META-ANÁLISE DE ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE PARA INDICADORES DE LONGEVIDADE EM BOVINOS LEITEIROS

META-ANALYSIS OF HERITABILITY ESTIMATES FOR LONGEVITY INDICATORS IN DAIRY CATTLE

Laiza Rodrigues Brandão Silva[(1)]
Nicolas Adrian Viana de Oliveira[(1)]
Ana Luiza e Silva Santos Soares[(1)]
Elielson Castro Santos[(1)]
Maiara Zancan de Lima[(1)]
Gerlon Carneiro Silva[(1)]
Luis Fernando Batista Pinto[(1)]

Resumo

A longevidade da vaca possui grande importância econômica na bovinocultura leiteira, mas prévios estudos reportaram estimativas de herdabilidade (h^2) que variam entre pequena e moderada. Objetivou-se realizar uma meta-análise das estimativas de h^2 de dois indicadores de longevidade, o número total de lactações (NTL) e a produção de leite acumulada (PLA). Foram identificadas 12 e 18 estimativas de h^2 para NTL e PLA, respectivamente. A meta-análise com modelo aleatório estimou h^2 ponderadas de 0,065 (IC 95%: 0,057 a 0,074) para NTL e de 0,084 (IC 95%: 0,062 a 0,106) para PLA. Portanto, NTL e PLA apresentam baixa estimativa de herdabilidade, o que sugere ganhos genéticos apenas no longo prazo quando utilizadas como critérios de seleção.

Palavras-chave: longevidade, vida produtiva, vacas, leite.

Abstract

Cow longevity has great economic importance in dairy cattle, but previous studies have reported heritability (h2) estimates ranging from low to moderate. This study aimed to perform meta-analyses of h2 estimates for two longevity indicators: total number of lactations (TNL) and cumulative milk yield (CMY). Twelve and eighteen h2 estimates were identified for NTL and CMY, respectively. The meta-analyses using a random-effect model estimated weighted h2 of 0.065 (95% CI: 0.057 to 0.074) for NTL and 0.084 (95% CI: 0.062 to 0.106) for CMY. Therefore, NTL and CMY show low heritability estimates, suggesting genetic gains only in the long term when used as selection criteria.

Keywords: *cow, longevity, milk, productive life*

Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Bahia, e-mails: laiza.silva@ufba.br; nicolaszootec@gmail.com; analuizasantos2748@gmail.com; elielson.castro@ufba.br; maiara.zancan@gmail.com; e-mail: gerlonzootec@gmail.com; e-mail: luisfbp@ufba.br.

1 Introdução

Quanto maior a longevidade produtiva das vacas, maior será a rentabilidade da propriedade leiteira, pois: 1) há redução na taxa anual de substituição de vacas, disponibilizando mais novilhas para comercialização; 2) eleva-se a proporção de matrizes multiparas no rebanho, as quais potencialmente produzem mais leite do que primíparas; 3) aumenta-se a proporção de vacas saldáveis e férteis, visto que doenças e problemas reprodutivos são as duas causas principais de descarte involuntário de vacas leiteiras (Souza et al., 2023). Logo, além dos benefícios econômicos para a fazenda, o aumento da longevidade das vacas também pode contribuir para o bem-estar geral do rebanho. Apesar disso, a longevidade é uma característica com dificuldades intrínsecas de mensuração. O grande obstáculo científico reside na natureza de expressão tardia dessas características, cuja verdadeira magnitude fenotípica só pode ser plenamente observada após o descarte ou a morte do animal, o que prolonga o intervalo entre gerações e atrasa as avaliações genéticas. Além disso, os indicadores de longevidade são mensurados em fêmeas e, em geral, apresentam estimativas de herdabilidade (h^2) de baixa a moderada (Djedović et al., 2023), o que limita os ganhos genéticos anuais. Assim, o presente estudo objetivou realizar uma metanálise das estimativas de herdabilidade de dois indicadores de longevidade (número total de lactações (NTL) e produção de leite acumulada (PLA) ao longo da vida) em vacas leiteiras.

2 Materiais e Métodos

A revisão sistemática foi conduzida nas bases de dados PubMed, Web of Science e Scopus, com foco em bovinos de leite e com exclusão de termos relacionados a raças de corte. A triagem foi gerenciada no software Rayyan, e a extração de dados foi automatizada em Python, integrada à inteligência artificial (Gemini API), e passou por auditoria e validação humanas baseadas em evidências textuais para mitigar vieses algorítmicos. O processo de seleção dos estudos, desde a identificação inicial de 751 registros nas três bases de dados até a inclusão final de 150 artigos no banco de dados, seguiu as diretrizes do PRISMA (Page et al., 2021).

A metanálise foi conduzida no ambiente R, utilizando o pacote {meta}, com um modelo de efeitos aleatório utilizando o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) para estimar os efeitos aleatórios e o ajuste de Knapp-Hartung para estimar o intervalo de confiança das estimativas ponderadas de herdabilidade. A heterogeneidade entre os estudos foi avaliada pelo teste Q de Cochran e quantificada pelo índice de

heterogeneidade I^2 (Higgins & Thompson, 2002). Para identificar estimativas h^2 influentes, foram utilizados a estratégia leave-one-out e o gráfico de Baujat. Foram consideradas outliers todas as estimativas de h^2 reportadas na literatura que se encontram fora dos limites do intervalo de confiança da estimativa ponderada de h^2. Adicionalmente, a ausência de viés de publicação na literatura foi analisada por meio dos testes de Egger e de Begg, ambos com nível de significância de 5%.

3 Resultados e Discussão

As estimativas de h^2 reportadas na literatura variaram de 0,007 (Nejad et al., 2021) a 0,25 (Gill & Allaire, 1976) para PLA e de 0,005 (Chauhan et al. 1993) a 0,23 (Gill & Allaire, 1976) para NTL. Todas as estimativas de h^2 reportadas na literatura para PLA e NTL são apresentadas na Figura 1, bem como as estimativas ponderadas de h^2, obtidas por meta-análise, que foram 0,084 (IC 95%: 0,062 a 0,106) para PLA e 0,065 (IC 95%: 0,057 a 0,074) para NTL. Seis e duas estimativas reportadas para PLA e NTL, respectivamente, foram identificadas como outliers ou medidas influentes e, por isso, apresentam peso igual a zero na meta-análise. As estimativas ponderadas de h^2 sugerem que NTL e PLA são fortemente moldadas por fatores ambientais. Contudo, vale ressaltar que os estudos aqui analisados não consideraram a causa do descarte, ou seja, analisaram descartes voluntários e involuntários. Isso pode subestimar ou superestimar os componentes de variância, com consequente impacto nas estimativas de herdabilidade.

A heterogeneidade entre os estudos foi alta e significativa para PLA (I^2 = 70,7%; p-valor < 0,0001 no teste Q de Cochran), mas baixa e não significativa para NTL (I^2 = 14,3%; p-valor = 0,3117 no teste Q de Cochran). A expressiva heterogeneidade entre os estudos identificada para PLA sugere que a variação das estimativas de h^2 entre os estudos prévios não se deve apenas ao acaso e precisa ser melhor estudada para avaliar o efeito de fatores como raça, tamanho amostral dos estudos, modelos de análise etc. Contudo, o número limitado de artigos que reportaram estimativas de h^2 para PLA impede a realização de procedimentos meta-analíticos mais detalhados, como análise de subgrupos ou meta-regressão.

4 Conclusão

Com base nos trabalhos já publicados, que utilizaram principalmente a raça Holandesa e não separaram as causas de descarte, pode-se dizer que PLA e NTL apresentam baixa estimativa de herdabilidade, o que sugere ganhos genéticos apenas no longo prazo quando utilizadas como critérios de seleção.

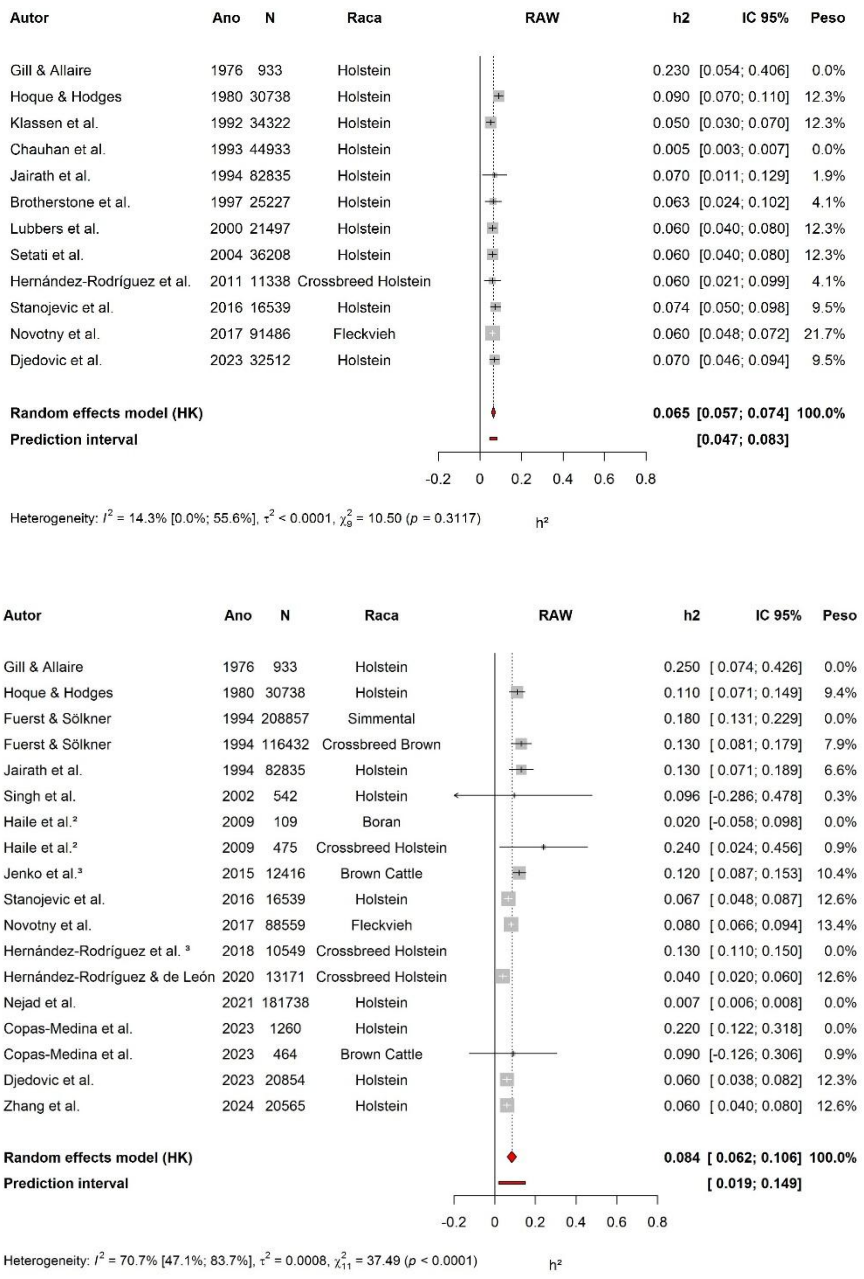


Figura 1. Gráficos de floresta com as meta-análises de NTL (superior) e de PLA (inferior).

5 Referências

Brotherstone et al. 1997. Genetic parameters for a simple predictor of the lifespan of Holstein-Friesian dairy cattle and its relationship to production. Animal Science, 65, 31–37.

Chauhan et al. 1993. Genetic parameters of lifetime performance traits in Holstein cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, 110, 135–139.

Copas-Medina et al., 2023. Parámetros genéticos para la vida útil de vacas lecheras Holstein y Suizo Pardo en Honduras. Revista MVZ Cordoba, 28(3).

Djedović et al. 2023. Genetic Parameters for Functional Longevity, Type Traits, and Production in the Serbian Holstein. Animals, 13(3).

Fuerst & Solkner 1994. Additive and nonadditive genetic variances for milk yield, fertility, and

lifetime performance traits of dairy cattle. Journal of Dairy Science, 77(4), 1114–1125.
Gill & Allaire, 1976. Genetic and phenotypic parameters for a profit function and selection method for optimizing profit in dairy cattle. Journal of Dairy Science, 59(7), 1325–1333.
Haile et al., 2009. Genetic evaluation of Ethiopian Boran cattle and their crosses with Holstein Friesian in central Ethiopia: milk production traits. Animal, 3(4), 486–493.
Hernández & De León, 2020. Índices de selección para la mejora genética de vacas Siboney de Cuba. Archivos de Zootecnia, 69(265), 46–53.
Hernández-Rodriguéz et al., 2011. Genetic assessment of the dairy cattle Mambi de Cuba. Cuban Journal of Agricultural Science, 45(4), 355–359, 2011.
Hernández-Rodriguéz et al., 2018. Índices de selección en ganado Mambí de Cuba mediante el análisis de componentes principales. Livestock Research for Rural Development, 30(12).
Higgins & Thompson, 2002. Quantifying heterogeneity in a meta-analysis. Statistics in Medicine, 21(11), 1539–1558.
Hoque & Hodges, 1980. Genetic and phenotypic parameters of lifetime production traits in Holstein cows. Journal of Dairy Science, 63(11), 1900–1910.
Jairath et al. 1994. Multitrait restricted maximum-likelihood-estimates of genetic and phenotypic parameters of lifetime performance traits for Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science, 77, 303–312.
Jenko et al. 2015. Genetska povezanost između životne proizvodnje mlijeka, dugovječnosti i proizvodnje mlijeka u prvoj laktaciji smeđe pasmine goveda u Sloveniji. Mljekarstvo, 65(2), 111–120.
Klassen et al., 1992. Genetic correlations between lifetime production and linearized type in Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science, 75(8), 2272–2282.
Lubbers et al., 2000. A comparison of a linear and proportional hazards approach to analyse discrete longevity data in dairy cows. Animal Science, 70(2), 197–206.
Novotný et al. 2017. Genetic relationship between type traits, number of lactations initiated, and lifetime milk performance in Czech Fleckvieh Cattle. Czech Journal of Animal Science, 62(12), 501–510.
Page et al., 2021. The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. Bmj, 372, 2021.
Souza et al. 2023. A comprehensive characterization of longevity and culling reasons in Canadian Holstein cattle based on various systematic factors. Translational Animal Science, 7, txad102.
Setati et al., 2004. Relationships between longevity and linear type traits in Holstein cattle population of Southern Africa. Tropical Animal Health and Production, 36(8), 807–814.
Singh et al. 2002. Replacement and lifetime production traits: Effect of non-genetic factors and sire evaluation. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 15, 11–15.
Stanojević et al., 2016. Procjena koeficijenata heritabiliteta svojstava dugovječnosti u populaciji crno-bijelih krava u Srbiji. Mljekarstvo, 66(4), 322–329.
Zhang et al. 2024. Genetic parameters and genome-wide association analyses for lifetime productivity in Chinese Holstein cattle. Journal of Dairy Science, 107(11), 9638–9655.