcular o efeito combinado das estimativas dos parâmetros de cada estudo, é necessário ponderar os valores individuais.

No método utilizado nesta pesquisa, o peso (w_j) foi o inverso da variância, que no modelo aleatório é composto pela variância residual dentro de cada estudo v_j ($v_j = \frac{\sigma_e^2}{n}$), adicionado a τ^2 , sendo $w_j = \frac{1}{(v_j + \tau^2)}$. Este método garante que mais peso seja atribuído a estimativas mais precisas, com menor erro padrão e menos peso para aquelas com menor precisão. O método utilizado pelo pacote para estimar o τ^2 é o DerSimonian-Laird, que sempre é consistente com o teste de heterogeneidade (Borenstein et al., 2010). O efeito combinado dos estudos foi calculado usando a seguinte equação: $\bar{\theta} = \frac{(\sum_{k=1}^k w_j \hat{\theta}_j)}{\sum_{k=1}^k w_j}$, onde $\hat{\theta}_j$ é a estimativa publicada do parâmetro no artigo j , $\bar{\theta}$ é a média ponderada do parâmetro na população, e w_j é o peso do efeito de cada artigo.

O intervalo de confiança a 95% da média ponderada da estimativa do parâmetro foi determinado usando a equação: $IC\ 95\% = \bar{\theta} \pm (1.96 \times SE_{\bar{\theta}})$; $SE_{\bar{\theta}} = \left[\frac{1}{\sum_{j=1}^J w_j} \right]^{1/2}$, neste caso, $SE_{\bar{\theta}}$ é o erro padrão da média ponderada do parâmetro na população.

3. Resultados

3.1. Controle de qualidade e Heterogeneidade

As estimativas de herdabilidade e correlações genéticas que apresentaram RSE menor que 25% estão demonstradas na Tabela 2 e na Tabela 3 respectivamente. Embora aparentem algum grau de variabilidade, as estimativas utilizadas na meta-análise não demonstraram discrepância exacerbada. Os valores de RSE para as estimativas de herdabilidade se estenderam entre 5,59 (produção de leite em 305 dias) até 23,42 (período de serviço).

Tabela 2 - Herdabilidade combinada (h^2), intervalo de confiança 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios e erros-padrão relativos (RSE %).

Característica	Abr	h^2	IC 95%	I^2 %	RSE %
Crescimento					
Peso vivo ao nascimento	PVN	0,2345	0,1726 - 0,2963	82,9	11,94
Peso vivo aos 3 meses de idade	PV3	0,2344	0,1833 - 0,2856	14,9	14,00
Peso vivo aos 7 meses de idade	PV7	0,3216	0,2490 - 0,3943	87,2	13,04
Peso vivo aos 12 meses de idade	PV12	0,3513	0,2657 - 0,4368	76	13,33
Peso vivo aos 18 meses de idade	PV18	0,3811	0,2293 - 0,5330	75,9	21,12
Peso vivo aos 24 meses de idade	PV24	0,2926	0,2276 - 0,3575	0	11,19
Peso vivo aos 36 meses de idade	PV36	0,3764	0,1407 - 0,6121	0	13,14
Reprodução					
Idade ao primeiro parto	IPP	0,2069	0,1717 - 0,2422	74	9,94
Peso vivo ao primeiro parto	PPP	0,1962	0,1289 - 0,2634	76,7	22,08
Intervalo entre partos	IP	0,1403	0,0987 - 0,1819	47,6	15,58
Primeiro intervalo entre partos	PIP	0,1159	0,0812 - 0,1505	31,3	12,30
Período de serviço	PS	0,1134	0,0631 - 0,1637	55,1	23,42
Produção de leite					
Duração da lactação	DL	0,1170	0,0968 - 0,1372	34,9	10,31
Duração da primeira lactação	DPL	0,1230	0,0960 - 0,1500	18,9	12,32
Período seco	PSC	0,1058	0,0623 - 0,1493	38,2	15,87
Produção de leite no pico da lactação	PLPI	0,3130	0,1928 - 0,4331	66,1	16,54
Produção de leite na primeira lactação	PLPL	0,2094	0,1644 - 0,2543	75,9	9,39
Produção de leite na lactação total	PLLT	0,2773	0,1971 - 0,3575	93,5	9,53
Produção de leite ajustado para 270 dias	PL270	0,2156	0,1763 - 0,2549	52,3	11,14
Produção de leite ajustado para 305 dias	PL305	0,2045	0,1786 - 0,2304	84,2	5,59
Qualidade do leite					
Produção de gordura no leite	PG	0,1651	0,1266 - 0,2035	73,7	8,83
Produção de proteína no leite	PP	0,1804	0,1470 - 0,2138	70,6	7,89
Produção de lactose no leite	PLAC	0,2096	0,0972 - 0,3220	0	11,37
Percentual de gordura no leite	GOR%	0,2249	0,1763 - 0,2734	64,9	13,22
Percentual de proteína no leite	PTN%	0,2751	0,2066 - 0,3435	78,9	12,38
Produção de queijo mozzarella	PQM	0,1868	0,1237 - 0,2500	81,2	14,89
Resistência à mastite					
Escore de células somáticas	ECS	0,2075	0,1433 - 0,2717	79,1	13,11

Os valores médios de RSE dentro de cada categoria de característica foram 13,96, 16,66, 11,33 e 11,42 para crescimento, reprodução, produção de leite e qualidade do leite respectivamente. As correlações genéticas apresentaram RSE com maior amplitude, variando entre 0,88 (PVN x IPP) até 24,08 (PP x PTN%). Algumas estimativas de correlações entre algumas características apresentaram RSE maior que 25% e não foram submetidas à meta-análise, a exemplo de PV3 x PL, GOR% x ECS e GOR% x PQM. Todas as estimativas de herdabilidade e correlações genéticas presentes nas Tabelas 2 e 3 não apresentaram indícios de viés de publicação ou efeito de pequenos estudos, evidenciado pelos resultados dos testes de Begg (ANEXO B).

O valor de I^2 para as estimativas de herdabilidade estendeu-se de 0 a 93,5 (Tabela 2), para as correlações genéticas este valor variou entre 0 e 99,1 (Tabela 3). O índice de heterogeneidade médio para características de crescimento, reprodução, produção de leite e qualidade do leite foram

respectivamente 48,12, 56,94, 58,0 e 61,55. Três características apresentaram $I^2=0$, peso aos 24 e aos 36 meses, além de produção de lactose, enquanto o maior valor encontrado foi para produção de leite total da lactação. Oito estimativas de correlações genéticas apresentaram I^2 acima dos 90%, sendo o maior valor encontrado para período seco x período de serviço (99,1%). Algumas correlações apresentaram valor do índice de heterogeneidade igual a zero, entre elas estão PVN x IPP, PVN x DL, IPP x DL, PG x ECS, DL x PSC e PL x PS.

Tabela 3 - Número de artigos (n), correlações genéticas (rg), intervalo de confiança a 95% (IC 95%), índice de heterogeneidade (I^2 %) estimados através da meta-análise com efeitos aleatórios erro-padrão relativo (RSE%).

Características	n	r_g	IC 95%	I^2 %	RSE %
PVN x PV3	11	0,4317	0,1862 - 0,6771	66,6	19,88
PVN x PV12	9	0,3726	0,2144 - 0,5307	45,6	17,19
PV3 x PV12	6	0,7237	0,5267 - 0,9207	82,8	9,87
PV12 x PV24	5	0,6577	0,5291 - 0,7862	54,8	11,36
PVN x IPP	5	0,9884	0,8993 - 1,0000	0	0,88
PVN x PL	4	0,6863	0,4483 - 0,9243	87,7	13,32
PVN x DL	3	0,8462	0,5020 - 1,0000	0	5,90
DL x IPP	11	0,1750	0,0720 - 0,2780	0	18,11
DL x IP	13	0,5549	0,4034 - 0,7064	82,6	13,88
DL x PSC	6	0,2891	0,2696 - 0,3086	0	19,96
DL x PS	9	0,5982	0,4292 - 0,7672	74,5	16,00
IPP x IP	9	0,1785	-0,1139 - 0,4710	68,0	23,70
IP x PSC	8	0,6734	0,4987 - 0,8482	77,7	13,57
IP x PS	11	0,7159	0,6228 - 0,8050	94,6	12,85
PSC x PS	9	0,4887	0,2741 - 0,7033	99,1	13,87
PLLT x DL	10	0,7655	0,6613 - 0,8696	69,5	6,42
PL x DL	23	0,7003	0,6271 - 0,7735	50,2	5,41
PL x PLPI	3	0,7918	0,6730 - 0,9106	63,2	8,06
PL x IPP	18	0,1342	0,0129 - 0,2555	39,1	23,84
PL x PSC	9	-0,2669	-0,5195 - -0,0142	98,3	23,45
PL x IP	21	0,2388	0,0768 - 0,4007	95	22,06
PL x PS	7	0,2392	0,2198 - 0,2586	0	16,06
PL x GOR%	12	-0,2103	-0,3069 - -0,1138	95,1	17,59
PL x PG	8	0,8544	0,7802 - 0,9287	79,8	4,67
PL x PQM	3	0,9487	0,9301 - 0,9673	95,1	2,51
PL x PTN%	9	-0,1967	-0,2489 - -0,1444	45,4	15,55
PL x PP	7	0,9290	0,9045 - 0,9536	8,1	1,53
PL x ECS	6	-0,1997	-0,2881 - -0,1113	40,7	23,76
PG x GOR%	4	0,4016	0,3787 - 0,4245	30,3	12,04
PG x ECS	4	-0,1365	-0,3130 - 0,0401	0	18,16
PP x ECS	4	-0,1028	-0,2741 - -0,0685	52,8	23,02
GOR% x PTN%	9	0,3210	0,2152 - 0,4268	88,1	14,14
PP x PG	8	0,6921	0,5152 - 0,8690	93,3	13,50
PP x PTN%	3	0,5260	0,3759 - 0,6761	95,1	24,08

3.2. Herdabilidades

Todas as estimativas de herdabilidade apresentaram distribuição normal (teste de Shapiro-Wilk $p \geq 0,05$), ou foram normalizadas após a retirada dos valores discrepantes (ANEXO B). Na Tabela 2 podem ser encontradas as herdabilidades combinadas e os intervalos de confiança a 95%. As estimativas obtidas pela meta-análise apresentaram-se de baixa a moderada, demonstrando que ganhos genéticos podem ser alcançados nestas características estudadas, pois as diferenças entre indivíduos é em algum grau atribuída ao efeito médio dos genes (Aspilcueta-Borquis et al., 2015). Estas variaram entre 0,2344 (PV3) até 0,3811 (PV18) para as características de crescimento. Para as características reprodutivas as estimativas médias variaram entre 0,1134 (período de serviço) até 0,2069 (idade ao primeiro parto), sendo esta última, a única estimativa acima de 0,2. As estimativas para características de produção de leite apresentaram amplitude entre 0,1058 (período seco) até 0,3130 (produção de leite no pico de lactação), com as cinco características associadas ao peso de leite apresentando herdabilidades moderadas, e as três características relacionadas ao tempo de lactação apresentando herdabilidades baixas. Herdabilidades baixas e moderadas foram encontradas para as características de qualidade do leite, variando entre 0,1651 (produção de gordura) até 0,2751 (percentual de proteína), além da primeira citada, outras duas características apresentaram valor inferior a 0,2, produção de proteína e produção de queijo *mozzarella*. A única característica (ECS) associada a resistência à mastite apresentou estimativa de herdabilidade moderada.

3.3. Correlações genéticas

As estimativas de correlações genéticas utilizadas na meta-análise também apresentaram distribuição normal no teste de Shapiro-Wilk ($p \geq 0,05$) (ANEXO B). As médias ponderadas das correlações genéticas e seus intervalos de confiança a 95% estão dispostas na Tabela 3. A maior parte das estimativas foram positivas, e se estenderam entre 0,1342 (produção de leite x idade ao primeiro parto) até 0,9884 para peso ao nascer x idade ao primeiro parto. Correlações genéticas negativas foram estimadas para algumas correlações entre elas PL x PTN%, PL x GOR% e PL x ECS. Valores de correlação genética acima de 0,9 indicam um controle genético similar entre o par de características. Alguns pares apresentaram este alto valor, PVN x IPP, PL x PQM e PL x PP. Todas as correlações entre as características de produção de leite foram altas e positivas, exceto para correlação genética entre produção de leite x período seco (-0,2669). Entre as características

reprodutivas, as correlações foram todas positivas e altas, havendo apenas uma com valor baixo (IPP x IP). Todas as correlações envolvendo a característica produção de leite com as variáveis reprodutivas foram positivas, entretanto pouca relação foi evidenciada entre PL x IPP (0,1342).

4. Discussão

4.1. Controle de qualidade e heterogeneidade

A principal função de uma meta-análise é estimar, dentro de uma população, um efeito de determinada variável, baseando-se na combinação de efeitos retirados de diferentes estudos (Dawson et al., 2016). A meta-análise desenvolvida neste trabalho utilizou estimativas de herdabilidade e correlações genéticas encontradas em diversos artigos, os quais utilizaram populações distintas, metodologias diferentes e que foram conduzidos em ambientes desiguais. Desta forma, o controle de qualidade e o teste de heterogeneidade são importantes para garantir a confiabilidade das estimativas encontradas, além de fundamental para a escolha do modelo a ser utilizado (Borenstein et al., 2010). Um RSE acima de 25% indica que as estimativas da literatura são discordantes e não devem ser utilizadas. Por outro lado, os valores de erro padrão relativo demonstrados nas Tabelas 2 e 3 estão dentro de um limite aceitável de variação entre os artigos e justificam a utilização do modelo aleatório na meta-análise (Oliveira et al., 2017).

Apesar dos mais variados tamanhos populacionais entre os artigos utilizados, esta discrepância não influenciou nos efeitos individuais e nem provocou viés nas estimativas combinadas, excluindo a possibilidade de viés de publicação ou efeitos de pequenos estudos. A ausência de significância no teste de Begg para as médias ponderadas encontradas para as herdabilidades e correlações (ANEXO B) indica que os efeitos de estudos com erros-padrão pequenos não diferem dos efeitos dos estudos menos precisos (Begg and Mazumdar, 1994).

A meta-análise com um modelo de efeitos aleatórios é a mais adequada em se tratando de estimativas combinadas para parâmetros genéticos no campo do melhoramento animal (Diaz et al., 2014). Um dos fatores que justifica o uso deste modelo é a heterogeneidade entre os estudos e a contabilização desta variação na estimação das médias. Como foi demonstrado nas Tabelas 2 e 3, valores baixos, moderados e altos de I^2 foram encontrados neste trabalho, corroborando com

algumas meta-análises com outras espécies pecuárias que apresentaram resultados semelhantes para o teste de heterogeneidade (Akanno et al., 2013; Diaz et al., 2014; Oliveira et al., 2017) .

A possibilidade de inferir as estimativas encontradas na meta-análise para a população em geral é outro ponto crucial que torna o modelo aleatório o mais propício para as meta-análises com parâmetros genéticos. Herdabilidades e correlações genéticas são tidas muitas vezes como propriedades da população na qual foram estimadas (Koots and Gibson, 1996). Por outro lado, os altos custos de implantação ou a insuficiência de banco de dados, prejudica a estimação dos parâmetros, que são estimados muitas vezes associados a baixa precisão e elevados erros-padrão, com os autores recomendando cautela na sua utilização (Muasya et al., 2013). Neste contexto, parâmetros genéticos estimados em outros locais podem ser utilizados para dar início a um programa de melhoramento (Jembere et al., 2017), e neste caso as estimativas obtidas através de uma meta-análise com modelo de efeito aleatório são reconhecidamente confiáveis (Borenstein et al., 2010).

4.2. Herdabilidades

Com base nos resultados evidenciados na Tabela 2, espera-se que a seleção para características de crescimento nos bubalinos apresente ganhos genéticos a médio prazo, haja vista as moderadas estimativas encontradas neste trabalho. Oliveira et al. (2017) trabalhando com bovinos nelore, encontraram resultados similares para estas estimativas. Houve uma tendência de aumento da herdabilidade para peso vivo à medida que o animal envelhece, este fato também foi observado em outras meta-análises como Akanno et al. (2013) com suínos, Jembere et al. (2017) com caprinos, Oliveira et al. (2017) com bovinos e com ovinos (Medrado et al., 2021). De acordo com El-bramony et al. (2008), os valores inferiores de herdabilidade em idades mais jovens são devidos à influência do efeito materno e a diminuição do efeito materno é esperada à medida que os animais se tornam independentes da mãe, aliado a uma maior ação de fatores ambientais em idades mais precoces.

Todas as características reprodutivas apresentaram estimativas combinadas de herdabilidade baixas, o que é considerado normal para esta categoria de variáveis devido ao significativo efeito ambiental envolvido (Marques et al., 2019), a exceção foi a estimativa moderada para idade ao primeiro parto. Akanno et al. (2013) também encontraram valor moderado de

herdabilidade para idade ao primeiro parto em porcas, diferentemente de Jembere et al. (2017) com caprinos, Oliveira et al. (2017) e Gathura et al. (2020) com vacas de corte, além de Zerehdaran et al. (2020) com vacas leiteiras, que encontraram valores baixos para esta característica em suas meta-análises. Podemos inferir que a seleção para esta característica nos bubalinos alcançará maiores ganhos em comparação aos demais ruminantes citados, sendo de extrema importância pois uma seleção para maior precocidade reprodutiva das búfalas pode aumentar a produtividade do rebanho (Barros et al., 2016).

As baixas estimativas encontradas nesta meta-análise para intervalo entre partos, primeiro intervalo entre partos e período de serviço demonstram que a variação genética aditiva é muito pequena para estas características, as quais são influenciadas principalmente pelos efeitos ambientais, juntamente com a variação devido aos fatores genético não aditivos (Chimonyo et al., 2008). Médias ponderadas de herdabilidade para intervalo entre partos se estenderam entre 0,02 e 0,09 nos estudos de Gathura et al. (2020), Jembere et al. (2017) e Zerehdaran et al. (2020), corroborando com os resultados do presente trabalho. Desta forma, para tais características com baixa herdabilidade, a melhoria e uniformidade do ambiente e práticas de manejo podem ser mais eficientes que a seleção genética (Barros et al., 2016). Por outro lado, comparando as herdabilidades estimadas para as características reprodutivas analisadas, em relação a outras meta-análises envolvendo ruminantes, as estimativas dos bubalinos foram superiores.

As estimativas de herdabilidades combinadas para as características relacionadas à produção de leite foram baixas e moderadas (Tabela 2). Realizando uma meta-análise com caprinos, Jembere et al. (2017) encontraram estimativas de herdabilidade variando de moderada a alta para esta classe de características, com valores entre 0,23 e 0,54, enquanto Zerehdaran et al. (2020) trabalharam com vacas holandesas e observaram valores mais similares aos do presente trabalho, com as herdabilidades combinadas se estendendo entre 0,19 até 0,25. Portanto, os parâmetros apresentados nesta meta-análise são mais similares às vacas leiteiras do que em cabras.

As duas variáveis relacionadas à duração da lactação apresentaram uma baixa herdabilidade, demonstrando uma maior influência de fatores não aditivos, e que o melhoramento destas características é pouco dependente da hereditariedade (EL-Hedainy et al., 2020). Desta forma, a seleção direta acarretará poucos ganhos a esta característica. Os valores encontrados para duração da lactação e duração da primeira lactação no presente estudo foram superiores aos encontrados por Zerehdaran et al. (2020) em vacas leiteiras, os quais observaram $h^2 = 0,04$

utilizando apenas dois artigos, o que pode ser o motivo de tal discrepância. Valor mais próximo aos demonstrados na Tabela 2 para duração da lactação foi publicado por Jembere et al. (2017), a média ponderada da herdabilidade para esta característica no estudo destes autores foi 0,15. Interessante notar que a herdabilidade média estimada para duração da primeira lactação foi superior à estimativa para duração da lactação. Segundo Suhail e Qureshi (2010) a base genética é expressa mais vigorosamente durante a primeira lactação, enquanto o efeito do ambiente nas lactações subsequentes pode diminuir a expressão do valor genético.

No que diz respeito à quantidade de leite produzido, ajustado para 270, 305 ou durante todos os dias de lactação, as médias ponderadas foram todas moderadas, sugerindo que possuem suficiente variação genética para responder à seleção (Aspilcueta-Borquis et al., 2010), similar ao valor de $h^2=0,24$, referente a 139 estimativas de herdabilidades combinadas para a produção de leite em uma meta-análise com vacas holandesas (Zerehdaran et al., 2020). A produção de leite no pico de lactação obteve a maior média ponderada de herdabilidade neste estudo, sugerindo que esta característica pode ser melhorada através de um programa de seleção adequado, e que dará uma resposta mais rápida em comparação à seleção baseada na produção padronizada para 270 dias, 305 dias e no período total de lactação (Jakhar et al., 2017). O resultado obtido para a herdabilidade da produção de leite na primeira lactação está dentro da faixa de herdabilidade quando se considera todas as lactações das búfalas. Como a base genética da primeira produção também influencia as subsequentes, pode-se concluir que a seleção para alta produção na primeira lactação possivelmente irá aumentar a quantidade de leite produzido nas futuras lactações (Sesana et al., 2014).

As características qualitativas do leite apresentaram estimativas de herdabilidade baixas e moderadas, resultados semelhantes aos encontrados por Zerehdaran et al. (2020), e da mesma forma que para as características quantitativas de produção de leite, a seleção de fêmeas baseado na performance individual não garante nos descendentes uma manifestação fenotípica semelhante à das mães, recomendando-se o uso de testes de progênie e informações de todos parentes disponíveis para melhoria da acurácia de seleção (Jakhar et al., 2017).

Contagem de células somáticas é uma característica que avalia a saúde da glândula mamária e indiretamente mensura a resistência da fêmea à mastite (El-Awady et al., 2016). A presente meta-análise apresentou uma média ponderada moderada escore de células somáticas (Tabela 2). Em um trabalho com vacas leiteiras, Colleau and Le Bihan-Duval (1995) encontraram uma estimativa de herdabilidade de 0,09 para ECS através da ponderação de 39 estimativas. Enquanto, Costa et al.

(2019) e Padilha et al. (2019), em estudos individuais com vacas leiteiras, observaram herdabilidade de 0,06 e 0,10 respectivamente. Esta diferença mostra que esta característica nas búfalas está menos sujeita a fatores não genéticos quando comparada às vacas. Escore de células somáticas nos bubalinos apresenta variação genética aditiva mais expressiva, o que a torna uma característica plausível de ser utilizada como critério de seleção.

4.3. Correlações genéticas

A força de associação entre os valores genéticos de duas características é mensurada através da correlação genética, na qual a seleção para uma característica provocará mudanças positivas ou negativas na variável correlacionada (Falconer e Mackay, 1997). Todas as correlações entre medidas de peso foram positivas e valores moderados foram encontrados para PVN x PV3 e PVN x PV12, enquanto um alto valor foi observado para PV3 x PV12 (Tabela 3). Isto significa que as características possuem em comum certa quantidade de genes que as controlam e que a seleção para animais pesados ao nascimento resultará em pesos superiores em idades mais avançadas (Malhado et al., 2002). Gathura et al. (2020) e Oliveira et al. (2017) trabalhando com bovinos de corte observaram resultados semelhantes. Certa atenção deve ser dada para o processo de seleção de animais pesados em idades avançadas, devido ao aumento no peso ao nascer e possibilidade de aumentar as dificuldades no parto.

Este trabalho encontrou poucos estudos que correlacionaram as características de crescimento com as reprodutivas ou de produção leiteira. Cinco, quatro e três artigos para PVN x IPP, PVN x PL e PVN x DL respectivamente, evidenciam que estes parâmetros ainda precisam ser mais estudados. Altas correlações positivas foram encontradas para os três pares de características, demonstrando que o peso ao nascer, apesar da herdabilidade moderada, exerce forte influência na produtividade através de sua ligação genética com a lactação e reprodução (Suhail et al., 2009). Em um trabalho com vacas leiteiras, Ali et al. (2019) encontraram correlação genética com valor de 0,30 e 0,81 entre peso ao nascer com duração da lactação e com produção de leite respectivamente, enquanto Lee e Pollak (2002) estudando vacas de corte observaram correlação genética negativa entre produção de leite e peso ao nascer. Estas informações mostram uma possibilidade de maior semelhança genética entre búfalas e vacas leiteiras em comparação com as vacas de corte.

A duração da lactação apresentou correlações baixas, moderadas e altas, sempre positivas, com as características reprodutivas. Resultados similares em uma meta-análise com bovinos foi encontrado por Lobo et al. (2000). No caso da correlação entre DL x IPP o resultado encontrado na Tabela 3 mostra que a seleção para uma idade ao primeiro parto mais precoce deve ser monitorada e avaliada, devido a possibilidade de redução na duração da lactação (Barros et al., 2016). Observando os resultados encontrados neste trabalho pode-se concluir que selecionar animais que desempenhem as características reprodutivas em menor tempo, poderá em algum grau reduzir o tempo de lactação das búfalas.

As estimativas encontradas neste trabalho para as médias das correlações entre produção de leite e as características reprodutivas foram todas positivas. Desta forma pode-se inferir que alguns genes responsáveis pelo aumento na produção leiteira serão os mesmos que farão a fêmea necessitar de mais dias para o primeiro parto e intervalo entre partos (Vilela et al., 2020). Estes mesmos autores argumentaram que a associação positiva entre intervalo entre partos e período de serviço com a produção de leite se deve ao fato do período de acasalamento pós-parto nas búfalas coincidir com o pico da lactação. Além disso, animais mais produtivos destinam seus nutrientes para produção de leite em detrimento da reprodução, desta forma aumentando o intervalo entre partos e período de serviço. Outro fator é o balanço energético negativo das fêmeas com maior produção, o que retarda a atividade reprodutiva (Pritchard et al., 2013). Aliado a isso, como foi citado no parágrafo acima, a seleção para uma menor idade reprodutiva deve ser feita com cautela, haja vista a associação positiva, apesar de baixa, entre PL x IPP, o que reduziria a produção de leite no rebanho.

A Tabela 3 evidencia que as características reprodutivas estão todas associadas positivamente entre si, IPP x IP e IP x PS, assim como a correlação entre produção de leite e duração da lactação é altamente positiva. Com base no que foi descrito anteriormente, a seleção para redução da idade ao primeiro parto, o intervalo entre parto e período de serviço, acarretaria uma possibilidade de diminuição da produção de leite e tempo de lactação. Desta forma, Tonhati et al. (2000) indicam que a seleção para as características reprodutivas e para produção de leite deveriam ser consideradas independentemente.

Médias ponderadas negativas foram observadas para as correlações genéticas entre produção de leite e percentual de constituintes, gordura e proteína, mostrando que os genes que afetam a produção de leite possuem um efeito antagônico sobre estes percentuais (Seno et al.,

2007). Correlação negativa entre produção de leite e percentual destes constituintes foram observadas nas meta-análises realizadas por Lobo et al. (2000) e Zerehdaran et al. (2020) com bovinos. Do ponto de vista econômico, o melhoramento genético para os percentuais de gordura e proteína não é vantajoso se a fazenda se propõe exclusivamente a vender o leite, entretanto, se o queijo *mozzarella* faz parte da produção, então o aumento do percentual destes constituintes é extremamente importante (Seno et al., 2007). Esta meta-análise estimou uma correlação genética alta para PL x PQM. Contudo, isto pode ser consequência da produção de leite em quilos ser o principal componente da equação para estimar a produção do queijo *mozzarella*.

As características de produção em termos de quilos produzidos, PL, PG e PP apresentaram entre si correlações genéticas positivas e altas, similar aos resultados encontrados por Lobo et al. (2000) e Zerehdaran et al. (2020). Logo, a seleção para qualquer uma delas resultaria em uma resposta correlacionada positiva nas demais. A utilização das três em conjunto dentro de um índice de seleção para elevar a produção de leite apresentaria melhor resposta em comparação ao emprego de apenas uma característica como critério de seleção (El-bramony et al., 2017).

A contagem de células somáticas no leite é um indicador da saúde do úbere e um indicador indireto de resistência à mastite (Rodriguez-Zas et al., 2000). Na Tabela 3 pode se observar uma correlação negativa entre PL x ECS, PG x ECS e PP x ECS, estes resultados corroboram com a afirmação de Cerón-Muñoz et al. (2002), que altos valores de ECS têm efeitos negativos na produção e qualidade do leite em búfalas. Para vacas leiteiras, grande parte da literatura apresenta correlação genética desfavorável entre produção de leite e escore de células somáticas, ou seja, positivas (Carlén et al., 2004), demonstrando que a arquitetura genética entre estas espécies, no que diz respeito a estas características, pode ser diferente, ou evidencia um melhor mecanismo de defesa das búfalas, principalmente relacionado a um esfíncter da teta mais forte que previne a entrada de patógenos (El-Awady et al., 2016). As estimativas negativas para as correlações genéticas entre as características de produção de leite e escore de células somáticas mostram que o melhoramento na quantidade de leite produzido não trará prejuízos à sanidade da glândula mamária, e que as duas podem ser melhoradas em conjunto através de seleção (El-Awady et al., 2016). É mais lucrativo a utilização de objetivos de seleção amplos em comparação com aqueles que utilizem apenas características produtivas. Quando características de resistência a mastite como ECS são incluídas no esquema de seleção maiores ganhos são alcançados do que quando seleciona-se apenas para produção de leite (Heringstad et al., 2000).

5. Conclusão

Este estudo de meta-análise foi o primeiro de estimativa de parâmetros genéticos em búfalos. As estimativas de herdabilidade demonstraram que algumas características econômicas apresentam um alto potencial de seleção para esta importante espécie pecuária. Além disso, a correlação genética mostrou que algumas características possuem um controle genético complexo, e a utilização de um índice de seleção pode ser uma opção para melhorar o ganho genético anual. O modelo aleatório usado na atual meta-análise foi essencial devido à grande heterogeneidade existente entre os estudos de parâmetros genéticos em búfalos. Além disso, os parâmetros obtidos na meta-análise podem ser usados sob diferentes condições de manejo, clima, raças e modelos, principalmente em programas de melhoramento cujas estimativas ainda não são muito precisas.

6. Referências

- Agudelo-Gómez, D.A., Pelicioni Savegnago, R., Buzanskas, M.E., Ferraudo, A.S., Prado Munari, D., Cerón-Muñoz, M.F., 2015. Genetic principal components for reproductive and productive traits in dual-purpose buffaloes in Colombia. *J. Anim. Sci.* 93, 3801–3809. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-8940>
- Akanno, E.C., Schenkel, F.S., Quinton, V.M., Friendship, R.M., Robinson, J.A.B., 2013. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. *Livest. Sci.* 152, 101–113. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.07.021>
- Ali, A.K.A., Shook, G.E., 1980. An Optimum Transformation for Somatic Cell Concentration in Milk. *J. Dairy Sci.* 63, 487–490. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(80\)82959-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(80)82959-6)
- Ali, I., Muhammad Suhail, S., Shafiq, M., 2019. Heritability estimates and genetic correlations of various production and reproductive traits of different grades of dairy cattle reared under subtropical condition. *Reprod. Domest. Anim.* 54, 1026–1033. <https://doi.org/10.1111/rda.13458>
- Aspilcueta-Borquis, R.R., Araujo Neto, F.R., Baldi, F., Bignardi, A.B., Albuquerque, L.G., Tonhati, H., 2010. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. *J. Dairy Sci.* 93, 2195–2201. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2621>

- Aspilcueta-Borquis, R.R., Araujo Neto, F.R., Santos, D.J.A., Hurtado-Lugo, N.A., Silva, J.A.V., Tonhati, H., 2015. Multiple-trait genomic evaluation for milk yield and milk quality traits using genomic and phenotypic data in buffalo in Brazil. *Genet. Mol. Res.* 14, 18009–18017. <https://doi.org/10.4238/2015.December.22.27>
- Barros, C.C., Aspilcueta-Borquis, R.R., Fraga, A.B., Tonhati, H., 2016. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. *Rev. Caatinga* 29, 216–221.
- Begg, C.B., Mazumdar, M., 1994. Operating Characteristics of a Rank Correlation Test for Publication Bias. *Biometrics* 50, 1088–1101. <https://doi.org/10.2307/2533446>
- Borenstein, M., Hedges, L. V., Higgins, J.P.T., Rothstein, H.R., 2010. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. *Res. Synth. Methods* 1, 97–111. <https://doi.org/10.1002/jrsm.12>
- Carlén, E., Strandberg, E., Roth, A., 2004. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 87, 3062–3070. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73439-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73439-6)
- Cerón-Muñoz, M., Tonhati, H., Duarte, J., Oliveira, J., Muñoz-Berrocal, M., Jurado-Gámez, H., 2002. Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in buffaloes. *J. Dairy Sci.* 85, 2885–2889. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(02\)74376-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(02)74376-2)
- Chimonyo, M., Dzama, K., Bhebhe, E., 2008. Genetic determination of mothering ability and piglet growth in indigenous Mukota sows of Zimbabwe. *Livest. Sci.* 113, 74–80. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.02.014>
- Cochran, W.G., 1954. The Combination of Estimates from Different Experiments. *Int. Biomed. Soc.* 10, 101–129.
- Colleau, J.J., Le Bihan-Duval, E., 1995. A Simulation Study of Selection Methods to Improve Mastitis Resistance of Dairy Cows. *J. Dairy Sci.* 78, 659–671. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76678-4](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76678-4)
- Costa, A., Lopez Villalobos, N., Visentin, G., De Marchi, M., Cassandro, M., Penasa, M., 2019. Heritability and repeatability of milk lactose and its relationships with traditional milk traits, somatic cell score and freezing point in Holstein cows. *Animal* 13, 909–916.

- Dawson, D. V., Pihlstrom, B.L., Blanchette, D.R., 2016. Understanding and evaluating meta-analysis. *J. Am. Dent. Assoc.* 147, 264–270. <https://doi.org/10.1016/j.adaj.2015.10.023>
- Diaz, I.D.P.S., Crews, D.H., Enns, R.M., 2014. Cluster and meta-analyses of genetic parameters for feed intake traits in growing beef cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 131, 217–226. <https://doi.org/10.1111/jbg.12063>
- El-Awady, H.G., Ashour, A.F., Shamia, S.M., 2016. Genetic and economic evaluation for the relationship between somatic cell counts, milk yield and milk constituents in Egyptian buffaloes. *Buffalo Bull.* 35, 617–628.
- El-bramony, M.M., Ashmawy, A.A., Mourad, K.A., 2017. Test-Day Milk, Fat and Protein Yields As Selection Criteria in Egyptian Buffalo. *Egypt. J. Anim. Prod.* 54, 1–10. <https://doi.org/10.21608/ejap.2017.93284>
- El-bramony, M.M., Fooda, T.A., Gebreel, I.A., 2008. Estimation of Direct Genetic and Maternal Effects for Weaning Traits in Egyptian Buffalo. *Egypt. J. Anim. Prod.* 45, 1–9. <https://doi.org/10.21608/ejap.2008.104440>
- EL-Hedainy, D.K.A., Elbanhawy, K.E., Amin, A., Salem, M., Hammoud, M., El-Barbary, A., 2020. Genetic Trend for Milk Production and Longevity Traits of Egyptian Buffalo. *Egypt. J. Anim. Prod.* 57, 95–100. <https://doi.org/10.21608/ejap.2020.121419>
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1997. *Introduction to Quantitative Genetics*, Fourth. ed. Longman Group.
- Gathura, D.M., Muasya, T.K., Kahi, A.K., 2020. Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. *Livest. Sci.* 242, 104306. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104306>
- Heringstad, B., Klemetsdal, G., Ruane, J., 2000. Selection for mastitis resistance in dairy cattle: A review with focus on the situation in the Nordic countries. *Livest. Prod. Sci.* 64, 95–106. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(99\)00128-1](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(99)00128-1)
- Higgins, J.P.T., Thompson, S.G., Deeks, J.J., Altman, D.G., 2003. Measuring inconsistency in meta-analyses. *Br. Med. J.* 327, 557–560. <https://doi.org/10.1136/bmj.327.7414.557>
- Jakhar, V., Yadav, A.S., Dhaka, S.S., 2017. Estimation of Genetic Parameters for Production and Reproduction Traits in Murrah Buffaloes. *Int. J. Curr. Microbiol. Appl. Sci.* 6, 4297–4303.

- Jembere, T., Dessie, T., Rischkowsky, B., Kebede, K., Mwai, A.O., Haile, A., 2017. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. *Small Rumin. Res.* <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2017.04.024>
- Jiménez, L.A.S., 2019. Variabilidade genética de ácidos grasos y fracciones nitrogenadas en leche de bovinos. Universidad Autónoma Chapingo.
- Koots, K.R., Gibson, J.P., 1996. Realized sampling variances of estimates of genetic parameters and the difference between genetic and phenotypic correlations. *Genetics* 143, 1409–1416. <https://doi.org/10.1093/genetics/143.3.1409>
- Lee, C., Pollak, E.J., 2002. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 80, 316–321. <https://doi.org/10.2527/2002.802316x>
- Lobo, R.N.B., Madalena, F.E., Viera, A.R., 2000. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abstr.* 68, 433–462.
- Malhado, C.H.M., Souza, J.C., Silva, L.O.C., Ferraz Filho, P.B., 2002. Correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente entre os pesos de várias idades em bovinos da raça guzerá no estado de são paulo. *Arch. Vet. Sci.* 7, 71–75. <https://doi.org/10.5380/avs.v7i1.3971>
- Marques, L.C., McManus, C., Peripolli, V., Araújo, C. V., Matos, A.S., Costa, J.S., Silva, C.S., Sales, R.L., Camargo, R.N.C., Laureano, M.M.M., Marques, J.R.F., 2019. Genetic evaluation of milking buffaloes (*Bubalus bubalis*): Bull ranking. *Arq. Bras. Med. Vet. e Zootec.* 71, 1712–1718. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-10819>
- Medrado, B.D., Pedrosa, V.B., Pinto, L.F.B., 2021. Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep. *Livest. Sci.* 247, 104477. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104477>
- Muasya, T.K., Peters, K.J., Kahi, A.K., 2013. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. *Anim. Genet. Resour. génétiques Anim. génétiques Anim.* 52, 127–137. <https://doi.org/10.1017/s2078633613000039>
- Ndung, C.W., Okeno, T.O., Muasya, T.K., 2020. Pooled parameter estimates for traits of economic importance in indigenous chicken in the tropics. *Livest. Sci.* <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104102>
- Oliveira, H.R. de, Ventura, H.T., Costa, E.V., Pereira, M.A., Veroneze, R., Duarte, M.D.S., Dias De Siqueira, O.H.G.B., Fonseca E Silva, F., 2017. Meta-analysis of genetic-parameter

- estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. *Anim. Prod. Sci.* 58, 1575–1583. <https://doi.org/10.1071/AN16712>
- Padilha, A.H., Alfonzo, E.P.M., Daltro, D.S., Torres, H.A.L., Neto, J.B., Cobuci, J.A., 2019. Genetic trends and genetic correlations between 305-day milk yield, persistency and somatic cell score of Holstein cows in Brazil using random regression model. *Anim. Prod. Sci.* 59, 207–215. <https://doi.org/10.1071/AN16835>
- Parmar, G.A., Gupta, J.P., Chaudhari, J.D., Pandey, D.P., Prajapati, B.M., Sathwara, R.N., Patel, P.A., 2019. Study of genetic and non genetic factors affecting age at first calving and wet average in mehsana buffaloes. *Buffalo Bull.* 38, 11–17.
- Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R., Wall, E., 2013. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. *Animal* 7, 34–46. <https://doi.org/10.1017/S1751731112001401>
- Rodriguez-Zas, S.L., Gianola, D., Shook, G.E., 2000. Evaluation of models for somatic cell score lactation patterns in Holsteins. *Livest. Prod. Sci.* 67, 19–30. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(00\)00193-7](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(00)00193-7)
- Schwarzer, G., Carpenter, J.R., Rucker, G., 2015. *Meta- Analysis with R.* Springer International Publishing Switzerland, New York, London.
- Seno, L.D.O., Cardoso, V.L., Tonhati, H., 2007. Valores econômicos para as características de produção de leite de búfalas no estado de São Paulo. *Rev. Bras. Zootec.* 36, 2016–2022.
- Sesana, R.C., Baldi, F., Borquis, R.R.A., Bignardi, A.B., Hurtado-Lugo, N.A., El Faro, L., Albuquerque, L.G., Tonhati, H., 2014. Estimates of genetic parameters for total milk yield over multiple ages in Brazilian Murrah buffaloes using different models. *Genet. Mol. Res.* 13, 2784–2795. <https://doi.org/10.4238/2014.April.14.7>
- Suhail, S.M., Qureshi, M.S., 2010. *Genetic evaluation of dairy buffaloes*, 1st ed. VDM Verlag Dr. Müller Aktiengesellschaft & Co, Saarbruecken.
- Suhail, S.M., Qureshi, M.S., Khan, S., Durrani, F.R., 2009. *Inheritance of Economic Traits of Dairy Buffaloes in Pakistan* 25.
- Sutton, A.J., Abrams, K.R., Jones, D.R., Sheldom, T.A., Song, F., 2000. *Methods for meta-analysis in medical research.* J. Wiley, Chichester, New York, Toronto. <https://doi.org/10.1191/0962280205sm401xx>

- Tonhati, H., Vasconcellos, F.B., Albuquerque, L.G., 2000. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brazil. *J. Anim. Breed. Genet.* 117, 331–336. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2000.00249.x>
- Vilela, R.N. da S., Sena, T.M., Aspilcueta-Borquis, R.R., De Oliveira Seno, L., De Araujo Neto, F.R., Scalez, D.C.B., Tonhati, H., 2020. Genetic correlations and trends for traits of economic importance in dairy buffalo. *Anim. Prod. Sci.* 60, 492–496. <https://doi.org/10.1071/AN19051>
- Zarkovich, S., 1979. Stability of variance patterns. *J. Indian Soc. Agric. Stat.* 31, 23-48.
- Zerehdaran, S., Ghobakloo, F., Nooghabi, M.J., Shariati, M.M., 2020. Meta-Analysis of studies on genetic parameters of economic traits in Iranian Holstein dairy cows. *J. Rumin. Res.* 8, 1–22. <https://doi.org/10.22069/ejrr.2020.16994.1703>

7 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A produção desta tese exigiu muita dedicação e empenho, principalmente na busca e seleção dos artigos que foram utilizados na meta-análise. A definição da metodologia mais apropriada para as análises também foi de extrema importância para a confiabilidade das estimativas geradas. Metodologias que ponderam os valores individuais através da sua precisão são mais interessantes do que aquelas que ponderam apenas pelo tamanho da amostra. Além disso, o modelo que contabiliza a variabilidade existente entre os artigos é fundamental para a inferência e para utilização das estimativas em outras populações.

A literatura utilizada para a produção desta tese evidenciou que a ovinocultura e a bubalinocultura são muito importantes em diversos países do mundo. Destaca-se a importância dessas atividades em países subdesenvolvidos ou em desenvolvimento, nos quais configuram uma fonte de renda para pequenos produtores, que na maioria das vezes carecem de tecnologia e informação.

Este trabalho demonstrou que o melhoramento genético dos ovinos e bubalinos é complexo, pautado em objetivos de seleção que devem ser alcançados através da escolha dos critérios de seleção corretos. Para isto é necessário o conhecimento dos parâmetros genéticos para cada característica e estes devem ser estimados com a maior acurácia possível. Entretanto, muitos programas de melhoramento para ovinos e bubalinos carecem de estrutura, financiamentos e banco de dados que possibilitem a estimação precisa dos parâmetros.

Neste contexto, a utilização de ferramentas estatísticas que produzam parâmetros mais acurados podem ajudar no avanço do melhoramento genético destas espécies. As meta-análises desenvolvidas aqui produziram estimativas confiáveis, baseada em grande número de publicações, e estas estimativas podem auxiliar na implementação de sistemas de avaliação genéticas. As estimativas obtidas aqui podem servir como base para formação de índices de seleção, auxiliando os criadores nas tomadas de decisão, principalmente quando há carência de banco de dados com qualidade e que levam a parâmetros estimados de maneira pouco confiáveis, o que infelizmente ainda ocorre com frequência na ovinocultura e bubalinocultura.

Poucos trabalhos na literatura, relacionados a estimação de parâmetros genéticos, utilizaram a metodologia de meta-análise com efeito aleatório e o presente trabalho serve como base para

futuros estudos. Além disso, a meta-análise desenvolvida com a espécie bubalina parece ser a pioneira na literatura.

Por fim, ressalta-se que é necessário conduzir uma análise mais profunda das causas de heterogeneidade entre os diversos trabalhos, identificando o efeito de fatores como a raça, o tipo de manejo, a metodologia de estimação e o modelo de análise sobre as estimativas de herdabilidade e correlação genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS (geral)

ABU EL- NASER, I. Assessment of Genetic Relationships between Growth Traits and Milk Yield in Egyptian Buffaloes. **Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner**, v. 24, n. 4, p. 143, 2019.

AFOLAYAN, R. A.; FOGARTY, N. M.; GILMOUR, A. R.; INGHAM, V. M.; GAUNT, G. M.; CUMMINS, L. J. Reproductive performance and genetic parameters in first cross ewes from different maternal genotypes. **Journal of Animal Science**, v. 86, n. 4, p. 804–814, 2008.

AGUDELO-GÓMEZ, D. A.; PELICIONI SAVEGNAGO, R.; BUZANSKAS, M. E.; FERRAUDO, A. S.; PRADO MUNARI, D.; CERÓN-MUÑOZ, M. F. Genetic principal components for reproductive and productive traits in dual-purpose buffaloes in Colombia. **Journal of Animal Science**, v. 93, n. 8, p. 3801–3809, 2015.

AGUIRRE, E. L.; MATTOS, E. C.; ELER, J. P.; BARRETO NETO, A. D.; FERRAZ, J. B. Genetic Parameters and Genetic Trends for Reproductive Traits of Santa Ines Sheep Kept in Extensive Environments in Brazil. **Journal of Animal Sciences and Livestock Production**, v. 01, n. 02, 2017.

AGUIRRE, E. L.; MATTOS, E. C.; ELER, J. P.; NETO, A. D. B.; FERRAZ, J. B. Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of Santa Ines sheep. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.

AKANNO, E. C.; SCHENKEL, F. S.; QUINTON, V. M.; FRIENDSHIP, R. M.; ROBINSON, J. A. B. Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. **Livestock Science**, v. 152, n. 2–3, p. 101–113, 2013.

AKHTAR, P.; ALI, S.; HUSSAIN, A.; MIRZA, M. A.; MUSTAFA, M. I.; SULTAN, J. I. Heritability estimates of post-weaning performance traits in Hissardale sheep in Pakistan. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v. 32, n. 4, p. 275–279, 2008.

AKHTAR, P.; KALSOOM, U.; ALI, S.; YAQOUB, M.; JAVED, K.; BABAR, M.; MUSTAFA, M.; SULTAN, J. Genetics and phenotypic parameters for growth traits of Nili-Ravi buffalo heifers in Pakistan. **Journal of Animal and Plant Sciences**, v. 22, n. Suppl. 3, p. 347–352, 2012.

AL-BIAL, A. Genetic Analysis of Growth Traits in White Boni Sheep Under the Central Highlands Region of Yemen. *Abd AL-Bial * , S. Alazazie , A. Shami and A. Aldoss.* v. 2, n. 4,

p. 408–413, 2016.

ALI, A. K. A.; SHOOK, G. E. An Optimum Transformation for Somatic Cell Concentration in Milk. **Journal of Dairy Science**, v. 63, n. 3, p. 487–490, 1980.

AL-SHOREPY, S. A.; NOTTER, D. R. Genetic Variation and Covariation for Ewe Reproduction, Lamb Growth, and Lamb Scrotal Circumference in a Fall-Lambing Sheep Flock. **Journal of Animal Science**, v. 74, n. 7, p. 1490–1498, 1996.

AMOU POSHT-E- MASARI, H.; SHADPARVAR, A. A.; GHAVI HOSSEIN-ZADEH, N.; HADI TAVATORI, M. H. Estimation of genetic parameters for reproductive traits in shall sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 45, n. 5, p. 1259–1263, 2013.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; ARAUJO NETO, F. R.; SANTOS, D. J. A.; HURTADO-LUGO, N. A.; SILVA, J. A. V.; TONHATI, H. Multiple-trait genomic evaluation for milk yield and milk quality traits using genomic and phenotypic data in buffalo in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 18009–18017, 2015.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; PALO, R. DI; ARAUJO NETO, F. R.; BALDI, F.; CAMARGO, G. M. DE; ALBUQUERQUE, L. G. DE; ZICARELLI, L.; TONHATI, H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. **Genetics and molecular research : GMR**, v. 9, n. 3, p. 1636–1644, 2010.

AWAD, S. E.-H. Selection for Mastitis Resistance and Somatic Cell Counts To Improving Milk Production in Egyptian Buffaloes. **Journal of Animal and Poultry Production**, v. 6, n. 2, p. 73–84, 2015.

BAHARIZADEH, M. Estimates of Genetic Parameters of Production Traits for Khuzestan Buffaloes of Iran using Repeated-Records Animal Model. **Pakistan Veterinary Journal**, v. 32, n. 4, p. 618–620, 2012.

BANEH, H.; HAFEZIAN, S. H.; RASHIDI, A.; GHOLIZADEH, M.; RAHIMI, G. Estimation of genetic parameters of body weight traits in Ghezel sheep. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 23, n. 2, p. 149–153, 2010.

BARROS, C. C.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; FRAGA, A. B.; TONHATI, H. GENETIC PARAMETER ESTIMATES FOR PRODUCTION AND REPRODUCTION TRAITS IN DAIRY BUFFALOES. **Revista Caatinga**, v. 29, n. 1, p. 216–221, 2016.

BASHIR, M. K.; KHAN, M. S.; LATEEF, M.; AKHTAR, P. Genetic and Phenotypic Aspects of Age at First Calving of Nili-Ravi Buffaloes in Pakistan. **Pakistan J. Zool.**, v. suppl, n. 9, p. 757–761, 2009.

BEEF AND LAMB NEW ZEALAND. Better Sheep breeding: Ram buying decisions. 2017.

BEEF AND LAMB NEW ZEALAND. Domestic Trends and Measuring Progress against the RedMeat Sector Strategy. Presentation to: Red Meat Sector Conference 2012.

<http://beeflambnz.com/Documents/Information/Red%20meat%20sector%20conferenc> e.pdf.

BEGG, C. B.; MAZUMDAR, M. Operating Characteristics of a Rank Correlation Test for Publication Bias. **Biometrics**, v. 50, n. 4, p. 1088–1101, 1994.

BEHZADI, M. R. B.; SHAHROUDI, F. E.; VLECK, L. D. VAN. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 5, p. 296–301, 2007.

BERTON, M. P.; SILVA, R. P.; CARVALHO, F. E.; CHIAIA, H. L. J.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J. P.; BANCHERO, G.; FERRAZ, J. B. S.; BALDI, F. Genetic parameter estimates for gastrointestinal nematode parasite resistance and maternal efficiency indicator traits in Santa Inês breed. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 136, n. 6, p. 495–504, 2019.

BISSET, S. A.; VLASSOFF, A.; MORRIS, C. A.; SOUTHEY, B. R.; BAKER, R. L.; PARKER, A. G. H. Heritability of and genetic correlations among faecal egg counts and productivity traits in romney sheep. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, v. 35, n. 1, p. 51–58, 1992.

BORENSTEIN, M.; HEDGES, L. V.; HIGGINS, J. P. T.; ROTHSTEIN, H. R. **Introduction to meta-analysis**. 1st Ed. ed. Chichester: John Wiley & Sons, Ltd, 2009.

BORENSTEIN, M.; HEDGES, L. V.; HIGGINS, J. P. T.; ROTHSTEIN, H. R. A basic introduction to fixed-effect and random-effects models for meta-analysis. **Research Synthesis Methods**, v. 1, n. 2, p. 97–111, 2010.

BORG, R. C.; NOTTER, D. R.; KOTT, R. W. Phenotypic and genetic associations between lamb growth traits and adult ewe body weights in western range sheep. **Journal of Animal Science**, v. 87, n. 11, p. 3506–3514, 2009.

BORGHESE, A. **“Buffalo Production and Research”**. Roma: FAO - FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS, 2005. v. 5

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; NETO, F. R. DE A.; BALDI, F.; HURTADO-LUGO, N.; CAMARGO, G. M. F. DE; MUÑOZ-BERROCAL, M.; TONHATI, H. Multiple-trait random regression models for the estimation of genetic parameters for milk, fat, and protein yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n. 9, p. 5923–5932, 2013.

BOSSO, N. A.; CISSÉ, M. F.; WAAIJ, E. H. VAN DER; FALL, A.; ARENDONK, J. A. M. VAN. Genetic and phenotypic parameters of body weight in West African Dwarf goat and Djallonké sheep. **Small Ruminant Research**, v. 67, n. 2–3, p. 271–278, 2007.

BOUJENANE, I.; CHIKHI, A.; SYLLA, M.; IBNELBACHYR, M. Estimation of genetic parameters and genetic gains for reproductive traits and body weight of D’man ewes. **Small Ruminant Research**, v. 113, n. 1, p. 40–46, 2013.

BRITO, L. F.; MCEWAN, J. C.; MILLER, S.; BAIN, W.; LEE, M.; DODDS, K.; NEWMAN, S. A.; PICKERING, N.; SCHENKEL, F. S.; CLARKE, S. Genetic parameters for various growth, carcass and meat quality traits in a New Zealand sheep population. **Small Ruminant Research**, v. 154, p. 81–91, 2017.

BROMLEY, C. M.; SNOWDER, G. D.; VLECK, L. D. VAN. Genetic parameters among weight,

prolificacy, and wool traits of Columbia, Polypay, Rambouillet, and Targhee sheep. **Journal of Animal Science**, v. 78, n. 4, p. 846–858, 2000.

BROWN, D. J.; HUISMAN, A. E.; SWAN, A. A.; GRASER, H. U.; WOOLASTON, R. R.; BALL, A. J.; ATKINS, K. D.; BANKS, R. G. **GENETIC EVALUATION FOR THE AUSTRALIAN SHEEP INDUSTRY** Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. **Anais...**2007

BROWN, D. J.; SWAN, A. A. Genetic parameters for liveweight, wool and worm resistance traits in multi-breed Australian meat sheep. 2. Genetic relationships between traits. **Animal Production Science**, v. 56, n. 9, p. 1449–1453, 2016.

BYRNE, T. J.; AMER, P. R.; FENNESSY, P. F.; CROMIE, A. R.; KEADY, T. W. J.; HANRAHAN, J. P.; MCHUGH, M. P.; WICKHAM, B. W. Breeding objectives for sheep in Ireland: A bio-economic approach. **Livestock Science**, v. 132, n. 1–3, p. 135–144, 2010.

CAMPOS, R. V.; JUN ITI YOKOO, M.; SENO, L. O.; SESANA, R. C.; ASPILCUETA BORQUES, R. R.; TONHATI, H. Genetic parameters estimate for milk and mozzarella cheese yield, fat and protein percentage in dairy buffaloes in Brazil. **Italian Journal of Animal Science**, v. 6, n. SUPPL. 2, p. 360–363, 2007.

CARLÉN, 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.

CASSIANO, L. A. P.; MARIANTE, A. DA S.; MCMANUS, C.; MARQUES, J. R. F.; COSTA, N. A. DA. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 5, p. 451–457, 2004.

CERÓN-MUÑOZ, M.; TONHATI, H.; DUARTE, J.; OLIVEIRA, J.; MUÑOZ-BERROCAL, M.; JURADO-GÁMEZ, H. Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 11, p. 2885–2889, 2002.

CHAKRABORTY, D.; DHAKA, S. S.; PANDER, B. L.; YADAV, A. S.; DANDAPAT, A. Genetic studies on 305 days and test day milk yield records in Murrah buffaloes. **Indian Journal of Animal Sciences**, v. 80, n. 8, p. 729–732, 2010.

CHALKOWSKI, K.; WILSON, A. E.; LEPCZYK, C. A.; ZOHDY, S. Who let the cats out? A global meta-analysis on risk of parasitic infection in indoor versus outdoor domestic cats (*Felis catus*). **Biology Letters**, v. 15, n. 4, 1 abr. 2019.

CHIMONYO, M.; DZAMA, K.; BHEBHE, E. Genetic determination of mothering ability and piglet growth in indigenous Mukota sows of Zimbabwe. **Livestock Science**, v. 113, n. 1, p. 74–80, 2008.

CIAPPESONI, G.; SAN JULIÁN, R.; NAVAJAS, E. A.; GIMENO, D.; GUTIERREZ-ZAMIT, E.; GOLDBERG, V.; BRITO, G. Genetic Evaluation of the Texel Breed in Uruguay : I . Carcass Quality Traits. **60 International congress of Meat Science and Technology**, n. August, p. 22–25, 2014.

CLARO, A. C. DEL; MERCADANTE, M. E. Z.; VASCONCELOS SILVA, J. A. Meta-analysis of genetic parameter estimates of residual feed intake and of its component traits in cattle. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 302–310, 2012.

CLOETE, S. W. P.; MPETILE, Z.; DZAMA, K. Genetic parameters involving subjective FAMACHA© scores and faecal worm egg counts on two farms in the Mediterranean region of South Africa. **Small Ruminant Research**, v. 145, p. 33–43, 2016.

CLOETE, S. W. P.; SCHOLTZ, A. J.; AUCAMP, B. **Environmental effects, heritability estimates and genetic trends in a Western Cape Dohne Merino nucleus flock** *South African Journal of Animal Sciences*, 1998.

CONINGTON, J.; BISHOP, S. C.; WATERHOUSE, A.; SIMM, G. A bioeconomic approach to derive economic values for pasture-based sheep genetic improvement programs. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 5, p. 1290–1304, 2004.

COSTA, A.; MARCHI, M. DE; NEGLIA, G.; CAMPANILE, G.; PENASA, M. Milk somatic cell count-derived traits as new indicators to monitor udder health in dairy buffaloes. **Italian Journal of Animal Science**, v. 20, n. 1, p. 548–558, 2021.

DAVIES, G.; STEAR, M. J.; BISHOP, S. C. Genetic relationships between indicator traits and nematode parasite infection levels in 6-month-old lambs. **Animal Science**, v. 80, n. 2, p. 143–150, 9 abr. 2005.

DAWSON, D. V.; PIHLSTROM, B. L.; BLANCHETTE, D. R. Understanding and evaluating meta-analysis. **Journal of the American Dental Association**, v. 147, n. 4, p. 264–270, 2016.

DEV, K.; DHAKA, S.; YADAV, A. S.; SANGWAN, S. K. Genetic parameters of early performance traits in Murrah buffaloes. **Haryana Vet.**, v. 2, n. 54, p. 144–146, 2015.

EINARSSON, E.; EYTHÓRSDÓTTIR, E.; SMITH, C. R.; JÓNmundsson, J. V. Genetic parameters for lamb carcass traits assessed by video image analysis, EUROP classification and in vivo measurements. **Icelandic Agricultural Sciences**, v. 28, n. 1, p. 3–14, 2015.

EISEND, M. Meta-Analysis in Advertising Research. **Journal of Advertising**, v. 0, n. 0, p. 1–15, 2017.

EKIZ, B.; ÖZCAN, M.; YILMAZ, A.; CEYHAN, A. Estimates of phenotypic and genetic parameters for ewe productivity traits of Turkish Merino (Karacabey Merino) sheep. **Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v. 29, n. 2, p. 557–564, 2005.

EL-ARIAN, M.; SHALABY, N.; KHATTAB, A.; DARWISH, S.; ABOU-GAMOUS, R. Phenotypic and Genetic Trends for Some Milk Yield Traits of Egyptian Buffaloes. **Journal of Animal and Poultry Production**, v. 3, n. 7, p. 353–364, 2012.

EL-AWADY, H. G.; ASHOUR, A. F.; SHAMIA, S. M. Genetic and economic evaluation for the relationship between somatic cell counts, milk yield and milk constituents in Egyptian buffaloes. **Buffalo Bulletin**, v. 35, n. 4, p. 617–628, 2016.

EL-BRAMONY, M. M. Genetic Analysis of Milk Yield Traits and Weight at Calving in Egyptian Buffalo. **Advances in Environmental Biology**, v. 9, n. December, p. 237–243, 2015.

EL-BRAMONY, M. M. Genetic and Phenotypic Parameters of Milk Yield and Reproductive Performance in the First Three Lactations of Egyptian Buffalo. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 48, n. 1, p. 1–10, 2011.

EL-BRAMONY, M. M.; ASHMAWY, A. A.; MOURAD, K. A. Test-Day Milk, Fat and Protein Yields As Selection Criteria in Egyptian Buffalo. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 54, n. 1, p. 1–10, 2017.

EL-BRAMONY, M. M.; FOODA, T. A.; GEBREEL, I. A. Estimation of Direct Genetic and Maternal Effects for Weaning Traits in Egyptian Buffalo. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 45, n. 1, p. 1–9, 2008.

EL-BRAMONY, M. M.; GEBREEL, I. A.; AWAD, S. E. S. GENETIC ANALYSIS OF SOMATIC CELL COUNT AND MILK YIELD TRAITS IN EGYPTIAN BUFFALO. v. 47, p. 75–84, 2010.

EL-BRAMONY, M. M.; NIGM, A. A.; MOURAD, K. A. Estimation of Genetic Parameters for Test-Day Milk Yield and Somatic Cell Count in the First Three Lactations of Egyptian Buffalo Using Random Regression. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 41, n. 1, p. 15–31, 2004.

EL-HEDAINY, D. K. A.; ELBANHAWY, K. E.; AMIN, A.; SALEM, M.; HAMMOUD, M.; EL-BARBARY, A. Genetic Trend for Milk Production and Longevity Traits of Egyptian Buffalo. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 57, n. 3, p. 95–100, 2020.

ELSAIED, M.; AL-MOMANI, A. Q.; AMIN, M. J.; AL-NAJJAR, K. A. Genetic, phenotypic, and environmental trends towards improving birth and weaning weights of Syrian buffalo calves. **Journal of Livestock Science**, v. 12, n. 2, p. 76–84, 2021.

ETEQADI, B.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Genetic Analysis of Basic and Composite Reproduction Traits in Guilan Sheep. **Annals of Animal Science**, v. 17, n. 1, p. 105–116, 2017.

EVERETT-HINCKS, J. M.; MATHIAS-DAVIS, H. C.; GREER, G. J.; AUVRAY, B. A.; DODDS, K. G. Genetic parameters for lamb birth weight, survival and death risk traits. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 7, p. 2885–2895, 2014.

FIELD, A. P.; GILLETT, R. How to do a meta-analysis. **British Journal of Mathematical and Statistical Psychology**, v. 63, n. 3, p. 665–694, 2010.

FIGUEIREDO FILHO, L. A. S.; Ó, A. O. DO; SARMENTO, J. L. R.; SANTOS, N. P. D. S.; TORRES, T. S. Genetic parameters for carcass traits and body size in sheep for meat production. **Tropical Animal Health and Production**, v. 48, n. 1, p. 215–218, 2015.

FOGARTY, N. M.; BRASH, L. D.; GILMOUR, A. R. Genetic Parameters for Reproduction and

Lamb Production and their Components and Liveweight, Fat Depth and Wool Production in Hyfer Sheep. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 45, p. 443–457, 1994.

FOROUTAN, M.; FAKHRI, Y.; RIAHI, S. M.; EBRAHIMPOUR, S.; NAMROODI, S.; TAGHIPOUR, A.; SPOTIN, A.; GAMBLE, H. R.; ROSTAMI, A. The global seroprevalence of *Toxoplasma gondii* in pigs: A systematic review and meta-analysis. **Veterinary Parasitology**, v. 269, n. March, p. 42–52, 2019.

GAD, S. M. A. AND S. I. E.-W. ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS OF EARLY GROWTH TRAITS OF BARKI SHEEP OF EGYPT. **J. Animal and Poultry Prod., Mansoura Univ., Vol. 4 (12): 783 - 789, 2013**, v. 4, n. 12, p. 783–789, 2013.

GALSAR, N. S.; SHAH, R. R.; GUPTA, J. P.; PANDEY, D. P.; PRAJAPATI, K. B.; PATEL, J. B. Genetic estimates of reproduction and production traits in Mehsana buffalo. v. 69, n. May, p. 698–701, 2016.

GARZÓN, J.; KINSHUK; BALDIRIS, S.; GUTIÉRREZ, J.; PAVÓN, J. How do pedagogical approaches affect the impact of augmented reality on education? A meta-analysis and research synthesis. **Educational Research Review**, v. 31, n. May, p. 100334, 2020.

GATHURA, D. M.; MUASYA, T. K.; KAHN, A. K. Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. **Livestock Science**, v. 242, p. 104306, 2020.

GIANNOTTI, G. J.; PACKER, I. U.; EUGÊNIA, M.; MERCADANTE, Z. Meta-Análise para Estimativas de Herdabilidade para Características de Crescimento Meta-Analysis for Heritability of Estimates Growth Traits in Beef Cattle. p. 1173–1180, 2005.

GIL, M. M.; GALEVA, S.; JANI, J.; KONSTANTINIDOU, L.; AKOLEKAR, R.; PLANA, M. N.; NICOLAIDES, K. H. Screening for trisomies by cfDNA testing of maternal blood in twin pregnancy: update of The Fetal Medicine Foundation results and meta-analysis. **Ultrasound in Obstetrics and Gynecology**, v. 53, n. 6, p. 734–742, 2019.

GIZAW, S. *et al.* **Characterization of indigenous breeding strategies of the sheep farming communities of Ethiopia**. Allepo: ICARDA working, 2013.

GIZAW, S.; LEMMA, S.; KOMEN, H.; ARENDONK, J. A. M. VAN. Estimates of genetic parameters and genetic trends for live weight and fleece traits in Menz sheep. **Small Ruminant Research**, v. 70, n. 2–3, p. 145–153, 2007.

GLASS, G. V. Primary, Secondary, and meta-analysis of research. **Educational Research**, v. 5, n. 10, p. 3–8, 1976.

GOWANE, G. R.; CHOPRA, A.; PRAKASH, V.; ARORA, A. L. Estimates of (co)variance components and genetic parameters for body weights and first greasy fleece weight in Malpura sheep. **Livestock Science**, v. 131, n. 1, p. 94–101, 2010.

GOWANE, G. R.; SWARNKAR, C. P.; MISRA, S. S.; KUMAR, R.; KUMAR, A.; PRINCE, L. L. Genetic parameter estimates for fecal egg counts and their relationship with growth in Avikalin and Malpura sheep. **Animal**, v. 13, n. 9, p. 1788–1796, 2019.

GREEFF, J. C.; SAFARI, E.; FOGARTY, N. M.; HOPKINS, D. L.; BRIEN, F. D.; ATKINS, K. D.; MORTIMER, S. I.; WERF, J. H. J. VAN DER. Genetic parameters for carcass and meat quality traits and their relationships to liveweight and wool production in hogget Merino rams. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 125, n. 3, p. 205–215, 2008.

GROENEWALD, P. G. J.; OLIVIER, J. J.; OLIVIER, W. J. **Heritability estimates for merino sheep obtained from a national progeny test** **South African Journal of Animal Sciences**, 1999.

GUPTA, J. P.; SACHDEVA, G. K.; GANDHI, R. S.; CHAKARAVARTY, A. K. Developing multiple-trait prediction models using growth and production traits in murrah buffalo. **Buffalo Bulletin**, v. 34, n. 3, p. 347–355, 2015.

HANFORD, K. J.; VLECK, L. D. VAN; SNOWDER, G. D. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 630–640, jun. 2003.

HANFORD, K. J.; VLECK, L. D. VAN; SNOWDER, G. D. Estimates of genetic parameters and genetic trend for reproduction, weight, and wool characteristics of Polypay sheep. **Livestock Science**, v. 102, n. 1–2, p. 72–82, jun. 2006.

HEDGES, L. V. Meta-Analysis. **Journal of Educational Statistics**, v. 17, n. 4, p. 279–296, 1992.

HEDGES, L. V.; VEVEA, J. L. Fixed- and Random-Effects Models in Meta-Analysis. **Psychological Methods**, v. 3, n. 4, p. 486–504, 1998.

HIGGINS, J. P. T.; THOMPSON, S. G.; DEEKS, J. J.; ALTMAN, D. G. Measuring inconsistency in meta-analyses. **British Medical Journal**, v. 327, n. 7414, p. 557–560, 2003.

HOSSEIN-ZADEH, N. G. Estimates of genetic parameters and genetic trends for production and reproduction traits in Iranian buffaloes (*Bubalus bubalis*). **Animal Production Science**, v. 57, n. 2, p. 216–222, 2016.

HOSSEIN-ZADEH, N. G. Estimation of genetic and phenotypic relationships between age at first calving and productive performance in Iranian Holsteins. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43, p. 967–973, 2011.

HOSSEIN-ZADEH, N. G.; NOORI, R.; SHADPARVAR, A. A. Genetic analysis of longevity and lamb survival from birth to yearling in moghani sheep. **Journal of Applied Animal Research**, v. 46, n. 1, p. 1363–1369, 2018.

HUISMAN, A. E.; BROWN, D. J. Genetic parameters for bodyweight, wool, and disease resistance and reproduction traits in Merino sheep. 2. Genetic relationships between bodyweight

- traits and other traits. **Animal Production Science**, v. 48, n. 4, p. 1186–1193, 2008.
- HUISMAN, A. E.; BROWN, D. J.; BALL, A. J.; GRASER, H. U. Genetic parameters for bodyweight, wool, and disease resistance and reproduction traits in Merino sheep. 1. Description of traits, model comparison, variance components and their ratios. **Animal Production Science**, v. 48, n. 4, p. 1177–1185, 2008.
- HUNTER, J. E.; SCHMIDT, F. L. Fixed Effects vs. Random Effects Meta-Analysis Models: Implications for Cumulative Research Knowledge. **International Journal of Selection and Assessment**, v. 8, n. 4, p. 275–292, 2000.
- INGHAM, V. M.; FOGARTY, N. M.; GILMOUR, A. R.; AFOLAYAN, R. A.; CUMMINS, L. J.; GAUNT, G. M.; STAFFORD, J.; EDWARDS, J. E. H. Genetic evaluation of crossbred lamb production. 4. Genetic parameters for first-cross animal performance. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 58, n. 8, p. 839–846, 2007.
- JAFAROGHLI, M.; RASHIDI, A.; MOKHTARI, M. S.; SHADPARVAR, A. A. (Co)Variance components and genetic parameter estimates for growth traits in Moghani sheep. **Small Ruminant Research**, v. 91, n. 2–3, p. 170–177, 2010.
- JAKHAR, V.; VINAYAK, A. K.; SINGH, K. P. Genetic Evaluation of Performance Attributes in Murrah Buffaloes. v. 55, n. 1, p. 66–69, 2016.
- JAKHAR, V.; YADAV, A. S.; DHAKA, S. S. Estimation of Genetic Parameters for Production and Reproduction Traits in Murrah Buffaloes. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, v. 6, n. 11, p. 4297–4303, 2017.
- JAMES, P. J.; PONZONI, R. W.; WALKLEY, J. R. W.; WHITELEY, K. J. Genetic parameters for wool production and quality traits in South Australian Merinos of the Collinsville family group. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 41, n. 3, p. 583–594, 1990.
- JEMBERE, T.; DESSIE, T.; RISCHKOWSKY, B.; KEBEDE, K.; MWAI, A. O.; HAILE, A. Meta-analysis of average estimates of genetic parameters for growth, reproduction and milk production traits in goats. **Small Ruminant Research**, 2017.
- JIMENÉZ, L. A. S. **Variabilidad genética de ácidos grasos y fracciones nitrogenadas en leche de bovinos**. [s.l.] Universidad Autónoma Chapingo, 2019.
- JOPSON, N. B.; MCEWAN, J. C.; LOGAN, C. M.; MUIR, P. D. Genetic parameters for primal cut meat yield traits in sheep. **Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production**, v. 69, n. Table 1, p. 215–219, 2009.
- KADARMIDEEN, H. N.; THOMPSON, R.; SIMM, G. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. **Animal Science**, v. 71, n. 3, p. 411–419, 2000.
- KAMAL EL-DEN, M.; MOHAMMED, K.; SAUDI, E. Estimation of Genetic and Non-Genetic Factors Influencing Growth Traits Performance of Egyptian Buffalo وعوامل الوراثة التي تؤثر على نمو صفات على توتّر الوراثة. **Journal of Animal and Poultry**

Production, v. 11, n. 10, p. 383–388, 2020.

KAMJOO, B.; BANEH, H.; YOUSEFI, V.; MANDAL, A.; RAHIMI, G. Genetic parameter estimates for growth traits in Iran-Black sheep. **Journal of Applied Animal Research**, v. 42, n. 1, p. 79–88, 2 jan. 2014.

KARAMICHOU, E.; RICHARDSON, R. I.; NUTE, G. R.; MCLEAN, K. A.; BISHOP, S. C. Genetic analyses of carcass composition, as assessed by X-ray computer tomography, and meat quality traits in Scottish Blackface sheep. **Animal Science**, v. 82, n. 2, p. 151–162, 2006.

KARIUKI, C. M.; ILATSIA, E. D.; KOSGEY, I. S.; KAHN, A. K. Direct and maternal (co)variance components, genetic parameters and annual trends for growth traits of Dorper sheep in semi-arid Kenya. **Tropical Animal Health and Production**, v. 42, n. 3, p. 473–481, 2010.

KARSHIMA, S. N.; MAIKAI, B. V.; KWAGA, J. K. P. Helminths of veterinary and zoonotic importance in Nigerian ruminants: A 46-year meta-analysis (1970-2016) of their prevalence and distribution. **Infectious Diseases of Poverty**, v. 7, n. 1, p. 1–15, 2018.

KHATTAB, A. S.; EL-AWADY, H. G.; EL-ARIAN, M. N.; MOURAD, K. A. Genetic analysis of some performance traits using an animal model in a herd of egyptian buffaloes. **Egyptian Journal of Animal Production**, v. 40, n. 1, p. 15–26, 2003.

KIYA, C. K.; PEDROSA, V. B.; MUNIZ, K. F. A.; GUSMÃO, A. L.; PINTO, L. F. B. Estimates of the genetic parameters of a Dorper flock in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 171, n. July 2018, p. 57–62, 2019.

KUMAR, M.; VOHRA, V.; RATWAN, P.; VALSALAN, J.; PATIL, C. S.; CHAKRAVARTY, A. K. Estimates of genetic parameters for fat yield in Murrah buffaloes. **Veterinary World**, v. 9, p. 295–298, 2016.

KUMAR, V.; CHAKRAVARTY, A. K.; PATIL, C. S.; VALSALAN, J.; MAHAJAN, A. Estimate of genetic and non-genetic parameters for age at first calving in Murrah buffalo. **Indian Journal of Animal Sciences**, v. 85, n. 1, p. 84–85, 2015.

KURALKAR, S. V.; RAHEJA, K. L. Relationships among early performance, lifetime production and reproduction traits in murrah buffaloes. **Indian Journal of Animal Sciences**, v. 67, n. 9, p. 798–801, 1997.

LAMBPLAN. **The Breeder's Guide - A breeder's guide to LAMBPLAN, Merino Genetic Services and KIDPLAN**. [s.l.] Meat & Livestock Australia Limited, 2004.

LEAN, I. J.; RABIEE, A. R.; DUFFIELD, T. F.; DOHOO, I. R. Use of meta-analysis in animal health and reproduction : Methods and applications. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 8, p. 3545–3565, 2009.

MACASKILL, P.; WALTER, S. D.; IRWIG, L. A comparison of methods to detect publication bias in meta-analysis. **Statistics in Medicine**, v. 20, p. 641–654, 2001.

MADAD, M.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Genetic and phenotypic

parameters for productive traits in the first three lactations of Khuzestan buffaloes in Iran. **Archives Animal Breeding**, v. 56, n. 1, p. 423–429, 2013.

MALHADO, C. H. M.; AMORIM, A.; SOUZA, L.; MARIA, D.; RIBEIRO, M.; ROBERTO, P.; MELLO, A. DE; GOMES, D.; DE, J. C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 10, n. 4, p. 1216–1216, 2009.

MALHADO, C. H. M.; MALHADO, A. C. M.; RAMOS, A. DE A.; CARNEIRO, P. L. S.; SOUZA, J. C. DE; PALA, A. Genetic parameters for milk yield, lactation length and calving intervals of murrah buffaloes from Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 8, p. 565–569, 2013.

MALHADO, C. H. M.; MENDES MALHADO, A. C.; AMORIM RAMOS, A.; SOUZA CARNEIRO, P. L.; SIEWERDT, F.; PALA, A. Genetic parameters by Bayesian inference for dual purpose Jaffarabadi buffaloes. **Archives Animal Breeding**, v. 55, n. 6, p. 567–576, 2012.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. D. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, J. C. DE. Improvement and population structure of Mediterranean water buffaloes raised in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 2, p. 215–220, 2008.

MARQUES, L. C.; MCMANUS, C.; PERIPOLLI, V.; ARAÚJO, C. V.; MATOS, A. S.; COSTA, J. S.; SILVA, C. S.; SALES, R. L.; CAMARGO, R. N. C.; LAUREANO, M. M. M.; MARQUES, J. R. F. Genetic evaluation of milking buffaloes (*Bubalus bubalis*): Bull ranking. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 71, n. 5, p. 1712–1718, 2019.

MASSENDER, E.; BRITO, L. F.; CÁNOVAS, A.; BAES, C. F.; KENNEDY, D.; SCHENKEL, F. S. A genetic evaluation of growth, ultrasound, and carcass traits at alternative slaughter endpoints in crossbred heavy lambs. **Journal of animal science**, 2018.

MASSENDER, E.; BRITO, L. F.; KENNEDY, D.; CANOVAS, A.; SCHENKEL, F. S. Genetic parameter estimates for post-weaning growth, ultrasound, and carcass traits in Canadian heavy lambs. **Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v. Electronic, p. 746, 2018.

MATEBESI-RANTHIMO, P. A.; CLOETE, S. W.; WYK, J. B. VAN; OLIVIER, J. J. Genetic parameters and relationships of faecal worm egg count with objectively measured wool traits in the Tygerhoek Merino flock. **South African Journal of Animal Science**, v. 44, n. 2, p. 178, 2014.

MATIKA, O.; WYK, J. B. VAN; ERASMUS, G. J.; BAKER, R. L. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. **Livestock Production Science**, v. 79, n. 1, p. 17–28, 2003.

MAXA, J.; NORBERG, E.; BERG, P.; PEDERSEN, J. Genetic parameters for growth traits and litter size in Danish Texel, Shropshire, Oxford Down and Suffolk. **Small Ruminant Research**, v. 68, n. 3, p. 312–317, 2007.

- MAXA, J.; NORBERG, E.; BERG, P.; PEDERSEN, J. Genetic parameters for carcass traits and in vivo measured muscle and fat depth in Danish Texel and Shropshire. **Acta Agriculturae Scandinavica A: Animal Sciences**, v. 57, n. 2, p. 49–54, 2007.
- MCMANUS, C.; PINTO, B. F.; MARTINS, R. F. S.; LOUVANDINI, H.; PAIVA, S. R.; NETO, J. B.; PAIM, T. DO P. Selection objectives and criteria for sheep in Central Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, n. 12, p. 2713–2720, 2011.
- MENDES MALHADO, C. H.; AMORIM RAMOS, A.; SOUZA CARNEIRO, P. L.; SOUZA, J. C. DE; LAMBERSON, W. R. Genetic and phenotypic trends for growth traits of buffaloes in Brazil. **Italian Journal of Animal Science**, v. 6, n. SUPPL. 2, p. 325–327, 2007.
- MENDOZA-SÁNCHEZ, G.; CARDONA, H.; TEIXEIRA JUNIOR, D. J.; ASPILCUETA-BORQUIS, R.; SESANA, R.; CERÓN-MUÑOZ, M.; TONHATI, H. Genetic parameters for the somatic cells count in the milk of buffaloes using ordinary test day models. **Italian Journal of Animal Science**, v. 6, n. SUPPL. 2, p. 299–302, 2007.
- MILLER, J. E.; BISHOP, S. C.; COCKETT, N. E.; MCGRAW, R. A. Segregation of natural and experimental gastrointestinal nematode infection in F2 progeny of susceptible Suffolk and resistant Gulf Coast Native sheep and its usefulness in assessment of genetic variation. **Veterinary Parasitology**, v. 140, n. 1–2, p. 83–89, 2006.
- MOHAMMADI, K.; ABDOLLAHI-ARPAHAHI, R.; AMRAEI, F.; MOHAMADI, E. M.; RASHIDI, A. Genetic parameter estimates for growth and reproductive traits in Lori sheep. **Small Ruminant Research**, v. 131, p. 35–42, 2015.
- MORAES, J. C. F.; OLIVEIRA, N. M. DE. Heritability of scrotal circumference in Corriedale rams. **Small Ruminant Research**, v. 8, n. 1–2, p. 167–170, 1992.
- MORAMMAZI, S.; TORSHIZI, R.; ROUZBEHAN, Y.; SAYYADNEJAD, M. B. Estimates of genetic parameters for production and reproduction traits in Khuzestan buffalos. **Italian Journal of Animal Science**, v. 6, n. sup2, p. 421–424, 2007.
- MORTIMER, S. I. *et al.* Genetic correlations between meat quality traits and growth and carcass traits in Merino sheep. **Journal of Animal Science**, n. 2, p. 1–27, 2018.
- MORTIMER, S. I. *et al.* Preliminary estimates of genetic parameters for carcass and meat quality traits in Australian sheep. **Animal Production Science**, v. 50, n. 11–12, p. 1135–1144, 2010.
- MORTIMER, S. I.; ATKINS, K. D. Genetic evaluation of production traits between and within flocks of Merino sheep. I. Hogget fleece weights, body weight and wool quality. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 40, n. 2, p. 433–443, 1989.
- MORTIMER, S. I.; HATCHER, S.; FOGARTY, N. M.; WERF, J. H. J. VAN DER; BROWN, D. J.; SWAN, A. A.; GREEFF, J. C.; REFSHAUGE, G.; HOCKING EDWARDS, J. E.; GAUNT, G. M. Genetic parameters for wool traits, live weight, and ultrasound carcass traits in merino sheep. **Journal of Animal Science**, v. 95, n. 5, p. 1879–1891, 2017.
- MOSTAFA, M.; DARWISH, S.; ABD EL-FATAH, M. Estimation of Genetic Parameters for

Some Production and Reproduction Traits Using Different Animal Models in Egyptian Buffaloes. **Journal of Animal and Poultry Production**, v. 8, n. 2, p. 21–25, 2017.

MOURAD, K. A. M.; KHATTAB, A. S. A comparison between different selection indices for some productive traits on Egyptian buffaloes. **Archives Animal Breeding**, v. 52, n. 5, p. 476–484, 2009.

MPETILE, Z.; CLOETE, S. W. P.; KRUGER, A. C. M.; DZAMA, K. Environmental and genetic factors affecting faecal worm egg counts in Merinos divergently selected for reproduction. **South African Journal of Animal Sciences**, v. 45, n. 5, p. 510–520, 2015.

MRODE, R.; DZIVENU, C. E.; MARSHALL, K.; CHAGUNDA, M. G. G.; MUASA, B. S.; OJANGO, J.; OKEY, A. M. Phenomics and its potential impact on livestock development in low-income countries: Innovative applications of emerging related digital technology. **Animal Frontiers**, v. 10, n. 2, p. 6–11, 2020.

NABAVI, R.; ALIJANI, S.; TAGHIZADEH, A.; RAFAT, S. A.; BOHLOULI, M. Genetic study of reproductive traits in Iranian native Ghezel sheep using Bayesian approach. **Small Ruminant Research**, v. 120, n. 2–3, p. 189–195, 2014.

NAIDOO, P.; CLOETE, S. W. P.; OLIVIER, J. J. Heritability estimates and correlations between subjectively assessed and objectively measured fleece traits in Merino sheep. **South African Journal of Animal Sciences**, v. 34, n. 6SUPPL.2, p. 38–40, 2004.

NAZARI, M.; FAYAZI, J.; TABATABAEI, S.; AGHAEI, A.; MAMOEI, M. **Investigation of the genetic and phenotypic potential of productive traits using the uni and multiple traits animal model hi river buffalo** *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 2010.

NDUNG, C. W.; OKENO, T. O.; MUASYA, T. K. POOLED PARAMETER ESTIMATES FOR TRAITS OF ECONOMIC IMPORTANCE IN INDIGENOUS CHICKEN IN THE TROPICS. **Livestock Science**, 2020.

NGERE, L.; BURKE, J. M.; HERRING, A. D.; SANDERS, J. O.; CRAIG, T. M.; WYK, J. A. VAN; RILEY, D. G. Utilization of year-round data in the estimation of genetic parameters for internal parasite resistance traits in Dorper sheep. **Small Ruminant Research**, v. 151, n. September 2016, p. 5–10, 2017.

NGERE, L.; BURKE, J. M.; MORGAN, J. L. M.; MILLER, J. E.; NOTTER, D. R. Genetic parameters for fecal egg counts and their relationship with body weights in katahdin lambs. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 5, p. 1590–1599, 2018.

NOTTER, D. R.; NGERE, L.; BURKE, J. M.; MILLER, J. E.; MORGAN, J. L. M. Genetic parameters for ewe reproductive performance and peri-parturient fecal egg counts and their genetic relationships with lamb body weights and fecal egg counts in Katahdin sheep. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 5, p. 1579–1589, 2018.

OLIVEIRA, D. P.; BARROS, C. C.; ARAUJO NETO, F. R.; LOURENÇO, D. A. L.; HURTADO-LUGO, N. A.; TONHATI, H. **Principal Components for Reproductive and**

Productive Traits in Buffaloes from Brazil D.P. Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...**2014

OLIVEIRA, E. J.; SAVEGNAGO, R. P.; FREITAS, L. A. DE; FREITAS, A. P.; MAIA, S. R.; SIMILI, F. F.; FARO, L. EL; COSTA, R. L. D. DA; SANTANA JÚNIOR, M. L.; PAZ, C. C. P. DE. Estimates of genetic parameters and cluster analysis for worm resistance and resilience in Santa Inês meat sheep. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 53, n. 12, p. 1338–1345, 2018.

OLIVEIRA, H. R. DE; VENTURA, H. T.; COSTA, E. V.; PEREIRA, M. A.; VERONEZE, R.; DUARTE, M. D. S.; DIAS DE SIQUEIRA, O. H. G. B.; FONSECA E SILVA, F. Meta-analysis of genetic-parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits in Nellore cattle by using a random-effects model. **Animal Production Science**, v. 58, n. 9, p. 1575–1583, 2017.

PANDYA, G. M.; JOSHI, C. G.; RANK, D. N.; KHARADI, V. B.; BRAMKSHTRI, B. P.; VATALIYA, P. H.; DESAI, P. M.; SOLANKI, J. V. Genetic analysis of body weight traits of Surti buffalo. **Buffalo Bulletin**, v. 34, n. 2, 2015.

PAREEK, N. K.; NARANG, R. Genetic analysis of first lactation persistency and milk production traits in graded Murrah buffaloes. **Buffalo Bulletin**, v. 33, n. 4, p. 332–336, 2014.

PARLATO, E.; VLECK, L. D. VAN. Effect of parentage misidentification on estimates of genetic parameters for milk yield in the Mediterranean Italian buffalo population. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 7, p. 4059–4064, 2012.

PARMAR, G. A.; GUPTA, J. P.; CHAUDHARI, J. D.; PANDEY, D. P.; PRAJAPATI, B. M.; SATHWARA, R. N.; PATEL, P. A. Study of genetic and non genetic factors affecting age at first calving and wet average in mehsana buffaloes. **Buffalo Bulletin**, v. 38, n. 1, p. 11–17, 2019.

POPA, D.; VIDU, L.; POPA, R.; ... G. M.-... DE ŞTIINŢE A. ŞI; 2017, U. Genetic determinism estimate for the mastitis resistance in Romanian buffalo. **Cabdirect.Org**, v. 67, p. 147–150, 2017.

POPA, R. A.; POPA, D. C.; VIDU, L.; DIACONESCU, C.; BACILA, V.; BOTA, A.; DRONCA, D. Genetic Parameters Estimates for Milk Yield, Milk Quality and Mozzarella Production of Romanian Buffalo. **Bulletin of University of Agricultural Sciences and Veterinary Medicine Cluj-Napoca. Animal Science and Biotechnologies**, v. 71, n. 2, 2014.

POPA, R.; POPA, D.; VIDU, L.; NICOLAE, C.; MAFTEI, M. Establish the selection objective using a competitiveness index for romanian buffalo. **Scientific Papers. Serie D. Animal science**, v. LXI, n. 2, p. 11–15, 2018.

PRAKASH, V.; PRINCE, L. L. L.; GOWANE, G. R.; ARORA, A. L. The estimation of (co)variance components and genetic parameters for growth traits and Kleiber ratios in Malpura sheep of India. **Small Ruminant Research**, v. 108, n. 1–3, p. 54–58, 2012.

PRINCE, L. L. L.; GOWANE, G. R.; CHOPRA, A.; ARORA, A. L. Estimates of (co)variance components and genetic parameters for growth traits of Avikalin sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 42, n. 6, p. 1093–1101, 2010.

- QUINTON, C.; KENNEDY, D.; STACHOWICZ, K.; MILLER, S. **Economic Breeding Objectives for Canadian Lamb** Proceedings, 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. **Anais...**2014Disponível em: <<http://www.wcgalp.org/system/files/proceedings/2014/economic-breeding-objectives-canadian-lamb.pdf>>
- ROSATI, A.; MOUSA, E.; VLECK, L. D. VAN; YOUNG, L. D. Genetic parameters of reproductive traits in sheep. **Small Ruminant Research**, v. 43, n. 1, p. 65–74, 2002.
- ROSATI, A.; VLECK, L. D. VAN. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Livestock Production Science**, v. 74, n. 2, p. 185–190, 2002.
- SAFARI, A.; GHAVI HOSSEIN-ZADEH, N.; SHADPARVAR, A. A.; ABDOLLAHI ARPANAHI, R. A review on breeding and genetic strategies in Iranian buffaloes (*Bubalus bubalis*). **Tropical Animal Health and Production**, v. 50, n. 4, p. 707–714, 2018.
- SAFARI, E.; FOGARTY, N. M.; GILMOUR, A. R. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. **Livestock Production Science**, v. 92, n. 3, p. 271–289, 2005.
- SAFARI, E.; FOGARTY, N. M.; TAYLOR, P. J.; HOPKINS, D. L. Genetic parameters for meat quality and carcass traits in Australian merino sheep. **Proceedings of the Australian Association of Animal Breeding and Genetics**, v. 14, p. 1998–2001, 2001.
- SAHOO, S. K.; SINGH, A.; GUPTA, A. K.; CHAKRAVARTY, A. K.; SINGH, M.; AMBHORE, G. S. Estimation of genetic parameters of weekly test-day milk yields and first lactation 305-day milk yield in Murrah buffaloes. **Veterinary World**, v. 7, n. 12, p. 1094–1098, 2014.
- SALLAM, A. M.; IBRAHIM, A. H.; ALSHEIKH, S. M. Genetic evaluation of growth in Barki sheep using random regression models. **Tropical Animal Health and Production**, v. 51, n. 7, p. 1893–1901, 2019.
- SARUBBI. Milk Yield and Quality to Estimate Genetic Parameters in Buffalo Cows. **Journal of Buffalo Science**, v. 1, n. 1, p. 102–106, 2012.
- SARMENTO, J. L. R.; RODRIGUES, F. N.; LEAL, T. M.; ARAÚJO, A. M.; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. Genetic parameters for worm resistance in Santa Inês sheep using the Bayesian animal model. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 00, n. 00, p. 1–7, 2020.
- SAVAR-SOFLA, S.; NEJATI-JAVAREMI, A.; ABBASI, M. A.; VAEZ-TORSHIZI, R.; CHAMANI, M. Investigation on direct and maternal effects on growth traits and the kleiber ratio in moghani sheep. **World Applied Sciences Journal**, v. 14, n. 9, p. 1313–1319, 2011.
- SCHÜCHEN, R. H.; MÜCKE, M.; MARINOVA, M.; KRAVCHENKO, D.; HÄUSER, W.; RADBRUCH, L.; CONRAD, R. Systematic review and meta-analysis on non-opioid analgesics in palliative medicine. **Journal of Cachexia, Sarcopenia and Muscle**, v. 9, n. 7, p. 1235–1254,

2018.

SCHWARZER, G.; CARPENTER, J. R.; RUCKER, G. **Meta- Analysis with R**. New York, London: Springer International Publishing Switzerland, 2015.

SHAHIN, K. A.; ABDALLAH, O. Y.; FOODA, T. A.; MOURAD, K. A. Selection indexes for genetic improvement of yearling weight in Egyptian buffaloes. **Archives Animal Breeding**, v. 53, n. 4, p. 436–446, 2010.

SHALABY, N.; OUDAH, E.; EL-SHARKAWY, Y. Comparison Between Some Productive and Reproductive Traits and Genetic Parameters in the First Three Lactations in Egyptian Buffaloes. **Journal of Animal and Poultry Production**, v. 7, n. 3, p. 113–119, 2016.

SHIOTSUKI, L.; OLIVEIRA, D. P. DE; LÔBO, R. N. B.; FACÓ, O. Genetic parameters for growth and reproductive traits of Morada Nova sheep kept by smallholder in semi-arid Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 120, n. 2–3, p. 204–208, 2014.

SIBHAT, B.; ASMARE, K.; DEMISSIE, K.; AYELET, G.; MAMO, G.; AMENI, G. Bovine tuberculosis in Ethiopia: A systematic review and meta-analysis. **Preventive Veterinary Medicine**, v. 147, n. April, p. 149–157, 2017.

SILVEIRA, E. S.; REZENDE, M. P. G. DE; CARNEIRO, P. L. S.; OLIVEIRA, I. R.; MALHADO, C. H. M. Parâmetros genéticos para peso até um ano de idade em búfalos da raça Mediterrânea estimada por Inferência Bayesiana. **Livestock Research for Rural Development**, v. 29, n. 1, p. 1–8, 2017.

SINGH, C. V.; BARWAL, R. S. Use of Different Animal Models in Prediction of Genetic Parameters of First Lactation and Herd Life Traits of Murrah Buffaloes C.V. **indian journal of dairy science**, v. 65, n. 5, p. 399–404, 2012.

SNYMAN, M. A.; ERASMUS, G. J.; WYK, J. B. VAN; OLIVIER, J. J. Direct and maternal (co) variance components and heritability estimates for body weight at different ages and fleece traits in Afrino sheep. **Livestock Production Science**, v. 44, n. 3, p. 229–235, 1995.

SUHAIL, S. M.; QURESHI, M. S. **GENETIC EVALUATION OF DAIRY BUFFALOES**. 1st. ed. Saarbruecken: VDM Verlag Dr. Müller Aktiengesellschaft & Co, 2010.

SUHAIL, S. M.; QURESHI, M. S.; KHAN, S.; DURRANI, F. R. Inheritance of Economic Traits of Dairy Buffaloes in Pakistan. v. 25, n. 1, 2009.

SWAN, A. A.; BANKS, R. G.; BROWN, D. J.; CHANDLER, H. R. An update on genetic progress in the Australian sheep industry. **Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.**, v. 22, n. January, p. 365–368, 2017.

SWAN, A. A.; WERF, J. H. J. VAN DER; ATKINS, K. D. **DEVELOPMENTS IN BREEDING OBJECTIVES FOR THE AUSTRALIAN SHEEP INDUSTRY** Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet. **Anais...**2007

TAGHI, B. N. M.; ASEFI, A.; KARAMI, M.; FAYAZI, J. Bayesian Estimation of Genetic

Parameters of Growth Traits in Zandi Sheep. **Basrah Journal of Veterinary Research**, v. 15, n. 3, p. 236–253, 2016.

TALEBI, E. Heritability estimates for some growth traits and Kleiber ratios in Karakul sheep. **Indian Journal of Animal Sciences**, v. 82, n. 6, p. 620–623, 2012.

THEVAMANO HARAN, K. T.; ANDEPITTE, W. V.; OHIUDDIN, G. M.; AVED, K. J. Animal Model Heritability Estimates for Various Production and Reproduction Traits of Nili-Ravi Buffaloes. **Pakistan Journal of Agricultural Science**, v. 39, n. 1, p. 357–361, 2002.

THEVAMANO HARAN, K.; VANDEPITTE, W.; CHANTALAKHANA, C.; MOHIUDDIN, G. RESTRICTED MAXIMUM LIKELIHOOD ANIMAL MODEL ESTIMATES OF HERITABILITY FOR VARIOUS GROWTH TRAITS AND BODY MEASUREMENTS OF SWAMP BUFFALOES. **Pakistan Journal of Agricultural Science**, v. 38, n. 1–2, p. 19–22, 2001.

THIRUVENKADAN, A. K.; KARUNANITHI, K.; MURALIDHARAN, J.; NARENDRA BABU, R. Genetic analysis of pre-weaning and post-weaning growth traits of Mecheri sheep under dry land farming conditions. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 24, n. 8, p. 1041–1047, 2011.

TOE, F.; REGE, J. E. O.; MUKASA-MUGERWA, E.; TEMBELY, S.; ANINDO, D.; BAKER, R. L.; LAHLOU-KASSI, A. Reproductive characteristics of Ethiopian highland sheep I. Genetic parameters of testicular measurements in ram lambs and relationship with age at puberty in ewe lambs. **Small Ruminant Research**, v. 36, n. 3, p. 227–240, 2000.

TONHATI, H.; VASCONCELLOS, F. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 117, n. 5, p. 331–336, 2000.

VANIMISETTI, H. B.; ANDREW, S. L.; ZAJAC, A. M.; NOTTER, D. R. Inheritance of fecal egg count and packed cell volume and their relationship with production traits in sheep infected with *Haemonchus contortus*. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 6, p. 1602–1611, 2004.

VATANKHAH, M.; TALEBI, M. A. Heritability estimates and correlations between production and reproductive traits in Lori-Bakhtiari sheep in Iran. **South African Journal of Animal Sciences**, v. 38, n. 2, p. 110–118, 2008.

VILELA, R. N. DA S.; SENA, T. M.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; OLIVEIRA SENO, L. DE; ARAUJO NETO, F. R. DE; SCALEZ, D. C. B.; TONHATI, H. Genetic correlations and trends for traits of economic importance in dairy buffalo. **Animal Production Science**, v. 60, n. 4, p. 492–496, 2020.

VRIEZEN, R.; SARGEANT, J. M.; VRIEZEN, E.; REIST, M.; WINDER, C. B.; O’CONNOR, A. M. Systematic reviews and meta-analyses in animal health, performance, and on-farm food safety: A scoping review. **Animal Health Research Reviews**, v. 20, n. 2, p. 116–127, 2019.

WALDRON, D. F.; CLARKE, J. N.; RAE, A. L.; KIRTON, A. H.; BENNETT, G. L. Genetic and phenotypic parameter estimates for selection to improve lamb carcass traits. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, v. 35, n. 3, p. 287–298, 1992.

WILSON, M. L.; RITZHAUPT, A. D.; CHENG, L. The impact of teacher education courses for technology integration on pre-service teacher knowledge: A meta-analysis study. **Computers and Education**, v. 156, n. May, p. 103941, 2020.

YADAV, B. S.; YADAV, M. C.; KHAN, F. H.; SINGH, A. MURRAH BUFFALOES- II. FIRST LACTATION YIELD AND FIRST LACTATION PERIOD. **Buffalo Bulletin**, v. 21, n. 3, p. 51–54, 2002.

YADAV, T. .; SINGH, C. V. Estimation of Genetic Parameters of First Lactation and Herd Life Traits by Different Animal Models in Murrah Buffaloes. **Animal Molecular Breeding**, v. 6, n. 5, p. 1–12, 2016.

YADOLLAHI, S.; GHOLIZADEH, M.; HAFEZIAN, H. Bayesian inference on genetic parameters for some reproductive traits in sheep using linear and threshold models. **Small Ruminant Research**, v. 170, p. 149–153, 2018.

ZAJAC, A. M.; GARZA, J. Biology, Epidemiology, and Control of Gastrointestinal Nematodes of Small Ruminants. **Veterinary Clinics of North America - Food Animal Practice**, v. 36, n. 1, p. 73–87, 2020.

ZEREHDARAN, S.; GHOBAKLOO, F.; NOOGHABI, M. J.; SHARIATI, M. M. Meta-Analysis of studies on genetic parameters of economic traits in Iranian Holstein dairy cows. **Journal of ruminant research**, v. 8, p. 1–22, 2020.

ZVINOROVA, P. I.; HALIMANI, T. E.; MUCHADEYI, F. C.; MATIKA, O.; RIGGIO, V.; DZAMA, K. Breeding for resistance to gastrointestinal nematodes - the potential in low-input/output small ruminant production systems. **Veterinary Parasitology**, v. 225, p. 19–28, 2016.

ANEXOS

Anexo A - Teste de Shapiro-Wilk, Teste Q, p-valor do modelo aleatório e Teste de Begg.

Característica	Teste Shapiro-Wilk (p-Valor)	Estatística Q	p-Valor (Q)	Efeitos aleatórios (p-Valor)	Teste de correlação de postos de Begg (p-valor)
Herdabilidades					
Peso vivo ao nascer	0.2167	270.93	<0.0001	<0.0001	0.9893
Peso vivo ao desmame	0.7576	131.39	<0.0001	<0.0001	0.0607
Peso vivo aos 4 meses	0.0512	16.65	0.0198	<0.0001	0.6152
Peso vivo aos 6 meses	0.5778	91.64	<0.0001	<0.0001	0.2618
Peso vivo aos 9 meses	0.1345	4.18	0.9643	<0.0001	0.3348
Peso vivo aos 12 meses	0.0514	87.4	<0.0001	<0.0001	0.1955
Peso vivo aos 18 meses	0.4124	5.05	0.2826	<0.0001	0.1249
Ganho diário pré-desmame	0.7651	87.09	<0.0001	<0.0001	0.8232
Ganho diário pós-desmame	0.698	26.93	0.0047	<0.0001	0.6754
Taxa de parição	0.1512	46.71	<0.0001	<0.0001	0.0684
Sobrevivência até o desmame	0.08	253.85	<0.0001	<0.0001	0.0836
Cordeiro nascido / ovelha parida	0.076	115.78	<0.0001	<0.0001	0.0582
Cordeiro desmamado / ovelha parida	0.1582	71.49	<0.0001	<0.0001	0.2036
Cordeiro nascido / ovelha exposta	0.4701	91.23	<0.0001	<0.0001	0.5078
Cordeiro desmamado / ovelha exposta	0.05	43.63	<0.0001	<0.0001	0.9211
Peso total de cordeiros nascidos	0.072	212.73	<0.0001	<0.0001	0.9557
Peso total de cordeiros desmamados	0.051	85.38	<0.0001	<0.0001	0.9505
Circunferência escrotal	0.7452	20.57	0.0381	<0.0001	1.0000
Ovos por grama de fezes	0.075	140.43	<0.0001	<0.0001	0.9055
Famacha	0.2656	81.14	<0.0001	<0.0001	0.0669
Hematócrito	0.5862	32.93	0.0048	<0.0001	0.3918
Peso da lã suja	0.5918	153.83	<0.0001	<0.0001	0.1643
Peso da lã limpa	0.517	41.03	<0.0001	<0.0001	0.4120
Rendimento da lã limpa	0.2383	32.06	<0.0001	<0.0001	0.1260
Comprimento da mecha de lã	0.9082	234.6	<0.0001	<0.0001	0.3980
Diâmetro da fibra de lã	0.3665	67.34	<0.0001	<0.0001	0.4689
Área do olho de lombo ultrassom	0.4929	21.52	0.0015	<0.0001	1.0000
Profundidade do olho de lombo ultrassom	0.9418	70.48	<0.0001	<0.0001	0.2354
Espessura de gordura subcutânea ultrassom	0.075	267.10	<0.0001	<0.0001	0.1952
Peso de carcaça quente	0.0735	40.98	<0.0001	<0.0001	0.0651
Rendimento de carcaça	0.3118	1.13	0.9517	<0.0001	0.7021
Área do olho de lombo carcaça	0.8502	14.51	0.0127	<0.0001	0.8510
Profundidade do olho de lombo carcaça	0.363	12.39	0.0884	<0.0001	0.7084
Largura do olho de lombo carcaça	0.099	30.27	<0.0001	<0.0001	0.7021
Espessura de gordura subcutânea carcaça	0.055	46.94	<0.0001	<0.0001	0.9376
Correlações genéticas					
PVN x PVD	0.6021	366.35	<0.0001	<0.0001	0.9039

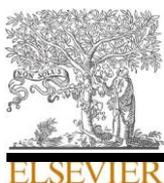
PVN x PV4	0.7951	11.4	0.022	<0.0001	0.6242
PVN x PV6	0.094	87.9	<0.0001	<0.0001	0.6597
PVN x PV9	0.103	101.96	<0.0001	<0.0001	0.3252
PVN x PV12	0.5417	76.84	<0.0001	<0.0001	0.5853
PVD x PV6	0.082	32.01	0.0014	0	0.7599
PVD x PV9	0.9839	27.77	0.0005	<0.0001	0.8348
PVD x PV12	0.5998	50.56	<0.0001	<0.0001	0.1598
PV6 x PV9	0.1809	44.95	<0.0001	<0.0001	0.4042
PV6 x PV12	0.3673	71.39	<0.0001	<0.0001	0.5312
PV9 x PV12	0.079	89.34	<0.0001	<0.0001	0.0916
PVN x pré-GMD	0.2823	16.51	0.0858	<0.0001	0.3487
PVD x pós-GMD	0.5127	29.63	0.0001	<0.0001	0.8046
PV6 x pré-GMD	0.7016	17.37	0.0152	<0.0001	0.9008
PV6 x pós-GMD	0.6922	53.98	<0.0001	<0.0001	0.4527
PV9 x pré-GMD	0.6048	5.09	0.0786	<0.0001	0.6015
PV12 x pré-GMD	0.9557	9.21	0.0267	<0.0001	0.4969
PV12 x pós-GMD	0.0944	32.43	<0.0001	<0.0001	0.6015
pré-GMD x pós-GMD	0.0758	14.26	0.0468	<0.0001	0.6207
CNOP x CDOP	0.1283	11.63	0.1687	0	0.4042
CNOP x PTCN	0.204	3.80	0.9755	<0.0001	0.0548
CNOP x PTCN	0.0788	64.83	<0.0001	<0.0001	0.5858
CDOP x PTCN	0.1845	17.20	0.102	<0.0001	0.6808
CDOP x PTCN	0.05	90.46	<0.0001	<0.0001	0.5833
PTCN x PTCN	0.095	80.12	<0.0001	<0.0001	0.7143
PLS x PVN	0.8353	6.30	0.5048	<0.0001	0.7084
PLS x PVD	0.4217	2.71	0.4384	<0.0001	1.0000
PLS x PV12	0.7516	2.80	0.591	<0.0001	0.7815
PLS x CML	0.0683	18.64	0.0022	<0.0001	0.5730
EPG x PV	0.9694	18518.2	0	<0.0001	0.4901
OPG x FAM	0.500	5.83	0.2125	<0.0001	1.0000
OPG x HCT	0.7952	23.97	0.0023	<0.0001	0.8348
POLUS x PV	0.1014	302.31	<0.0001	<0.0001	0.1475
EGSUS x PV	0.0791	54.12	<0.0001	<0.0001	0.7311
POLUS x PCQ	0.0152	17.68	0.0005	<0.0001	0.4969
POLUS x EGSUS	0.7435	4.81	0.777	<0.0001	0.5187
POLUS x POLC	0.9058	0.63	0.8903	<0.0001	0.1742
POLUS x AOLC	0.3393	3.03	0.3875	<0.0001	0.0709
EGSUS x EGSC	0.1557	49.09	<0.0001	<0.0001	0.6447

Anexo B - Teste de Shapiro-Wilk, Teste Q, p-valor do modelo aleatório e Teste de Begg.

Característica	Teste Shapiro-Wilk (p-Valor)	Estatística Q	p-Valor (Q)	Efeitos aleatórios (p-Valor)	Teste de correlação de postos de Begg (p-valor)
Herdabilidades					
Peso vivo ao nascimento	0.3245	140.61	<0.0001	<0.0001	0.2072
Peso vivo aos 3 meses de idade	0.8804	12.93	0.2978	<0.0001	0.337
Peso vivo aos 7 meses de idade	0.1852	62.41	<0.0001	<0.0001	0.4631
Peso vivo aos 12 meses de idade	0.0860	62.54	<0.0001	<0.0001	0.7174
Peso vivo aos 18 meses de idade	0.5783	20.75	0.0009	<0.0001	0.851
Peso vivo aos 24 meses de idade	0.4568	2.47	0.9296	<0.0001	0.083
Peso vivo aos 36 meses de idade	0.1321	1.56	0.8152	0.0017	0.8005
Idade ao primeiro parto	0.3411	99.97	<0.0001	<0.0001	0.2506
Peso vivo ao primeiro parto	0.0775	21.46	0.0007	<0.0001	0.3476
Intervalo entre partos	0.1185	22.9	0.0286	<0.0001	0.6242
Primeiro intervalo entre partos	0.1504	24.74	0.1007	<0.0001	0.7045
Período de serviço	0.0996	31.20	0.0052	<0.0001	0.6918
Duração da lactação	0.5054	27.63	0.0679	<0.0001	0.7263
Duração da primeira lactação	0.5122	14.79	0.2530	<0.0001	0.0568
Período seco	0.3663	17.79	0.0865	<0.0001	0.5362
Produção de leite no pico da lactação	0.6125	20.64	0.0043	<0.0001	0.1025
Produção de leite na primeira lactação	0.498	116.33	<0.0001	<0.0001	0.9857
Produção de leite na lactação total	0.251	339.37	<0.0001	<0.0001	0.0603
Produção de leite ajustado para 270 dias	0.7213	29.34	0.0094	<0.0001	0.5511
Produção de leite ajustado para 305 dias	0.368	164.51	<0.0001	<0.0001	0.7699
Produção de gordura no leite	0.8809	72.34	<0.0001	<0.0001	0.4171
Produção de proteína no leite	0.9681	47.56	<0.0001	<0.0001	0.5521
Produção de lactose no leite	0.9992	0.41	0.9376	0.0003	0.1742
Percentual de gordura no leite	0.8224	45.56	0.0001	<0.0001	0.4092
Percentual de proteína no leite	0.0528	56.75	<0.0001	<0.0001	0.9513
Produção de queijo mozzarella	0.0806	15.97	0.0011	<0.0001	0.4969
Escore de células somáticas	0.7370	28.64	<0.0001	<0.0001	0.8806
Correlações genéticas					
PVN x PV3	0.115	29.91	0.0009	0.0006	0.6971
PVN x PV12	0.631	14.71	0.0650	<0.0001	0.5947
PV3 x PV12	0.2277	29.11	<0.0001	<0.0001	0.851
PV12 x PV24	0.1083	8.84	0.0652	<0.0001	0.0522
PVN x IPP	0.0515	0.15	0.9974	<0.0001	1
PVN x PL	0.3562	24.30	<0.0001	<0.0001	1
PVN x DL	0.2351	0.13	0.9391	<0.0001	0.6015
DL x IPP	0.2798	4.40	0.9275	0.0009	0.4835
DL x IP	0.0521	69.09	<0.0001	<0.0001	0.4641
DL x PSC	0.2188	2.84	0.7240	<0.0001	0.851
DL x PS	0.4413	31.38	0.0001	<0.0001	0.6767

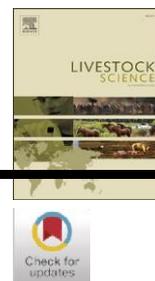
IPP x IP	0.966	25.00	0.0016	<0.0001	0.4042
IP x PSC	0.1085	31.43	<0.0001	<0.0001	0.6207
IP x PS	0.0596	184.89	<0.0001	<0.0001	0.3473
PSC x PS	0.5286	875.84	<0.0001	<0.0001	0.6002
PLLT x DL	0.5173	29.55	0.0005	<0.0001	0.5312
PL x DL	0.5132	44.17	0.0034	<0.0001	0.874
PL x PLPI	0.6535	5.44	0.0658	<0.0001	0.1172
PL x IPP	0.2096	27.93	0.0458	0.0302	0.8498
PL x PSC	0.2346	471.52	<0.0001	0.0384	0.2971
PL x IP	0.0552	393.98	<0.0001	0.0039	0.1388
PL x PS	0.263	2.46	0.8724	<0.0001	0.1765
PL x GOR%	0.6622	226.14	<0.0001	<0.0001	0.337
PL x PG	0.0887	34.70	<0.0001	<0.0001	1
PL x PQM	0.4244	40.72	<0.0001	0	0.6015
PL x PTN%	0.2072	14.66	0.0662	<0.0001	0.6767
PL x PP	0.753	6.53	0.3663	0	0.7613
PL x ECS	0.1688	8.43	0.1339	<0.0001	0.1885
PG x GOR%	0.155	4.31	0.2303	<0.0001	0.4969
PG x ECS	0.5551	0.89	0.8284	0.0091	1.000
PP x ECS	0.5015	6.36	0.0954	0.0221	0.4869
GOR% x PTN%	0.3588	67.25	<0.0001	<0.0001	0.5316
PP x PG	0.215	104.63	<0.0001	<0.0001	0.4475
PP x PTN%	0.8074	41.08	<0.0001	<0.0001	0.6015
PG x ECS	0.4072	0.27	0.8733	0.0244	0.6015

Anexo C - Primeira folha do artigo publicado na revista Livestock Science em 19/03/2021.
Capítulo 1. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104477>



Contents lists available at [ScienceDirect](https://www.sciencedirect.com)

Livestock Science



Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in sheep

Bruno Delphino Medrado ^{a,b}, Victor Breno Pedrosa ^c, Luís Fernando Batista Pinto ^{b,*}

^a Instituto Federal Baiano, Campus Santa Inês, Rod. Ubaira-Santa Inês, Km 2,5, zona rural, Santa Inês, Bahia, Brazil

^b Federal University of Bahia, 500, Av. Adhemar de Barros, Salvador, BA, 40170110, Brazil

^c State University of Ponta Grossa, 4748, Av. General Carlos Cavalcanti, Ponta Grossa, PR, 84030900, Brazil

HIGHLIGHTS

- A meta-analysis with 191 articles was carried out to estimate genetic parameters.
- Heritabilities for 35 economics traits were estimated.
- Genetic correlations for 40 pairs of traits were estimated.
- A study of the heterogeneity of the articles was also carried out.
- Combined estimates of the genetic parameters can be used under various conditions.

ARTICLE INFO

Keywords:

Genetic correlation
Heritability
Lamb
Ovine
Selection

ABSTRACT

Very diversified studies estimated genetic parameters in sheep, and reliable estimates that account for the variation between articles can be achieved through a meta-analysis. This study proposed to carry out a meta-analysis to obtain estimates of heritability and genetic correlations for 35 traits, including growth, reproductive, resistance to parasites, wool, and carcass related traits. A total of 191 articles, 505 heritability coefficients, and 356 genetic correlations were evaluated using a random model. The meta-analysis estimated heritability ranging from 0.1213 to 0.3912 for growth traits, from 0.0398 to 0.3047 for reproductive traits, 0.1724 to 0.2582 for resistance to nematodes traits, 0.3616 to 0.5808 for wool traits, and from 0.2063 to 0.3299 for carcass traits. The estimates of genetic correlations were mainly positive and ranged from 0.2500 to 0.9665, except for eggs per gram of feces with body weight (-0.18) and with hematocrit (-0.48). The genetic parameters estimated in the present study can be used in breeding programs under the most different environmental conditions, as they were obtained through many studies with different situations. Thus, these results can support the development of sheep breeding programs, especially in developing and underdeveloped countries, where sheep farming is an important agricultural activity.

1. Introduction

Reliable estimates of genetic parameters are relevant to improve the prediction of genetic breeding values (Oliveira et al., 2017). The accurate process of estimating heritability and genetic correlation requires an extensive database. Currently, there are large datasets that are used in selection schemes to improve several breeds in various livestock species. However, genetic breeding programs with a large dataset from small ruminants remain restricted to a small number of countries. In the Americas, Brazil has the largest sheep herd with 19.7 million heads in 2019 (FAOSTAT, 2021), but there is no large dataset for use in sheep

selection schemes in Brazil. The process of building a large dataset to estimate reliable genetic parameters takes time. Thus, the new breeding programs use, initially, low accurate estimates of genetic parameters in their selection schemes.

Over the years, several articles have been published with estimates of genetic parameters for many traits, including selection objectives such as improving growth (Maxa et al., 2007a; Gad and El-Wakil, 2013; Kamjoo et al., 2014), reproduction (Rosati et al., 2002; Boujenane et al., 2013; Nabavi et al., 2014), wool (Gizaw et al., 2007; Gowane et al., 2010), carcass (Mortimer et al., 2018), and nematode resistance (Cloete et al., 2016; Ngere et al., 2018; Notter et al., 2018). The estimated

* Corresponding author.

E-mail addresses: brunomedradomev@gmail.com (B.D. Medrado), vbpedrosa@uepg.br (V.B. Pedrosa), luisfbp@ufba.br (L.F.B. Pinto).

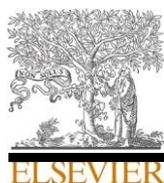
<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104477>

Received 15 February 2021; Received in revised form 11 March 2021; Accepted 12 March 2021

Available online 19 March 2021

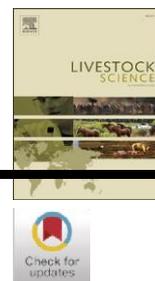
1871-1413/© 2021 Elsevier B.V. All rights reserved.

Anexo D - Primeira folha do artigo publicado na revista Livestock Science em 06/07/2021.
Capítulo 2. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104614>



Contents lists available at [ScienceDirect](https://www.sciencedirect.com)

Livestock Science



Meta-analysis of genetic parameters for economic traits in buffaloes

Bruno Delphino Medrado ^{a,b}, Victor Breno Pedrosa ^c, Luís Fernando Batista Pinto ^{b,*}

^a Instituto Federal Baiano – Campus Santa Inês, Rod. Ubaíra-Santa Inês, Km 2,5, zona rural, Santa Inês, Bahia, Brazil

^b Federal University of Bahia – 500, Av. Adhemar de Barros, Salvador, BA, 40170110, Brazil

^c State University of Ponta Grossa – 4748, Av. General Carlos Cavalcanti, Ponta Grossa – PR 84030900, Brazil

HIGHLIGHTS

- A meta-analysis with 117 articles was carried out to estimate genetic parameters.
- Heritabilities for 27 economics traits were estimated.
- Genetic correlations for 34 pairs of traits were estimated.
- A study of the heterogeneity of the articles was also carried out.
- Combined estimates of the genetic parameters can be used under various conditions.

ARTICLE INFO

Keywords:

Genetic correlation
Heritability
Ruminant
Selection

ABSTRACT

Reliable estimates of genetic parameters for economic traits in buffaloes can be achieved through a meta-analysis that brings together several studies and accounts for the variation among them. This study aimed to perform a meta-analysis for 27 traits, including growth, reproduction, milk production and quality, and mastitis resistance, to estimate both heritability and genetic correlation parameters. A random model was used in the meta-analysis, where the factor “study” was adjusted as a random effect. The systematic review found 117 articles, including 387 estimates of heritability and 287 estimates of genetic correlations. A quality control of these estimates was carried out, using the relative standard error (RSE) and both publication bias and heterogeneity tests. The mean of RSE for estimates of heritability were 13.96, 16.66, 11.33, and 11.42, for growth, reproduction, milk production, and milk quality, respectively. For genetic correlations, RSE ranged from 0.88 to 24.08. All estimates of heritability and genetic correlations showed no evidence of publication bias effect. The heterogeneity index (I^2) for the heritability estimates ranged from 0 to 93.5, while for the genetic correlations ranged from 0 to 99.1. The weighted averages of heritabilities ranged from 0.2344 to 0.3811 for growth traits, 0.1134 to 0.2069 for reproductive traits, 0.1058 to 0.3130 for milk production traits, 0.1651 to 0.2751 for milk quality traits, and 0.2075 for somatic cell score. Most genetic correlations were positive, ranging from 0.1342 to 0.9884, but some correlations were negative such as milk yield x fat percentage (-0.2103) and milk yield x protein percentage (-0.1967). The combined estimates found in this meta-analysis showed that the traits evaluated have sufficient genetic variation to be included in buffalo selection programs. Furthermore, these genetic parameters are now an option for use in populations that do not yet have data control that allows to accurately estimate the parameters analyzed here.

1. Introduction

In 2019, there were about 200 million buffaloes in the world, with only 1% in the Americas (FAOSTATS, 2021). Brazil has the main buffalo production system in Americas, with approximately 1.4 million animals, which contrasts with the small amount of information available for data

evaluation (Marques et al., 2019; Vilela et al., 2020). Several countries have difficulties in building large databases for Buffaloes most due to the costs involved in the initial stage of a breeding program, and the investments primarily dedicated to dairy and beef cattle (Mrode et al., 2020). Large databases containing several generations of individuals are essential to the accuracy of estimation of the genetic parameters

* Corresponding author.

E-mail addresses: brunomedradomev@gmail.com (B.D. Medrado), vbpedrosa@uepg.br (V.B. Pedrosa), luisfbp@ufba.br (L.F.B. Pinto).

<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104614>

Received 25 April 2021; Received in revised form 29 June 2021; Accepted 30 June 2021

Available online 6 July 2021

1871-1413/© 2021 Elsevier B.V. All rights reserved

