







Impacto de diferentes estratégias de busca sob os resultados de uma metanálise para a característica mastite em gado de leite

Impact of different search strategies on the results of a meta-analysis for mastitis in dairy cattle

Danilo Pereira da Silva*¹ , Gustavo do Valle Polycarpo¹ , Fraine Natacha Aléssio¹ , Alexandre de Queiroz¹ , Sirlei Aparecida Maestá¹ , Ricardo da Fonseca¹ 

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Campus Dracena, São Paulo, Brasil

*Autor correspondente: dp.silva@unesp.br

Resumo

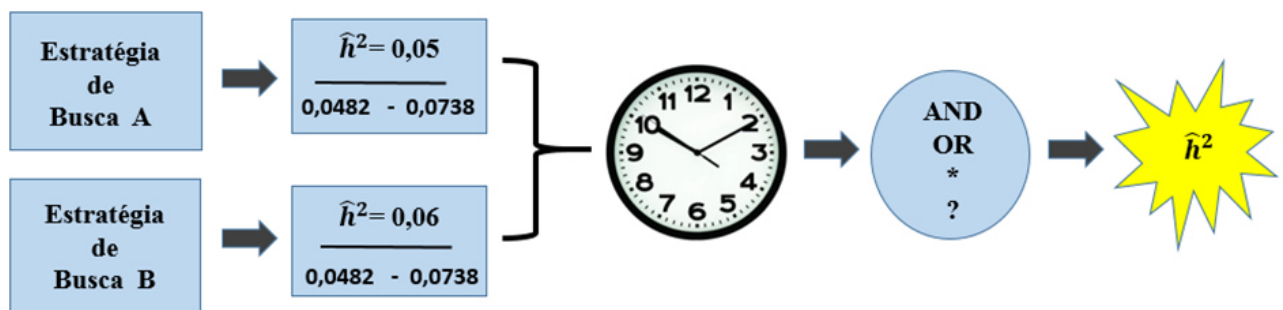
Estratégias de buscas mal formuladas podem apresentar grandes influências nos resultados de uma metanálise, uma vez que impacta diretamente na quantidade e aderência ao tema dos trabalhos utilizados para estudo, portanto, a formulação de uma estratégia de busca consistente e funcional é fundamental para que a revisão sistemática atinja seus objetivos. O objetivo deste trabalho foi estudar o impacto de diferentes estratégias de busca em uma revisão sistemática por meio da realização de uma metanálise para estimação de herdabilidade para a característica mastite em gado de leite. Uma vez definidas as estratégias de busca, as pesquisas realizadas nas bases de dados Web of science, Scopus, Scielo e Pubmed retornaram 921 estudos dos quais, após passarem pelos processos de identificação, seleção, elegibilidade e inclusão, 25 estudos foram selecionados. Retiradas dos artigos selecionados, 26 estimativas de herdabilidades foram utilizadas na realização da metanálise. Utilizou-se um modelo de efeito aleatório, sendo todas as análises realizadas pelo programa R, por meio do pacote Metafor. As estimativas obtidas através da estatística combinada de estudos para mastite, apresentou valores de baixa magnitude (0,05 e 0,06). Os efeitos das estratégias de busca têm impacto significativo nas estimativas de metanálise produzidas.

Palavras Chaves: Bovinos de leite; Herdabilidade; Melhoramento genético

Abstract

Poorly formulated search strategies can have great influences on the results of a meta-analysis, since it directly impacts the amount and adherence to the theme of the works used for study, therefore, the formulation of a consistent and functional search strategy is essential for the review system to achieve its goals. The objective of this work was to study the impact of different search strategies in a systematic review by performing a meta-analysis to estimate heritability for the mastitis trait in dairy cattle. Once the search strategies were defined, the searches carried out in the Web of science, Scopus, Scielo and Pubmed databases returned 921 studies from which, after going through the identification, selection, eligibility and inclusion processes, 25 studies were selected. Withdrawals from selected articles, 26 heritability estimates were used in the meta-analysis. A random effect model was used, with all analyzes performed by the R program, through the Metafor package. The estimates obtained through the combined statistics of studies for mastitis, presented values of low magnitude (0.05 and 0.06). The effects of search strategies have a significant impact on the meta-analysis estimates produced.

Keywords: Milk cattle; Heritability; Genetical enhancement



Resumo gráfico: Impacto de diferentes estratégias de busca sob os resultados de uma metanálise para a característica mastite em Gado de Leite

Recebido: 18 de junho de 2022. Aceito: 20 de setembro de 2022. Publicado: 19 de dezembro de 2022.



Este é um artigo de Acesso Aberto distribuído sob os termos da Creative Commons Attribution License, que permite uso, distribuição e reprodução irrestritos em qualquer meio, desde que o trabalho original seja devidamente citado.

<https://revistas.ufg.br/vet/index>

1. Introdução

A revisão sistemática é uma técnica utilizada por pesquisadores com a finalidade de apontar lacunas de conhecimento que precisam ser preenchidas, direcionando, então, a utilização de recursos para áreas em que são prioritárias a investigação científica. De modo geral, busca-se responder uma questão fundamental elaborada pelos autores, utilizando resultados já publicados em vários estudos⁽¹⁾.

Quando possível, os dados coletados na revisão sistemática são submetidos a uma metodologia denominada metanálise, a qual se baseia na aplicação de procedimentos estatísticos já bem estabelecidos. A Metanálise tem como objetivo obter uma resposta única e confiável para o conjunto dos resultados sobre um mesmo tema⁽²⁾. Essas técnicas podem ser utilizadas no contexto do melhoramento genético animal para se obter, por exemplo, parâmetros genéticos que sirvam como referência para estudos de simulação ou ainda para o aumento do tamanho da amostra para obtenção de estimativas mais confiáveis para utilização em estudos futuros ou mesmo para tomada de decisões em programas de melhoramento genético animal.

Especificamente no contexto do gado de leite, a revisão sistemática pode ser utilizada para estudo das características de importância econômica e de seus respectivos parâmetros genéticos. Características associadas ao bem-estar, como a mastite, têm ganhado importância nos estudos e programas de melhoramento genético animal devido à crescente conscientização da população. Dessa forma, revisões sistemáticas acerca da característica mastite parecem ser interessantes.

O primeiro passo na revisão é encontrar os trabalhos relacionados com o assunto nas bases de dados disponíveis. Nessa etapa, a formulação de uma estratégia de busca consistente e funcional é fundamental para que a revisão sistemática atinja seus objetivos. Estratégias de busca com problemas podem ter grandes influências nos resultados da metanálise, levando a sub ou superestimação dos resultados, uma vez que impactam diretamente na quantidade e aderência ao tema dos trabalhos utilizados para estudo.

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi estudar o impacto de diferentes estratégias de busca em uma revisão sistemática com a realização de metanálise para estimação de herdabilidade para a característica mastite em gado de leite.

2. Material e métodos

2.1. Definição da Pergunta de Pesquisa

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

Para verificar a frequência de estudos sobre a característica mastite no melhoramento de gado de leite, consideramos como população (P) bovinos leiteiros da raça holandesa, em produção, sob qualquer faixa etária, país, sistema de produção ou ambiente de manejo. Para esse estudo, consideramos como resultado (O) estimativas de herdabilidade da literatura. Essas herdabilidades foram consideradas para o trabalho quando presentes em bancos de dados compilados com o fim de serem explicitamente utilizados em estudos de melhoramento genético animal. As herdabilidades foram consideradas quando estimadas por meio de modelo animal com as metodologias REML ou Bayesiana (T).

2.1. Estratégia de Busca na Literatura

Os dados foram coletados da literatura das seguintes bases de dados eletrônicas: Scopus, Web of Science, Scielo e Pubmed. A busca realizada em mais de uma base evita possíveis vieses de publicação por capturar literatura que não estão referenciadas em uma ou mais bases. As palavras-chaves utilizadas para a pesquisa foram formuladas na língua inglesa para alcançar o maior número de artigos publicados, sendo elas divididas em quatro grupos: grupo bem-estar (*welfare, behavior, indicator trait, health trait, emotion**), grupo gado de leite (*dairy cattle, milk, cow*), grupo melhoramento animal (*animal breeding, genomic, genetic, heritab**, *genetic parameter, genetic correlation, genomic correlation, breeding*) e grupo estatística (*estimat*, predict**).

A estratégia de busca foi definida para que, obrigatoriamente, todos os grupos estejam presentes com pelo menos um termo de busca. Sendo assim, a busca para a estratégia 1 foi realizada, com a seguinte forma: (grupo “bem-estar”) AND (grupo “melhoramento animal”) AND (grupo “gado de leite”) AND (grupo “estatística”). O operador AND é usado para criar a necessidade do aparecimento simultâneo de todos os grupos na busca, já o asterisco tem como finalidade favorecer o aparecimento de qualquer terminação para a palavra marcada. Dentro dos grupos, o operador OR foi utilizado para garantir pelo menos uma ocorrência dos termos de busca do grupo. Por exemplo, o grupo “bem-estar” será descrito como: (*welfare OR behavior OR “indicator trait*” OR “health trait*” OR emotion**).

A estratégia 2 foi definida como: (grupo “melhoramento animal”) AND (grupo “gado de leite”) AND (grupo “estatística”). A diferença em relação à estratégia 1 foi a retirada do grupo bem-estar animal.

2.3. Seleção dos Artigos

Inicialmente, os artigos foram avaliados e selecionados utilizando o título e o resumo. Para que os artigos fossem selecionados, os mesmos continham informações referentes à característica indicadora mastite e uma herdabilidade associada, estimado pelos métodos REML ou Bayesiano (critérios de elegibilidade). Nessa

primeira etapa excluía-se os artigos que não cumpriam nenhum dos critérios, e os selecionados eram armazenados e organizados com o auxílio do software de gerenciamento de referências Zotero⁽³⁾. Os artigos remanescentes da primeira etapa, seguiram para a segunda etapa, em que a leitura dos artigos completos e a verificação dos critérios de elegibilidade foi realizada. Todo esse processo de seleção dos artigos foi realizado por dois avaliadores.

2.4. Extração de Dados

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

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

2.5. Análise dos Dados

2.5.1. Análise de Viés de Publicação

A análise de viés foi realizada pelo gráfico quantil-quantil, que plota cada estimativa padronizada contra o valor observado na distribuição normal padronizada.

2.6. Metanálise

2.6.1. Modelos Estatísticos

Após realização de análises exploratórias, o seguinte modelo aleatório foi aplicado:

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

Em que:

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

h^2 = valor paramétrico da herdabilidade;

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

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

2.6.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos (Herdabilidades)

Informações do erro-padrão associadas às herdabilidades são essenciais em estudos desse tipo, pois serão utilizadas na obtenção das estimativas combinadas pela metodologia da meta-análise. O inverso dos erros-padrões foi utilizado neste estudo como valores de ponderação para a obtenção das estimativas por metanálise.⁽⁴⁾

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

$$\hat{h}^2 = \frac{\sum_{i=1}^k w_i^* t_i^2}{\sum_{i=1}^k w_i^*}$$

Em que a ponderação é $w_i^* = 1/(\gamma_i^2 + t_i^2)$.

t_i^2 = Parâmetro encontrado na literatura;

k = Número de trabalhos utilizados nos estudos;

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

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

Todas as análises foram realizadas utilizando-se o pacote metafor⁽⁵⁾ do software R⁽⁶⁾. Para facilitar os trabalhos com o software R, utilizamos também a interface RStudio⁽⁷⁾

3. Resultados e discussão

Por meio de buscas nas bases de dados (Web of science, scopus, pubmed e scielo), identificaram-se 110 publicações para estratégia 1 (figura 1) e 921 publicações estratégia 2 (figura 2) e após passarem em todas as etapas foram selecionados 5 estudos estratégia 1 e 25 estudos estratégia 2. Destes, estimativas de herdabilidades foram extraídas para realização da metanálise.

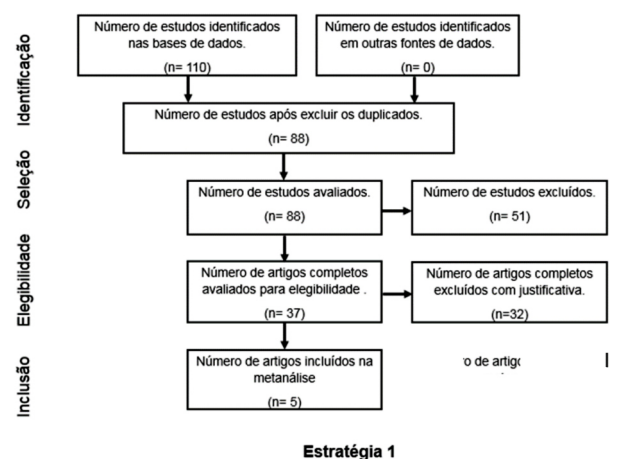
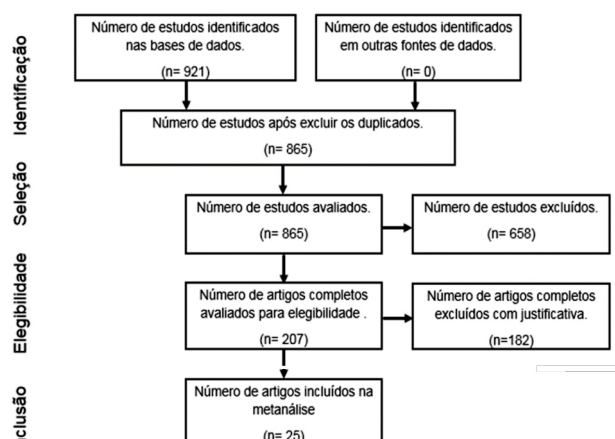


Figura 1. Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários realizado neste estudo, para estratégia 1.

Fonte: Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários adaptado do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-analyses (PRISMA), traduzido por Galvão, Pansani e Harrad.⁽⁸⁾



Estratégia 2

Figura 2. Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários realizado neste estudo, para estratégia 2.

Fonte: Fluxograma do processo de seleção dos estudos primários adaptado do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-analyses (PRISMA), traduzido por Galvão, Pansani e Harrad. (8)

A tabela 1 apresenta as estatísticas descritivas acerca da heterogeneidade e seus respectivos intervalos de confiança encontrados pela utilização do modelo aleatório. A característica indicadora de bem-estar mastite, apresentou os valores de I² e H² altos, indicando variabilidade significativa dos valores paramétricos das herdabilidades coletadas em cada estudo.

O intervalo para I² foi relativamente curto, permitindo concluir que a variação encontrada entre a

herdabilidade devido à heterogeneidade entre estudos é importante nesses casos. De acordo com o teste para a existência de heterogeneidade entre estudos, a característica mastite apresentou resultados significativos (p<0,005). Podemos observar que os valores referentes a I² e H² referente a mastite 2, apresentou queda dos valores, quando comparados a mastite 1.

Quando comparamos os intervalos de confiança dos estudos, mastite 1 e 2 para as estatísticas I² e H², percebemos que houve uma diminuição significativa. A característica mastite tem sido considerada em programas de melhoramento de gado de leite há algum tempo, entretanto, somente mais recentemente é que essa característica vem sendo estudada dentro de um contexto de característica indicadora de bem-estar animal. Em trabalhos mais recentes, devido a conscientização da população com relação ao bem-estar na produção, as características relacionadas à saúde, como é o caso da mastite, têm sido estudadas como um componente importante dentro da característica multifatorial do bem-estar animal.

Dado essa preocupação mais recente, um número consideravelmente menor de trabalhos tem o foco no estudo da mastite para investigar o bem-estar. Sendo assim, a estratégia de busca que incluiu o grupo de palavras-chave relacionadas ao bem-estar retornaram um número menor de resultados, tendo como consequência estimativas de herdabilidade diferentes entre as duas estratégias, tanto com relação ao valor, mas principalmente, com relação à precisão.

Tabela 1. Estimativas da quantidade total de heterogeneidade (tau²), raiz quadrada da estimativa de heterogeneidade total (tau), porcentagem da variabilidade total devido à heterogeneidade (I² %), variabilidade total dividido pela variância dentro do estudo (H²) com seus respectivos intervalos de confiança a 95% de probabilidade, desvio padrão (DP) e teste de heterogeneidade (Q) do modelo aleatório para a características indicadoras de bem-estar animal mastite.

Estratégias	Estatísticas					
	TAU ²	TAU	I ² (%)	H ²	DP	Q p - valor
Estratégia 1	0,0012 0,0004 – 0,0659	0,0351 0,0198 – 0,2568	96,62 90,1129 – 99,934	29,61 10,1142 - 1529,569	0,0010	< ,0001
Estratégia 2	0,0009 0,0005 – 0,0024	0,0295 0,0227 – 0,0492	87,54 80,6655 – 95,139	8,03 5,1721 - 20,5757	0,0003	< ,0001

Estratégia 1- pesquisa considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves. Estratégia 2 – pesquisa não considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves.

Uma visão geral da precisão das estimativas de herdabilidade utilizadas e sua contribuição para a estimativa de meta-análise podem ser verificadas na Figura 3. O estudo de Lund et al. (9) é o que apresenta menor precisão e, portanto, o com menor contribuição na estimativa de meta-análise, enquanto que os estudos de Abdelsayed et al. (10) e Pritchard et al. (11) são os de maior contribuição.

Na figura 4 encontramos novas contribuições dos estudos pela estratégia de busca que não considerou a palavra-chave de bem-estar. O estudo de Lund et al. (9), continua representando o estudo de menor contribuição para estimativa de herdabilidade, seu intervalo de confiança longo implica em uma menor confiabilidade da estimativa. Os novos estudos que apresentaram maior contribuição foram, Wolf et al.(12), Hass et al.(13), Heringstad et al.(14), Zavadilova et al.(15), Carlen et al.(16),

Mrod et al.⁽¹⁷⁾, Heringstad et al.⁽¹⁸⁾, Perez-Cabal et al.⁽¹⁹⁾, Rupp e Boichard ⁽²⁰⁾, Abdelsayed et al.⁽¹⁰⁾, Sorensen et al.⁽²¹⁾, Urioest et al.⁽²²⁾, Zadeh et al.⁽²³⁾, Koeck et al.⁽²⁴⁾, Chegini et al.⁽²⁵⁾, Pritchard et al.⁽¹¹⁾ e Zwald et al. ⁽²⁶⁾, esses estudos apresentaram os menores intervalos de confiança, contribuindo com maior peso para a estimativa obtida.

Quando a amostra é pequena Wang e Bushman ⁽³²⁾ sugerem o uso do gráfico quantil-quantil, e afirmam que a não presença de viés de publicação acontece quando os pontos formarem uma reta partindo da origem e que a maioria deles estejam alinhados (Figura 5). Quando comparamos os gráficos de quantil-quantil (que será

adotado como padrão para a análise de viés), nota-se pouca diferença na distribuição dos pontos, sendo possível afirmar que não há viés de publicação pois os pontos mantêm-se dentro da margem esperada (figura 6).

Na tabela 2, são mostradas as estimativas de herdabilidades produzidas por meta-análise, com seus respectivos erros-padrões e intervalo de confiança a 95% de probabilidade. Verifica-se, que o valor estimado apresentou baixas herdabilidade e erro-padrão relativamente baixo. Nota-se, ao mesmo tempo, que os intervalos de confiança não são longos.

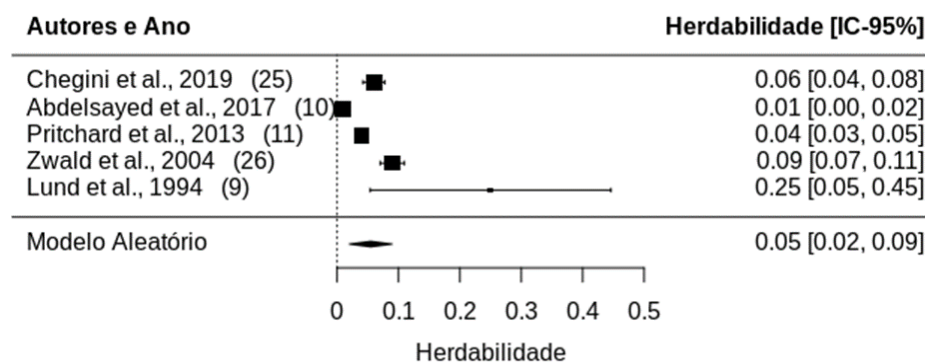


Figura 3. Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.

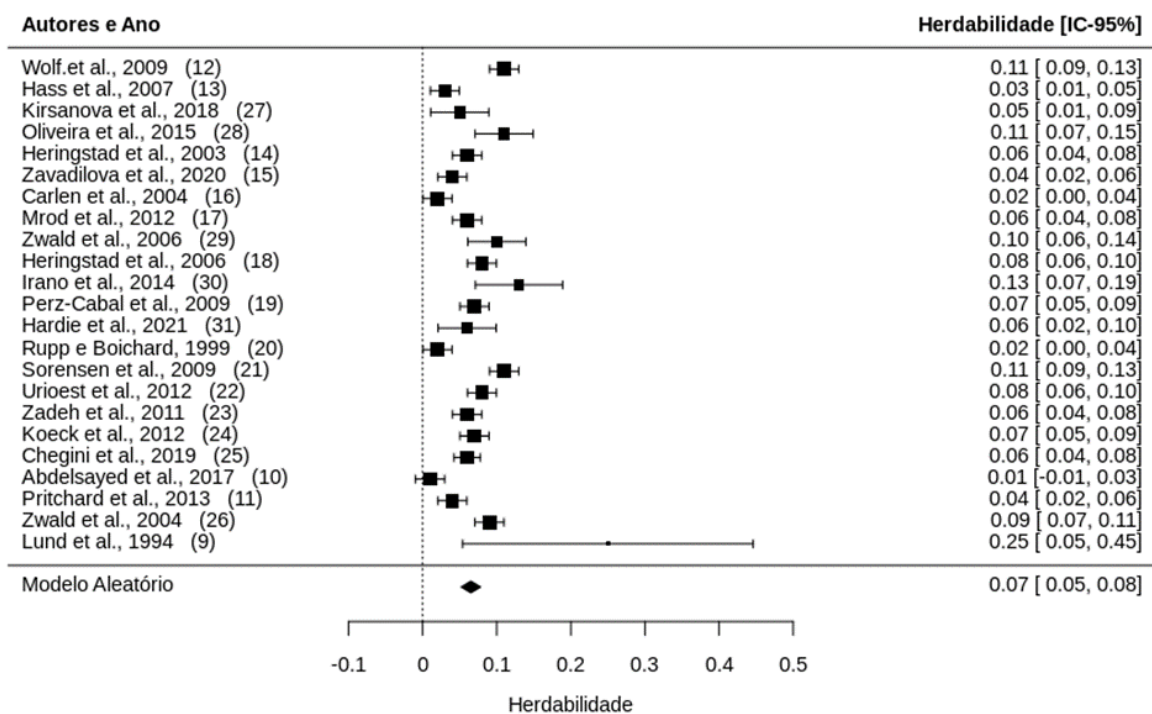


Figura 4. Gráfico de floresta da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar, mastite sem a inclusão do grupo de bem-estar.

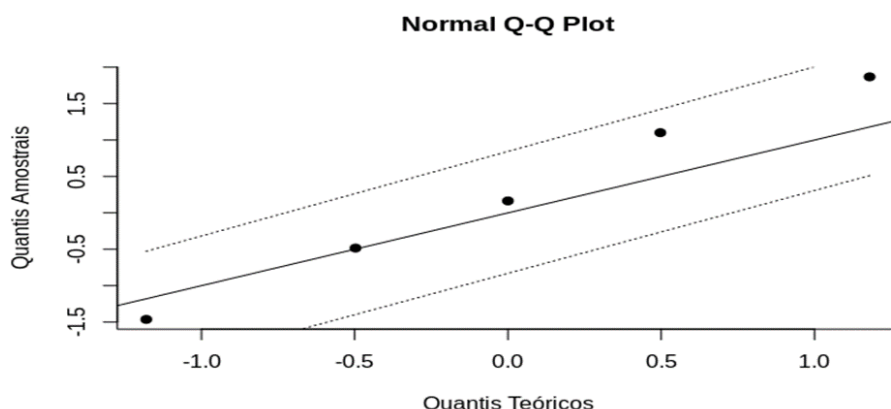


Figura 5. Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de bem-estar mastite com a inclusão do grupo bem-estar animal.

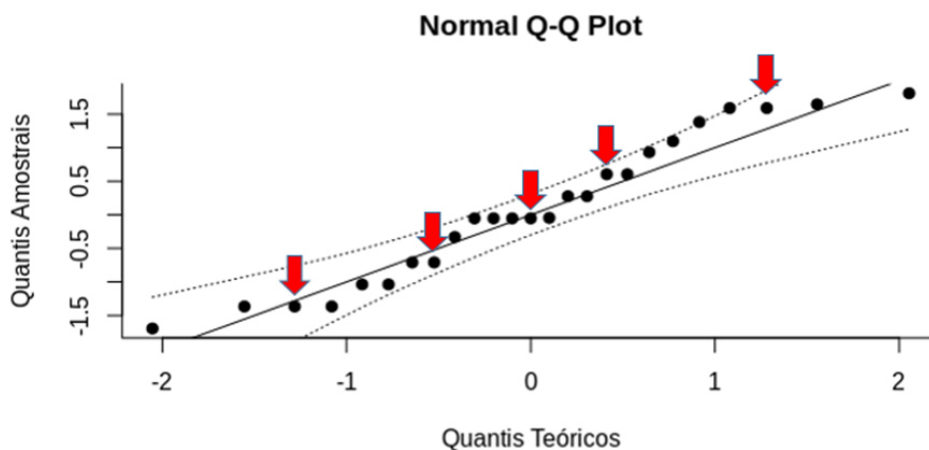


Figura 6. Gráfico de quantil-quantil da estimativa de herdabilidade para a característica indicadora de mastite, sem a inclusão do grupo bem-estar.

*Setas indicam os estudos presentes na estratégia 1 que retornaram na estratégia 2.

Tabela 2. Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras de bem-estar animal mastite.

Estratégias	Herdabilidade Estimada	Erro-padrão	IC - 95%
Estratégia 1	0,05	0,0177	0,0202 - 0,0895
Estratégia 2	0,06	0,0065	0,0482 - 0,0738

Estratégia 1- pesquisa considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves. Estratégia 2 – pesquisa não considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves.

Quando comparamos as herdabilidades, observamos uma pequena diferença nos valores,

entretanto, o aumento do número de trabalhos incluídos na metanálise pela estratégia 2, forneceu maior precisão da estimativa com um erro padrão quase 3 vezes menor do que na estratégia 1. Esse fato se reflete diretamente nos intervalos de confiança produzidos, tendo a estratégia 2 o intervalo mais curto.

Os resultados mostram que uma alteração relativamente pequena na estratégia de busca pode produzir estimativas significativamente mais ou menos precisas por metanálise. Sob o ponto de vista de programas de melhoramento genético animal, as precisões das estimativas são fundamentais para a tomada de decisões seguras sob estratégias de melhoramento que podem ter grandes impactos econômicos. Estimativas

pouco precisas estão mais sujeitas a erros, que se incorporados dentro do programa, podem levá-lo a grandes dificuldades frente aos programas concorrentes, uma vez que o progresso genético deve acontecer de forma mais lenta, ou em casos mais graves, nem ocorrer.

Dessa forma, a estratégia de busca deve ser muito bem trabalhada no início dos estudos, gastando-se algum tempo no teste de diferentes estratégias. Para que os testes sejam efetivos é necessário também se aprofundar nos operadores lógicos e semânticos disponíveis para construção de buscas nas bases de dados utilizadas, sem esses as buscas serão significativamente limitadas. A tabela 3 traz o efeito individual de cada estudo sobre a

estimativa da herdabilidade encontrada, os estudos foram sendo removidos um a um e uma nova estatística foi produzida.

Observou que na estratégia 1, devido a menor quantidade de estudos encontrados, a retirada dos estudos causou oscilação no valor da herdabilidade e nas demais estatísticas, entretanto, quando aplicado na estratégia 2 a herdabilidade não se alterou e pouca mudança foi observada nas demais estatísticas, isso nos mostra que uma maior quantidade de estudos é importante para fornecer estimativas precisas e com menor dependência de estudos específicos dentro dos estudos meta-analíticos.

Tabela 3. Estimativas das herdabilidades por meta-análise, erro-padrão e Intervalo de confiança a 95% de probabilidade (IC - 95%), para características indicadoras de bem-estar animal mastite após retirada de estudos individualmente.

Autores Retirados	Herdabilidade Estimada	Erro-padrão	IC - 95%
Estratégia 1			
Chegini et al., 2009 ⁽²⁵⁾	0,05	0,0261	0,0064 - 0,1088
Abdelsayed et al., 2017 ⁽¹⁰⁾	0,065	0,0153	0,0365 - 0,0965
Pritchard et al., 2013 ⁽¹¹⁾	0,06	0,0261	0,0127 - 0,1152
Zwald et al., 2004 ⁽²⁶⁾	0,04	0,0155	0,0104 - 0,0820
Lund et al., 1994 ⁽⁹⁾	0,04	0,0168	0,0163 - 0,0820
Estratégia 2			
Wolf et al., 2009 ⁽¹²⁾	0,06	0,0066	0,0497 - 0,0754
Hass et al., 2003 ⁽¹³⁾	0,06	0,0068	0,0534 - 0,0802
Kirsanova et al., 2018 ⁽²⁷⁾	0,06	0,0070	0,0521 - 0,0793
Oliveira et al., 2015 ⁽²⁸⁾	0,06	0,0067	0,0501 - 0,0764
Heringstad et al., 2003 ⁽¹⁴⁾	0,06	0,071	0,0516 - 0,0793
Zavdilova et al., 2020 ⁽¹⁵⁾	0,06	0,0069	0,0528 - 0,0800
Carlen et al., 2004 ⁽¹⁶⁾	0,06	0,0067	0,0542 - 0,0802
Mrod et al., 2012 ⁽¹⁷⁾	0,06	0,0071	0,0516 - 0,0793
Zwald et al., 2006 ⁽²⁹⁾	0,06	0,0068	0,0504 - 0,0770
Heringstad et al., 2006 ⁽¹⁸⁾	0,06	0,0070	0,0507 - 0,0781
Irano et al., 2014 ⁽³⁰⁾	0,06	0,0066	0,0503 - 0,0762
Perez-Cabal et al., 2009 ⁽¹⁹⁾	0,06	0,0071	0,0511 - 0,0787
Hardie et al., 2021 ⁽³¹⁾	0,06	0,0070	0,0517 - 0,0790
Rupp e Boichard, 1999 ⁽²⁰⁾	0,06	0,0062	0,0542 - 0,0802
Sorensen et al., 2009	0,06	0,0066	0,0497 - 0,0754
Urioest et al., 2012 ⁽²²⁾	0,06	0,0070	0,0507 - 0,0781
Zadeh et al., 2011 ⁽²³⁾	0,06	0,0071	0,0516 - 0,0793
Koeck et al., 2012 ⁽²⁴⁾	0,06	0,0071	0,0511 - 0,0787
Chegini et al., 2009 ⁽²⁵⁾	0,06	0,0071	0,0516 - 0,0793
Abdelsayed et al., 2017 ⁽¹⁰⁾	0,06	0,0064	0,0550 - 0,0802
Pritchard et al., 2013 ⁽¹¹⁾	0,06	0,0069	0,0528 - 0,0800
Zwald et al., 2004 ⁽²⁶⁾	0,06	0,0069	0,0503 - 0,0773
Lund et al., 1994 ⁽⁹⁾	0,06	0,0067	0,0512 - 0,0773

Estratégia 1- pesquisa considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves.

Estratégia 2 – pesquisa não considerando o grupo bem-estar animal nas palavras-chaves.

4. Conclusão

A estratégia de busca tem impacto significativo nas estimativas de metanálise produzidas, seja no valor da estimativa e/ou na precisão associada. Estratégias de

busca devem ser objetivas e específicas ao mesmo tempo que devem contemplar abranger o maior número de trabalhos possível, de forma que as estimativas e precisão associadas não sejam prejudicadas.

Conflito de interesses

Os autores declaram não haver conflito de interesses.

Contribuições do autor

Conceituação: R. Fonseca, D.P. Silva, G.V. Polycarpo, S.A. Maestá. **Curadoria de dados:** D.P. Silva. **Análise formal:** R. Fonseca, D.P. Silva, G.V. Polycarpo. **Metodologia:** R. Fonseca, G.V. Polycarpo, D.P. Silva. **Redação (revisão e edição):** D.P. Silva, R. Fonseca, F. N. Aléssio, A. Queiroz, S.A. Maestá. **Recursos:** F. N. Aléssio, A. Queiroz. **Supervisão:** R. Fonseca

Referências

- Brasil. Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos Departamento Ciência e Tecnologia. Coordenação-Geral de Gestão do Conhecimento. Diretrizes metodológicas. Brasília: Ministério da Saúde, 2014. Disponível em: https://bvmsms.saude.gov.br/bvs/publicacoes/diretrizes_metodologicas_elaboracao_sistemica.pdf.
- Giannotti JDG, Packer IU, Mercadante MEZ. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. Revista Brasileira de Zootecnia, [s. l.], v. 34, n. 4, p. 1173–1180, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982005000400011>.
- Zotero. Reference manager. Version 5.0.95.1. Corporation for Digital Scholarship. Virgínia. EUA, 2020. Disponível em: <https://www.zotero.org/>.
- Hedges LV, Vevea JL. Fixed- and random-effects models in meta-analysis. Psychological Methods, [s. l.], v. 3, n. 4, p. 486–504, 1998. Disponível em: <https://psycnet.apa.org/buy/1998-11538-006>.
- Viechtbauer W. Conducting Meta-Analyses in R with the metafor Package. Journal of Statistical Software, [s. l.], v. 3, p. 1–48, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.18637/jss.v036.i03>.
- R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019. Disponível em: <https://www.R-project.org/>.
- Rstudio Team. RStudio: integrated development for R. Boston: RStudio, 2019. Disponível em: <http://www.rstudio.com/>.
- Galvão TF, Pansani TSA, Harrad D. Principais itens para relatar Revisões sistemáticas e Meta-análises: A recomendação PRISMA. Epidemiologia e serviços de saúde, v. 24, p. 335-342, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.5123/S1679-49742015000200017>.
- Lund T, Miglior F, Dekkers JCM. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. Livestock Production Science, v. 39, n. 3, p. 243-251, 1994. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(94\)90203-8](https://doi.org/10.1016/0301-6226(94)90203-8).
- Abdelsayed M, Haile-Mariam M, Pryce JE. Genetic parameters for health traits using data collected from genomic information nucleus herds. Journal of dairy science, v. 100, n. 12, p. 9643-9655, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12960>.
- Pritchard T, Coffey M, Mrode R. Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. Animal, v. 7, n. 1, p. 34–46, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731112001401>.
- Wolf J, Wolfová M, Štípková M. A model for the genetic evaluation of number of clinical mastitis cases per lactation in Czech Holstein cows. Journal of Dairy Science, v. 93, n. 3, p. 1193–1204, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2443>.
- Haas Y, Ouweltjes W, Ten Napel J, Windig JJ, Jong G. Alternative somatic cell count traits as mastitis indicators for genetic selection. Journal of Dairy Science, v. 91, n. 6, p. 2501–2511, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0459>.
- Heringstad B, Rekaya R, Gianola D, Klemetsdal G. Bivariate analysis of liability to clinical mastitis and to culling in first-lactation cows. Journal of dairy science, v. 86, n. 2, p. 653-660, 2003. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(03\)73643-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(03)73643-1).
- Zavadilová L, Kašná E, Krupová Z. Breeding values prediction for clinical mastitis in Czech Holstein cattle. Acta Fytotechnica et Zootechnica, v. 23, p. 233–240, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.15414/afz.2020.23.mi-fpap.233-240>.
- Carlen E, Strandberg E, Roth A. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, and production in the first three lactations of Swedish Holstein cows. Journal of dairy science, v. 87, n. 9, p. 3062-3070, 2004. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73439-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73439-6).
- Mrode R, Pritchard T, Coffey M. Joint estimation of genetic parameters for test-day somatic cell count and mastitis in the United Kingdom. Journal of Dairy Science, v. 95, n. 8, p. 4618–4628, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4971>.
- Heringstad B, Chang YM, Andersen-Ranberg IM, Gianola D. Genetic analysis of number of mastitis cases and number of services to conception using a censored threshold model. Journal of dairy science, v. 89, n. 10, p. 4042-4048, 2006. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72447-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72447-X).
- Pérez-Cabal MA, De Los Campos G, Vazquez AI. Genetic evaluation of susceptibility to clinical mastitis in Spanish Holstein cows. Journal of Dairy Science, v. 92, n. 7, p. 3472–3480, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1978>.
- Rupp R, Boichard D. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. Journal of dairy science, v. 82, n. 10, p. 2198-2204, 1999. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75465-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75465-2).
- Sorensen LP, Madsen P, Mark T. Genetic parameters for pathogen-specific mastitis resistance in danish holstein cattle. Animal, v. 3, n. 5, p. 647–656, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731109003899>.
- Urioste JI, Franzén J, Windig JJ, Strandberg E. Genetic relationships among mastitis and alternative somatic cell count traits in the first 3 lactations of Swedish Holsteins. Journal of dairy science, v. 95, n. 6, p. 3428-3434, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4739>.
- Zadeh NG, Ardalan M. Bayesian estimates of genetic parameters for metritis, retained placenta, milk fever, and clinical mastitis in Holstein dairy cows via Gibbs sampling. Research in Veterinary Science, v. 90, n. 1, p. 146-149, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2010.04.018>.
- Koeck A, Miglior F, Kelton DF. Short communication: Genetic parameters for mastitis and its predictors in Canadian Holsteins. Journal of Dairy Science, v. 95, n. 12, p. 7363–7366, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2012-5648>.
- Chegini A, Ghavi HZN, Hosseini MSH. Genetic aspects of some reproductive, udder health and energy status traits in Holstein cows. Theriogenology, v. 130, p. 1–7, 2019. Disponível

em: <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.02.027>.

26. Zwald NR, Weigel KA, Chang YM. Genetic selection for health traits using producer-recorded data. II. Genetic correlations, disease probabilities, and relationships with existing traits. *Journal of dairy science*, v. 87, n. 12, p. 4295-4302, 2004. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73574-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73574-2).
27. Kirsanova E, Heringstad B, Lewandowska-Sabat A. Alternative subclinical mastitis traits for genetic evaluation in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, v. 102, n. 6, p. 5323-5329, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2018-16104>.
28. Oliveira EJ, Bignardi AB, Santana Junior ML. Associação genética entre ocorrência de mastite clínica e produção de leite em vacas Holandesas. *Ciência Rural*, v. 45, p. 2187-2192, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20131639>.
29. Zwald NR, Weigel KA, Chang YM, Welper RD, Clay JS. Genetic analysis of clinical mastitis data from on-farm manage-

ment software using threshold models. *Journal of Dairy Science*, v. 89, n. 1, p. 330-336, 2006. Disponível em: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72098-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72098-7).

30. Irano N, Bignardi AB, El Faro L, Jr Santana ML, Cardoso VL, Albuquerque LG. Genetic association between milk yield, stayability, and mastitis in Holstein cows under tropical conditions. *Tropical Animal Health and Production*, v. 46, n. 3, p. 529-535, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11250-013-0524-y>.
31. Hardie LC, Haagen IW, Heins BJ. Genetic parameters and association of national evaluations with breeding values for health traits in US organic Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, v. 105, n. 1, p. 495-508, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20588>.
32. Wang MC, Bushman BJ. Integrating results through meta-analytic review using SAS software. SAS Institute, 1999.