

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
FACULDADE DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA

Ana Caroline Aparecida Santos Aparecido

META-ANÁLISE DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ABERDEEN ANGUS

Uberlândia – MG

2025

Ana Caroline Aparecida Santos Aparecido

**META-ANÁLISE DAS ESTIMATIVAS DE HERDABILIDADE DE
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM BOVINOS ABERDEEN ANGUS**

Orientador: Natascha Almeida Marques
da Silva

Coorientador: Luís Fernando Carneiro
Araújo

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentada a coordenação do curso de
graduação em Zootecnia da Universidade
Federal de Uberlândia, como requisito
parcial para obtenção do título de
Zootecnista.

**UBERLÂNDIA – MG
2025**

AGRADECIMENTOS

À minha mãe, pelo amor incondicional e apoio constante, por todas as renúncias feitas para que este sonho se tornasse possível, pela fé e pelas orações que sempre me sustentaram.

À minha irmã Viviane, que, assim como minha mãe, esteve ao meu lado em todos os momentos, oferecendo o apoio necessário para que eu pudesse seguir em frente.

Ao meu avô de coração, José Lerand, e a toda a sua família, pelo acolhimento, pela educação e pelo incentivo aos estudos desde a minha infância.

Aos meus amigos Isadora, José, Ronaldo e Vitor, com quem compartilhei não apenas o teto, mas também a vida ao longo da graduação.

Aos colegas da 23ª turma de Zootecnia, em especial Amanda, Anna Karoline e Diogo, pela amizade, carinho e companheirismo durante todo o curso.

À minha orientadora de TCC, Natascha Marques, pela confiança depositada em mim, pela paciência ao longo dos anos, pelo conhecimento compartilhado e pelo incentivo constante.

Ao meu coorientador e amigo, Luis Fernando, pela amizade desde o início da graduação, pela orientação atenciosa e pelo apoio indispensável.

Ao meu amigo Guilherme, pela amizade verdadeira e pelo auxílio na coleta dos dados.

Ao meu orientador de iniciação científica, Lucio Girão, por me abrir as portas do universo acadêmico, pelo aprendizado e pelo apoio incondicional.

Ao Grupo de Estudos UFU Corte, em especial ao Professor Felipe Magalhães, pela dedicação em ensinar e pelo incentivo ao crescimento profissional.

À Atlético Agrárias, que me acolheu desde o primeiro dia, responsável por devolver o esporte à minha rotina, fortalecendo em mim a disciplina e o autocuidado.

Aos amigos uberlandenses, em especial Gabriela, Bárbara, Ana Victória e Samantha, que me acolheram desde o início, me incluindo em suas famílias, oferecendo o colo e o apoio necessários.

RESUMO

A raça Angus é conhecida mundialmente por sua precocidade sexual, excelente desempenho em ganho de peso e pela qualidade da carne produzida, sendo de grande importância econômica na pecuária de corte mundial. Nesse contexto, características de crescimento podem ser trabalhadas por meio do melhoramento genético, com destaque o peso ao nascimento (PN), peso à desmama (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA). A herdabilidade tem se destacado como um dos parâmetros essenciais para o progresso do melhoramento genético em bovinos, sendo a herdabilidade dessas características um dos parâmetros preconizadas em programas de seleção e melhoramento. Nesse sentido, a meta-análise tem sido útil em reunir e integrar as informações já existentes acerca das características de interesse, visto que permite condensar dados sem perder a integridade, gerando estimativas de interesse para os sistemas produtivos. O objetivo deste estudo foi realizar uma meta-análise das estimativas de herdabilidade do PN, PD, PA e PSA em bovinos Angus. Por meio da revisão sistematizada, compilando dados de diferentes estudos para fornecer valores mais robustos, baseados em maior volume de informação. A coleta de dados foi realizada em bases científicas utilizando palavras-chave relacionadas a crescimento e herdabilidade em Angus, e os resultados foram organizados e analisados no software RStudio (versão 4.3.0), aplicando modelos de efeito aleatório para o cálculo da estimativa combinada da herdabilidade. Ao todo, foram incluídos 14 estudos para PN, 19 para PD, 10 para PA e 19 para PSA, com variabilidade amostral relevante entre os trabalhos. As estimativas combinadas de herdabilidade foram moderadas, com valores de 0,32 para PN, 0,25 para PD, 0,29 para PA e 0,35 para PSA, indicando que essas características possuem potencial genético para resposta à seleção. Esses resultados demonstram que a meta-análise é uma ferramenta essencial para reduzir a incerteza dos estudos individuais e apoiar decisões estratégicas de melhoramento genético, permitindo ganhos consistentes e sustentáveis na produtividade da raça Angus.

Palavras-chave: bovinocultura de corte; características de crescimento; parâmetros genéticos; estimativa combinada

ABSTRACT

The Angus breed is known worldwide for its sexual precocity, excellent performance in weight gain and the quality of the meat it produces and is of great economic importance in world beef cattle breeding. In this context, growth characteristics can be improved through genetic breeding, particularly birth weight (BW), weaning weight (WW), yearling weight (WW) and yearling weight (WW). Heritability has been highlighted as one of the essential parameters for the progress of genetic improvement in cattle, and the heritability of these traits is one of the parameters recommended in selection and improvement programs. In this sense, meta-analysis has been useful in gathering and integrating existing information on traits of interest, since it allows data to be condensed without losing integrity, generating estimates of interest in production systems. The aim of this study was to carry out a meta-analysis of heritability estimates for traits in Angus cattle, consolidating information from different studies to provide more robust values based on a greater volume of information. Data was collected from scientific databases using keywords related to growth and heritability in Angus, and the results were organized and analyzed using RStudio software (version 4.3.0), applying random effect models to calculate the combined heritability estimate. In all, 14 studies were included for BP, 19 for DP, 10 for BP and 19 for ASF, with significant sample variability between the studies. The combined heritability estimates were moderate, with values of 0.32 for PN, 0.25 for PD, 0.29 for PA and 0.35 for PSA, indicating that these traits have genetic potential for response to selection. These results demonstrate that meta-analysis is an essential tool for reducing the uncertainty of individual studies and supporting strategic genetic improvement decisions, enabling consistent and sustainable gains in productivity in the Angus breed.

Keywords: beef cattle; growth traits; genetic parameters; pooled estimate

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Fluxograma PRISMA de identificação, triagem e inclusão de artigos na revisão. Adaptado de Page et al. (2021).	21
Figura 2. Gráfico Box-Plot das estimativas de herdabilidade para PA, PD, PN e PSA.....	22
Figura 3. Gráfico Box-Plot da herdabilidade para PN, PD, PA e PSA, após retirada dos outliers	23
Figura 4. Total de estudos por país incluídos.....	24
Figura 5. Gráfico de Funil para as estimativas de herdabilidade para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	28
Figura 6. Gráfico QQ-Plot das estimativas de herdabilidade para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	29
Figura 7. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao nascimento (PN)....	33
Figura 8. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso à desmama (PD).....	34
Figura 9. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao ano (PA)	36
Figura 10. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao sobreano (PSA)	37

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Termos de busca PICO	18
Tabela 2. Estatística descritiva do peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA).....	25
Tabela 3. Estatística descritiva herdabilidade média para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	26
Tabela 4. Resultado do Teste de Shapiro-Wilk	30
Tabela 5. Resultado do Teste Q de Cochran para homogeneidade das herdabilidades de peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	30
Tabela 6. Estatística I^2 para heterogeneidade das estimativas de herdabilidade de peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	31
Tabela 7. Resultado da variância entre os estudos (τ^2) e erro padrão para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	31
Tabela 8. Estimativa combinada (h^2_{*}) e erro padrão para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)	32

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	6
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	7
2.1	Raça Aberdeen Angus	7
2.2	Características de crescimento.....	8
2.3	Herdabilidade.....	11
2.4	Revisão sistemática.....	12
2.5	Meta-análise.....	14
2.6	Metodologia estatística	15
3	METODOLOGIA.....	17
3.1	Coleta de dados na literatura.....	17
3.2	Avaliação dos dados de literatura coletados	19
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	20
5	CONCLUSÃO.....	39
6	REFERÊNCIAS.....	40
7	BIBLIOGRAFIA DA META-ANÁLISE	45

1 INTRODUÇÃO

O avanço na pecuária de corte tem contribuição significativa dos progressos no melhoramento genético animal. Com a seleção feita a partir de parâmetros e índices desejados, e a difusão de material genético superior facilitada por meio das biotecnologias da reprodução, tem sido possível aliar eficiência genética à produtividade dos sistemas. A raça Angus, amplamente utilizada na pecuária de corte no Brasil e no mundo, é conhecida pelo excelente desempenho produtivo e reprodutivo, destacando-se pela precocidade sexual e carne com marmoreio (PROMEBO, 2025).

As características de crescimento, como peso ao nascimento, desmama, ano e sobreano, estão entre os índices zootécnicos de maior relevância para o melhoramento animal, visto que podem refletir o potencial produtivo, além de apresentarem herdabilidades moderadas e altas, que permitem alcançar ganhos genéticos consistentes, quando utilizadas em programas de seleção (Boligon *et al.*, 2006; Weber, 2008). Nesse cenário, a herdabilidade tem se destacado como um dos parâmetros fundamentais para o melhoramento genético, visto como um medidor do ganho genético (Pereira, 2012; Eler, 2017).

Com o crescente volume de estudos acerca dessas características em diversas populações e ambientes, é fundamental sintetizar as informações conhecidas, de maneira estatisticamente confiável. Nesse contexto, a meta-análise, assim como a revisão sistematizada dos dados, se apresentam como ferramentas indispensáveis para combinar os resultados dos diversos estudos, de maneira criteriosa, sobre as características de interesse e gerar estimativas precisas. Com o auxílio de metodologias de pesquisa, como a PICO (População; Intervenção; Comparação; Observação), que tem como função formular uma questão que dá direcionamento e estrutura para a pesquisa, é possível definir os termos de busca, que são essenciais para a revisão. Dessa maneira é possível atingir resultados mais realistas, além de identificar padrões e variações, direcionando as decisões e estratégias utilizadas no melhoramento animal (Giannotti *et al.*, 2006; Sánchez-Duarte *et al.*, 2019; Boemo *et al.*, 2015; Page *et al.*, 2021).

Neste sentido, o presente trabalho tem como objetivo estimar a herdabilidade combinada do peso ao nascimento (PN), peso à desmama (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA) em bovinos da raça angus, por meio da meta-análise de dados obtidos na literatura.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Raça Aberdeen Angus

A raça Aberdeen Angus teve origem há cerca de 400 anos, a partir de cruzamentos de animais da região da Escócia (Promebo, 2025). O processo de seleção e melhoramento teve início no século XIX, com o acasalamento entre exemplares mochos, visando fixar essa característica na população. Além disso, os animais já apresentavam biotipo favorável à produção de carne com marmoreio e elevada precocidade. Entre 1862 e 1867, a raça foi oficialmente registrada em um livro genealógico próprio, o *Herd Book* (Associação Nacional de Criadores Herd-Book Collares, 2025).

No Brasil, o primeiro animal Angus foi introduzido em 1906, por criadores da região Sul, que também fundaram a Associação Nacional de Criadores – Herd Book Collares. Em 1963, quando o rebanho da raça já contava com cerca de 1.300 animais no país, foi criada a Associação Brasileira de Angus (ABA). Atualmente, a raça encontra-se difundida em diversas regiões do Brasil, sendo utilizada principalmente em cruzamentos com zebuínos, combinando suas características produtivas com a rusticidade e adaptabilidade dos zebuínos. Esses cruzamentos têm contribuído significativamente para o avanço da pecuária de corte nacional (Associação Nacional de Criadores Herd-Book Collares, 2025; PROMEBO, 2025).

A raça se destaca pela precocidade e pelo rápido crescimento, com animais que atingem rapidamente a maturidade sexual e o peso ideal para o abate, quando comparados a animais zebuínos, como o Nelore (de Carvalho e Peres, 2024). Essas características favorecem tanto o retorno econômico quanto o progresso genético. Indivíduos que entram em reprodução mais jovens apresentam maior vida produtiva e maior probabilidade de deixar um número superior de descendentes (Brunes *et al.*, 2024).

As fêmeas Angus, além de boa fertilidade, possuem excelente habilidade materna, garantindo nutrição e cuidados adequados às crias (Rotar *et al.*, 2024). Outro ponto positivo é a produção de bezerros de tamanho médio, o que reduz a ocorrência de distocias e favorece a rápida recuperação do trato reprodutivo das matrizes (Promebo, 2025). Apesar do porte moderado ao nascimento, os bezerros mantêm elevado desempenho nas fases posteriores, já que a raça apresenta alta performance em características de crescimento, frequentemente utilizadas como critérios de seleção em programas de melhoramento genético (de Menezes *et al.*, 2022).

2.2 Características de crescimento

Na pecuária de corte, diversos atributos são considerados fundamentais, pois tem impacto direto na eficiência produtiva do sistema. Entre eles, se destacam o peso ao nascimento (PN), o peso à desmama (PD), o peso ao ano (PA) e o peso ao sobreano (PS), que permitem avaliar o desempenho animal ao longo das diferentes fases de crescimento. Em cada etapa da vida, o animal enfrenta desafios ambientais e fisiológicos específicos, que podem influenciar sua performance.

De modo geral, essas características de crescimento podem ser agrupadas em pré e pós-desmama. Do nascimento até a desmama, o bezerro precisa alcançar, em um curto intervalo de tempo, cerca de metade do seu peso adulto (Carneiro e Assis, 2016). Nessa fase, entretanto, ainda conta com o aleitamento e os cuidados maternos, que exercem forte influência sobre seu desenvolvimento. Após a desmama, o crescimento passa a depender principalmente da capacidade do animal de lidar com as mudanças ambientais, da ingestão e aproveitamento dos alimentos e da expressão de seu potencial genético. Nesse período, o indivíduo segue depositando tecido muscular e amadurecendo sexualmente, até ser destinado às funções produtivas, como a reprodução, ou direcionado à terminação e ao abate. Assim, nas fases pós-desmama, sem a influência direta da matriz, o desempenho animal resulta da interação entre seu mérito genético e as condições ambientais disponíveis (Cardoso et al., 2004).

O peso é uma medida quantitativa básica amplamente utilizada na bovinocultura de corte. O acompanhamento dos diferentes pesos ao longo da vida do animal possibilita a construção de curvas de crescimento, que descrevem as etapas de seu desenvolvimento. Essas informações têm se mostrado valiosas para o direcionamento da seleção, uma vez que essas características podem apresentar correlação entre si, como observado por Boligon e seus colaboradores (2009) para peso ao nascimento e peso à desmama e peso à desmama e peso ao sobreano em bovinos da raça Nelore. Além disso, tais características apresentam valores expressivos de herdabilidade, o que as torna relevantes para programas de melhoramento genético.

2.2.1 Peso ao nascimento (PN)

O peso ao nascimento é a primeira medida individual registrada após o parto. É expresso em quilogramas (Kg) e tem sido utilizado como um preditor precoce do desempenho produtivo

futuro do animal, visto que também apresenta correlação positiva com peso à desmama (Boligon *et al.*, 2009).

Trata-se também de um dos parâmetros avaliados pelo Programa de Melhoramento de Bovinos de Carne (PROMEBO, 2025), já que reflete o desenvolvimento fetal da cria, no qual a matriz atua como ambiente (intrauterino) para o feto, evidenciando também o potencial genético da fêmea (PROMEBO, 2025; Felipe, 2018). Além disso, esta medida se associa à facilidade de parto, já que de bezerros de menor peso ao nascimento apresentam risco menor de distocia no parto, favorecendo a sobrevivência da cria e recuperação da matriz.

No Brasil, a média de peso ao nascimento de bezerros angus é de aproximadamente 33 kg. Weber *et al.* (2009), ao analisarem 23.176 registros, encontraram média de 33,16 kg, enquanto da Silveira *et al.* (2021), em estudo com 18.539 animais, obtiveram valor semelhante, de 33,13 kg. Outros autores observaram médias entre 29,95 kg (Rotar *et al.*, 2024) e 38,44 kg (Rasali *et al.*, 2005; Torres-Vázquez *et al.*, 2018).

2.2.2 Peso a desmama (PD)

Assim como o peso ao nascimento, o peso à desmama é uma medida quantitativa, expressa em Kg, que avalia o peso dos animais no momento do desmame. Até essa fase, o animal ainda se encontra sob a intervenção materna, que exerce efeito ambiental, principalmente por meio da produção de leite durante este período (Promebo, 2025). Nesse contexto, além de indicar o mérito individual do animal, por meio de seu peso, essa medida ainda reflete a habilidade materna da fêmea, agregando informações adicionais aos programas de seleção.

É uma medida que requer ajuste, visto que, na prática, os bezerros são desmamados em idades distintas, que variam entre 160 e 250 dias de vida. Por essa razão, podem ser encontrados registros para essa característica em diferentes idades. Contudo, segundo estabelece o BEEF IMPROVEMENT FEDERATION (2018), o padrão recomendado para peso à desmama é ajustado para 205 para bovinos da raça angus.

A média de peso à desmame varia entre 160 e 300 Kg. Em um rebanho brasileiro (n = 23.176), Weber *et al.* (2009) observaram média de 163,66 kg. Já em países com elevada pressão de seleção, como os Estados Unidos, os valores tendem a ser mais altos. Avaliando 82.669 animais da raça Angus, Bradford *et al.* (2016) reportaram peso médio de 255 kg para bezerros desmamados aos 205 dias.

2.2.3 Peso ao ano (PA)

Outra medida adotada em programas de seleção é o peso ao ano, que corresponde ao peso do animal aos 365 dias de vida. Essa mensuração, realizada após a desmama, reflete o desempenho individual de cada animal e permite avaliar seu potencial genético, já que, nesse estágio, a influência materna é reduzida, possibilitando maior expressão do efeito genético aditivo direto e das condições externas às quais está submetido (Boligon *et al.*, 2006; Weber, 2008).

Durante essa fase, conhecida como recria, os animais ainda estão em crescimento e depositando tecido muscular. Assim, o peso ao ano constitui um importante indicativo da capacidade do indivíduo de se adaptar a diversas mudanças desde a desmama, como a transição na fonte principal de alimento, a ausência materna e a integração em lotes distintos, ao mesmo tempo em que mantém a continuidade de seus processos de desenvolvimento. Em termo de valores, Xiaofang Feng *et al.* (2025) observaram peso médio ao ano de 235,48 kg em um rebanho de 2.323 animais. Já Bradford e seus colaboradores (2016), ao avaliarem 69.040 bovinos da raça Angus, relataram peso médio de 430 kg aos 365 dias.

2.2.4 Peso ao sobreano (PS)

O peso ao sobreano é uma medida que estima os ganhos após a desmama, semelhante ao peso ao ano, porém avaliada entre 450 e 550 dias de vida, quando o animal atinge maior maturidade, entrando na fase de terminação e de deposição de gordura, com respostas fisiológicas distintas. Assim como o peso ao nascimento e o peso à desmama, essa característica também apresenta variações em função do número de dias, sendo necessário o ajuste para padronização (PROMEBO, 2025). Essa variação pode ser atribuída, em parte, à eficiência dos programas de melhoramento genético, que têm como objetivo aumentar o peso corporal ao mesmo tempo em que reduzem os dias necessários para alcançar determinado patamar (Felipe, 2018).

Na literatura, é possível encontrar considerável variação nos valores médios reportados para o peso ao sobreano. Cantet *et al.* (2003), avaliando 405 indivíduos, encontraram média de 332,10 kg. Já Xiaofang Feng *et al.* (2025), em estudo com 1.858 animais, relataram média superior, de 561,93 kg.

2.3 Herdabilidade

A herdabilidade é um conceito amplamente aplicado no melhoramento genético, que expressa, de maneira geral, a relação entre a variância genética e fenotípica. É a mensuração de quanto do fenótipo depende do valor genético da característica, ou seja, a herdabilidade reflete o quanto as variações fenotípicas em uma característica são devidas a variações genéticas em relação às influências do ambiente (Eler, 2017; Lush, 1949; Yadesa, 2022).

Para estimar a herdabilidade, dois conceitos são amplamente utilizados: a herdabilidade no sentido amplo (h^2) e a herdabilidade no sentido restrito (h^2_r). A primeira considera todos os componentes da variação genotípica na determinação da variação fenotípica da população, incluindo a variância decorrente de interações genéticas não aditivas, como dominância e epistasia, além dos efeitos ambientais e da ação aditiva dos genes. Já a herdabilidade no sentido restrito foca especificamente na genética aditiva, ou seja, no efeito médio dos genes individuais (Lopes et al., 2005; Euclides Filho, 1999).

No entanto, é importante destacar que a herdabilidade, por se tratar de um parâmetro estatístico, pode variar entre diferentes populações, gerações e ambientes, já que cada um apresenta sua própria estrutura genética e particularidades (Felipe, 2018; Lopes *et al.*, 2005). Assim, é possível encontrar valores distintos ao comparar a herdabilidade de duas ou mais populações ou até mesmo entre gerações de uma mesma população, tanto em função da variação genética quanto dos desafios ambientais a que são submetidas.

Esse parâmetro, usualmente expresso em uma escala de 0 a 1 ou de 0 a 100%, pode ser classificado como baixo, moderado ou alto. Segundo Pereira (2012), herdabilidades de 0 a 0,1 são consideradas baixas; valores entre 0,1 e 0,3 indicam herdabilidade moderada; enquanto valores acima de 0,3 são considerados altos. Quando a herdabilidade é elevada, isso indica que a semelhança entre genitores e progênie para determinada característica é significativa, tornando o fenótipo um indicativo confiável do genótipo (Eler, 2017; Euclides Filho, 1999).

Na genética aditiva, cada alelo contribui individualmente e de forma independente para a formação do fenótipo, sem considerar efeitos de interação entre eles. Assim, de forma didática, os genótipos heterozigotos correspondem ao valor médio expresso pelos genes homozigotos (Eler, 2017). Como há a contribuição simultânea de um grande número de pares de genes, sem interação entre eles, a fração aditiva do genótipo corresponde aos genes

transmitidos dos pais para os filhos, conferindo-lhes semelhança, ou seja, a fração herdável (Lush, 1949).

Dessa forma, em programas de melhoramento animal, a herdabilidade no sentido restrito tem se consolidado como uma ferramenta de extrema importância na otimização dos ganhos genéticos, uma vez que esse parâmetro exerce influência direta na resposta à seleção (Barrozo, 2009). Além disso, características de crescimento têm apresentado valores de herdabilidade moderada a alta, indicando que é possível obter bons resultados por meio da seleção de indivíduos superiores.

Donoghue et al. (2020) reportaram valores de herdabilidade de 0,35 para peso ao nascimento, 0,26 para peso à desmama, 0,46 para peso ao ano e 0,50 para peso ao sobreano. Já Lourenço et al. (2015), ao avaliarem bovinos da raça Angus, encontraram herdabilidades de 0,41 para peso ao nascimento, 0,20 para peso à desmama e 0,20 para peso ao sobreano. A heterogeneidade observada pode ser atribuída a diferenças entre as populações estudadas, aos distintos ambientes e manejos, bem como à metodologia estatística empregada. Nesse contexto, a meta-análise se apresenta como uma ferramenta essencial para a compilação dessas informações, aumentando a confiabilidade e o poder estatístico dos resultados.

2.4 Revisão sistemática

Por meio da pesquisa é possível promover conhecimento, identificar conceitos e hipóteses, além de possíveis falhas e necessidade de atualização sobre o que já é conhecido. Entretanto, Chueke e Amatucci (2022) atentam para a possibilidade de vieses por conta da subjetividade que pode ocorrer durante o processo de busca por estudos sobre o mesmo tema, que se aplica também a pesquisa de dados para compor as meta-análises. Assim, a sistematização se manifesta como uma alternativa para contornar este fator (Chueke e Amatucci, 2022; Shamseer *et al.*, 2015).

A revisão sistemática é um método investigativo, que possibilita reunir e sintetizar dados produzidos em diversos estudos acerca de um tópico, em um período tempo estabelecido, com mais rigor (Donato e Donato, 2019). Por meio da sistematização pode-se identificar, selecionar, avaliar e condensar achados na literatura, a fim de produzir evidências com maior acurácia e poder estatístico (Chueke e Amatucci, 2022).

Para sistematização de pesquisas, é necessário estabelecer e seguir uma metodologia. Donato e Donato (2019) recomendam a definição de critérios para inclusão e exclusão dos

estudos que irão compor a revisão. Estabelecer locais de busca, as palavras-chave e idioma de publicação são essenciais, assim como a avaliação da qualidade e confiabilidade das informações coletadas. Para Shamseer *et al.*, 2015 o planejamento e documentação de um protocolo são a base para o rigor das revisões sistemáticas, que agrega confiabilidade nos dados obtidos e analisados por meio da meta-análise.

A metodologia seguida em uma revisão sistemática deve conter um relato completo, transparente e de fácil interpretação, elencando as motivações para realização da revisão e os achados nas pesquisas realizadas (Page *et al.*, 2021). Dessa maneira, tanto a metodologia aplicada, quanto os resultados devem ser apresentados com todos os detalhes necessários para que este seja compreendido, avaliado e reproduzido.

Em resposta a necessidade de planejamento e documentação com antecedência de revisões sistemáticas, um grupo multidisciplinar desenvolveu a diretriz PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*), uma ferramenta metodológica rigorosa, lançada em 2009 e que se tornou referência internacional em planejamento, execução e detalhamento de revisões sistemáticas e meta-análises (Shamseer *et al.*, 2015). Em 2015 foi lançada a extensão PRISMA-P (*PRISMA for Protocols*), específica para protocolos de planejamento para revisão sistemática e meta-análise.

Como ferramenta de aprimoramento do protocolo o PRISMA-P, pode ser utilizado o modelo PICO (*Population; Intervention; Comparison; Outcome*). Neste modelo, uma pergunta é utilizada para guiar a pesquisa de forma objetiva e nítida, definindo os critérios de inclusão e exclusão de estudos para participar de revisões ou meta-análises (Page *et al.*, 2021). Essa pergunta científica focada pode facilitar a pesquisa nas bases de dados escolhidas, assegurando uma seleção criteriosa dos estudos encontrados.

O modelo PICO dentro do protocolo PRISMA-P favorece a robustez, precisão e reprodutibilidade da pesquisa (Shamseer *et al.*, 2015). Por meio do entendimento da população de interesse a ser estudada (*Population*), das intervenções e manejos adotados em cada sistema onde a população alvo está inserida (*Intervention*), das possíveis comparações entre as intervenções (*Comparison*), assim como o resultado esperado (*Outcome*). Servindo como orientação para o pesquisador na formulação e estruturação de uma revisão sistemática transparente e confiável (Page *et al.*, 2021).

2.5 Meta-análise

Nos últimos anos, a produção de artigos científicos sobre os mais variados temas tem aumentado de forma expressiva, tanto nacionalmente, quanto no exterior (Costa, 2021). Embora positivo, este aumento na quantidade de informação disponível, frequentemente resulta em divergências entre os resultados e conclusões de cada autor. Giannotti (2004) destaca que, estudos distintos sobre um mesmo tema, podem encontrar conclusões e interpretações contrastantes. Nesse contexto, a meta-análise pode ser aplicada como uma valiosa ferramenta estatística, capaz de compilar, analisar e avaliar resultados obtidos a partir de estudos realizados anteriormente, visando encontrar uma estimativa ponderada mais robusta e próxima da realidade (Giannotti, 2004; Pinto et al., 2024).

A meta-análise apresenta como vantagem o aumento do poder estatístico, ao combinar resultados de estudos independentes sobre o mesmo tema, consegue superar limitações como o baixo tamanho amostral e a restrição dos achados às populações originalmente avaliadas (Maskal et al., 2024; Giannotti, 2004; Bicudo, 2014). A ampliação do conjunto de dados possibilita estimativas mais precisas e representativas, favorecendo a detecção de diferenças significativas entre populações distintas ou entre tratamentos aplicados (Lovatto et al., 2007). Por outro lado, como se trata de um modelo estatístico que considera cada estudo como um efeito, a variação, isto é, a heterogeneidade entre os estudos costuma ser um problema recorrente em meta-análise (Giannotti, 2004; Pinto *et al.*, 2024). A variação que ocorre entre os estudos pode dificultar a combinação e interpretação dos resultados. Além disso, o vício de publicação e possíveis vieses na seleção dos trabalhos para compor o conjunto de dados, podem afetar os achados de uma meta-análise

Na produção animal, a meta-análise é de grande valia, com diversidade de aplicações, podendo ser utilizada em estudos de bovinocultura de corte e leite, avicultura de corte e de postura, suinocultura, cunicultura, piscicultura e aquicultura (Giannotti *et al.*, 2006; Sánchez-Duarte *et al.*, 2019; Boemo *et al.*, 2015). No Brasil, Medrado (2021) utilizou a meta-análise para encontrar uma estimativa combinada para herdabilidade em bubalinos, observando valores de 0,23, 0,35 e 0,38 para peso ao nascimento, peso ao ano e peso ao sobreano, respectivamente. Felipe (2018) encontrou herdabilidade combinada para peso ao nascimento (0,35), peso ao desmame (0,24), peso ao ano (0,31) e peso ao sobreano (0,39) em bovinos da raça Nelore aplicando a meta-análise.

A partir da meta-análise é possível compilar e sintetizar valores já calculados de parâmetros de interesse, como a herdabilidade, excedendo diferenças populacionais, metodológicas e ambientais, bem como o tamanho amostral, oferecendo uma visão mais consistente, representativa e com maior precisão (Chueke e Amatucci, 2022). Dessa forma, em programas de melhoramento, resultados obtidos por meio desse tipo de análise, podem ser utilizados como guia para identificar tendências e variações, contribuindo de maneira positiva no direcionamento dos critérios de seleção e tomada de decisões (Boemo *et al.*, 2015; Pinto *et al.*, 2024).

2.6 Metodologia estatística

Para combinar estudos, a metodologia estatística da meta-análise envolve algumas etapas essenciais, que tem início na coleta dos dados que serão sintetizados. A partir das informações obtidas, é necessário verificar se existe vício de publicação, testar a normalidade e homogeneidade entre os estudos, adaptar um modelo de variação para analisar os dados, para só então chegar a uma estimativa combinada, comum entre os estudos envolvidos (Hedges, 1992; Giannotti, 2004).

2.5.1 Vício de publicação

Existem dois métodos utilizados para verificar a presença ou ausência de vieses de publicação. Sterne e Harbord (2004) recomendam o uso do gráfico de funil e do gráfico quantil-quantil. O gráfico de funil, conforme descrito por Giannotti (2004), se baseia no pressuposto de que quanto maior o tamanho amostral dos estudos, maior a precisão das estimativas, que tendem a se concentrar na parte superior do gráfico. Enquanto estudos com menor tamanho amostral fornecem estimativas menos precisas, com tendência a se concentrar na parte inferior do gráfico. Em caso de ausência de vício, a dispersão dos dados forma uma figura com formato de funil invertido e simétrico. Por outro lado, assimetrias podem sugerir influência na seleção de estudos.

Entretanto, Wang & Bushman (1999) ressaltam que o gráfico de funil de meta-análises que incluem poucos estudos, pode apresentar dispersão assimétrica, que dificulta determinar a forma exata do gráfico e consequentemente, a existência ou não vício de publicação. Para casos como esses, os autores sugerem a utilização do gráfico de quantil-quantil (QQ-Plot) com alternativa para verificar vieses de publicação. Nesse gráfico, cada estimativa padronizada é

comparada com os valores observados em uma distribuição normal padronizada. Na ausência de vício, os pontos tendem a se alinhar ao longo da reta que passa pela origem, com cerca de 68% das estimativas concentradas entre -1 e 1.

2.5.2 Teste de Normalidade

Verificar a normalidade dos dados é uma etapa fundamental nas análises estatísticas. Field (2009) destaca essa suposição como necessária para realizar inferências válidas acerca de parâmetros populacionais. Para tanto, testes como Anderson-Darling, Kolmogorov-Smirnov e Shapiro-Wilk, podem ser empregados para avaliar a tendência dos dados a uma distribuição normal (Leotti, Birck & Riboldi, 2005). Quando os dados não tendem a normalidade, a transformação de Box-Cox pode ser utilizada, com o parâmetro de transformação λ definido pela máxima verossimilhança (Felipe, 2018). Nos casos em que mesmo após transformação, os dados não apresentarem distribuição normal, recomenda-se utilizar abordagem não-paramétrica.

2.5.3 Teste de Homogeneidade e Heterogeneidade

O teste de homogeneidade desempenha um papel essencial nas meta-análises. Segundo Wang e Bushman (1999), um resultado significativo nesse teste indica que a variação observada entre as estimativas dos estudos é maior do que a esperada ao acaso, caracterizando a presença de heterogeneidade. A homogeneidade pode ser avaliada por meio do teste Q de Cochran. De acordo com Giannotti (2004), a escolha entre o modelo de efeito fixo e o modelo de efeito aleatório depende do resultado desse teste. No modelo de efeito fixo, assume-se que a variância entre os estudos é nula, enquanto no modelo de efeito aleatório essa variância é estimada pelo parâmetro tau quadrado (τ^2), que representa a variabilidade entre os estudos não explicada pelo erro amostral.

Em meta-análises que utilizam o modelo de efeito aleatório, considera-se que existe heterogeneidade entre os estudos. Uma forma utilizada para avaliar a heterogeneidade é a estatística I^2 . Essa medida expressa a proporção da variabilidade total atribuída à heterogeneidade entre os estudos, podendo variar de 0% (ausência de heterogeneidade) a 100% (heterogeneidade elevada), o que permite uma interpretação mais precisa do grau de consistência dos resultados (Harris *et al.*, 2008; Rodrigues, 2010). Higgins *et al.* (2003)

classifica valores de I^2 entre 25 e 50% como de baixa heterogeneidade, entre 50 e 75% como moderada e acima de 75% a heterogeneidade é considerada alta.

2.5.4 Estimativa combinada

Após a realização do teste de homogeneidade, a escolha entre o modelo de efeito fixo e o modelo de efeito aleatório depende diretamente do resultado obtido. O modelo de efeito fixo é aplicado quando não há heterogeneidade significativa, ou seja, quando a variância entre os estudos é considerada nula ($\tau^2 = 0$) (Felipe, 2018). Por outro lado, o modelo de efeito aleatório é mais adequado em situações em que se observa heterogeneidade significativa, como frequentemente ocorre em estudos com animais, sendo que, nesse caso, a variância entre os estudos é estimada pelo parâmetro τ^2 (Giannotti, 2004). Em síntese, o modelo de efeito fixo considera apenas a variabilidade dentro de cada estudo, enquanto o modelo de efeito aleatório incorpora tanto a variabilidade interna quanto a existente entre os diferentes estudos para estimar a herdabilidade combinada. Assim, a escolha adequada do modelo é fundamental para assegurar maior precisão e confiabilidade às análises.

A meta-análise, de modo geral, busca integrar os resultados provenientes de diferentes pesquisas para gerar uma estimativa conjunta. Glass (1976) destaca que o aumento no número de estudos incluídos tende a produzir estimativas mais robustas, com maior poder estatístico e a possibilidade de avaliar de forma mais detalhada a variabilidade existente entre os estudos. Giannotti (2004) reforça que a seleção criteriosa de grupos de estudos semelhantes pode contribuir para resultados mais realistas e consistentes. Nesse contexto, a utilização de uma revisão sistematizada dos dados que serão submetidos à meta-análise representa uma estratégia importante, pois contribui para reduzir a subjetividade do processo e aumenta a confiabilidade dos resultados obtidos.

3 METODOLOGIA

3.1 Coleta de dados na literatura

A coleta de dados deste estudo foi realizada seguindo o protocolo PRISMA-P, conforme descrito por Shamseer et al. (2015). Os dados foram obtidos nas bases de dados Scopus, PubMed e Periódicos CAPES. Foram incluídos apenas estudos publicados em inglês,

disponíveis integralmente online em periódicos, jornais, revistas ou anais de eventos científicos. Considerou-se apenas pesquisas originais, sendo excluídos trabalhos de revisão. O ano de publicação, o periódico e o país de origem não constituíram critérios de inclusão ou exclusão, mas essas informações foram registradas para auxiliar na análise e interpretação dos dados.

A população (P) do estudo é composta por bovinos Aberdeen Angus, independente do sexo, idade ou origem. Como intervenção (I), os estudos deveriam fornecer informações sobre a herdabilidade de pelo menos uma das quatro características de crescimento consideradas neste estudo. O critério de comparação (C) não se aplica. Como desfecho (O), os estudos deveriam apresentar dados o peso ao nascimento, peso ao desmame, peso ao ano e peso ao sobreano, cuja herdabilidade foi estimada. A Tabela 1 descreve os termos de busca utilizados para cada item da metodologia PICO.

Os termos de busca foram construídos utilizando a combinação dos operadores “AND” e “OR” nas bases de dados, sendo empregado o operador “*” para incluir variações do termo no singular e plural. A Tabela 1 apresenta os termos de busca utilizados, organizados conforme a ferramenta PICO.

Tabela 1. Termos de busca PICO

Formulação de pergunta para pesquisa utilizando a ferramenta PICO				
Componente	P	I	C	O
Objetivo		<i>Genetic estimate*</i>		<i>Birth weight OR weaning weight OR yearling weight</i>
		<i>OR Heritability*</i>		<i>OR growth trait* OR body weight OR post-weaning weight OR long-yearling weight OR weight over year OR performance.</i>
	<i>Angus cattle OR</i>	<i>OR Genetic</i>	-	
	<i>Aberdeen Angus OR</i>	<i>parameter* OR</i>		
	<i>Bos taurus Angus.</i>	<i>Genetic evaluation</i>		

P = população; I = intervenção; C = comparação; O = observação

Foram incluídos estudos que avaliaram as estimativas de herdabilidade em bovinos da raça Angus, com foco em variáveis relacionadas às medidas de peso pré e pós-desmama, abrangendo desde o nascimento até o sobreano. Foram considerados apenas trabalhos que investigaram a herdabilidade das características de peso ao nascimento, peso ao desmame, peso ao ano e peso ao sobreano.

Foram excluídos estudos que não envolveram bovinos Angus ou que focaram majoritariamente em outras raças. Trabalhos contendo informações sobre Red Angus também foram excluídos, assim como dados referentes a animais cruzados, independentemente do grau de cruzamento. Apenas trabalhos publicados em periódicos científicos foram considerados, independentemente do país de origem, desde que retratem a realidade do local onde foram conduzidos e fornecessem informações sobre a dieta dos animais. Os parâmetros genéticos poderiam ter sido estimados por qualquer software ou método estatístico, incluindo métodos de máxima verossimilhança ou inferência bayesiana.

Dos artigos selecionados, foram extraídas as seguintes informações: autores, título, link de acesso, período de observação, número de animais utilizados, sexo, idade, condições de manejo (pastagem ou confinamento), metodologia empregada para estimar a herdabilidade das características de peso e os métodos estatísticos utilizados na análise. Além disso, foram registrados os resultados de herdabilidade obtidos para cada característica, bem como os respectivos valores de variância e o peso médio da população estudada.

Para contornar a ausência de informações sobre a variância (s^2) em alguns trabalhos, foram aplicadas as seguintes equações: $s^2 = 32h^2/N$, quando a herdabilidade (h^2) foi estimada a partir de modelo animal ou de touro; e $s^2 = 2/\sqrt{N}$, quando a h^2 foi estimada a partir de regressão progênie-pai ou progênie-mãe (Koots et al., 1994; Falconer & Mackay, 1996). Após a coleta e seleção dos dados, estes foram tabulados utilizando o software Microsoft Excel.

3.2 Avaliação dos dados de literatura coletados

A análise dos dados foi conduzida por meio de meta-análise, precedida da sistematização das informações que comporão o estudo (Chueke e Amatucci, 2022). Toda a análise estatística e a confecção de gráficos foram realizadas utilizando o software RStudio (versão 4.3.0). Inicialmente, realizou-se uma análise descritiva dos dados, apresentando o número de estudos obtidos para cada característica, o número de indivíduos observados, as médias de herdabilidade e peso, acompanhadas de seus respectivos desvios padrão, valores mínimos e máximos, e coeficiente de variação. Para facilitar a visualização das medidas descritivas e identificar possíveis *outliers*, foi elaborado o gráfico Box-Plot.

Em seguida, foram aplicados testes de normalidade, baseados na estatística de Shapiro-Wilk. Caso os dados violassem o pressuposto de normalidade (p -valor $< 0,05$), seria realizada a transformação pelo método de Box-Cox. Posteriormente, foi aplicado o teste Q de Cochran

para avaliar a homogeneidade dos dados, seguido da estatística I^2 para quantificar o grau de heterogeneidade, conforme metodologia descrita por Rodrigues (2010).

Na meta-análise, a avaliação da homogeneidade ou heterogeneidade dos dados é fundamental para determinar o modelo a ser utilizado na estimativa combinada da herdabilidade (valor metanalítico), podendo ser adotado o modelo de efeito fixo ou de efeito aleatório. Como a estimativa combinada, em casos de efeito aleatório, considera a variação entre os estudos (τ^2), este valor foi calculado conforme necessidade.

Por fim, os resultados da meta-análise foram apresentados por meio do gráfico forest plot, que exhibe as informações individuais de cada estudo incluído, demonstrando a variabilidade de cada trabalho e a estimativa combinada. Para cada estudo, o gráfico representou o intervalo de confiança por meio de uma linha horizontal e a medida de efeito representada por um símbolo, cuja forma pode variar. A extensão da linha horizontal é proporcional à variabilidade dentro do estudo, enquanto o tamanho do símbolo reflete o peso do estudo na análise, considerando o tamanho amostral e a variação entre os estudos (Rodrigues, 2010; Rosa, 2022).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 . Revisão sistemática

Por meio da revisão sistemática foram selecionados 24 trabalhos relatando valores de herdabilidade para peso ao nascimento, peso à desmama, peso ao ano e peso ao sobreano da raça Aberdeen Angus. Na Figura 1 está representado um fluxograma PRISMA (adaptado de Page *et al.*, 2021), que descreve o número de trabalhos identificados em cada uma das bases de dados, utilizando os termos de busca gerados pela metodologia PICO.

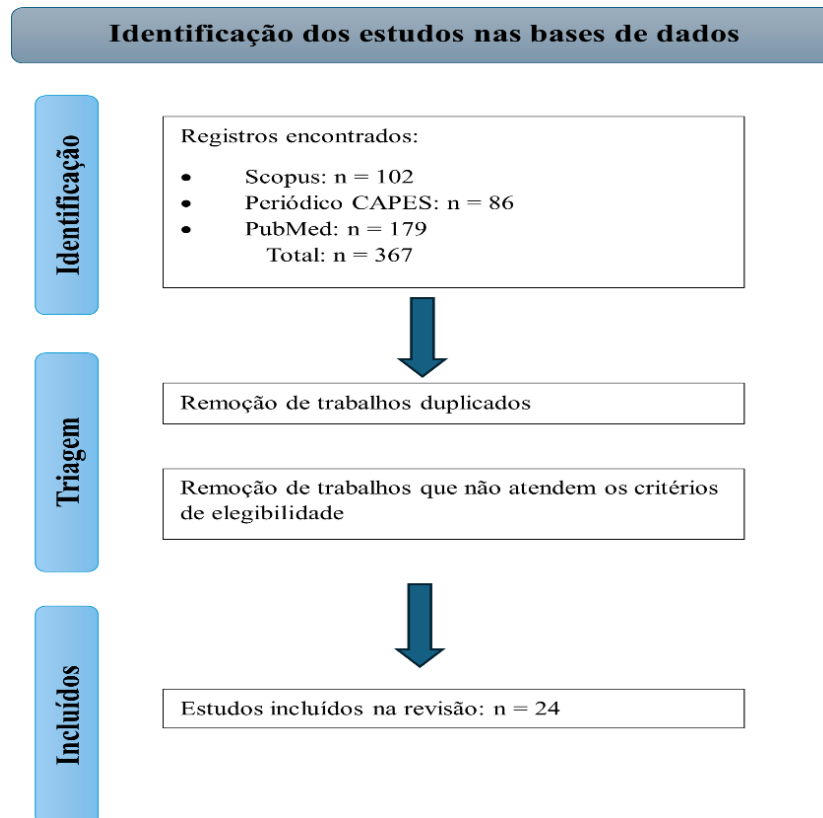


Figura 1. Fluxograma PRISMA de identificação, triagem e inclusão de artigos na revisão. Adaptado de Page et al. (2021).

Inicialmente, a aplicação dos termos de busca definidos pela estratégia PICO (Tabela 1) resultou na identificação de 367 artigos publicados nas três bases de dados selecionadas para esta revisão. Após a etapa de triagem, que incluiu a exclusão de estudos duplicados e daqueles que não continham as informações necessárias, foram selecionados 24 trabalhos para compor a meta-análise.

Em análise exploratória dos dados coletados, para representar visualmente a distribuição das estimativas de herdabilidade entre os estudos, foi construído um gráfico Box-Plot no software R-Studio. A Figura 2 ilustra as estimativas de herdabilidade média para peso ao nascimento, peso à desmama, peso ao ano e peso ao sobreano. Este gráfico permite rápida e didática visualização da distribuição dos dados amostrados (Neto, 2017). O box-plot é formado por uma caixa retangular, cuja secção na parte central corresponde aos valores de mediana dos dados. A média dos dados é representada por um ponto vermelho. O gráfico apresenta duas hastes (“bigodes”) que se estendem a partir da caixa, representando a dispersão dos dados, entre os valores mínimos e máximos observados. A depender do conjunto de dados, acima ou abaixo

dos limites definidos pelas hastes, podem ser identificados outliers, considerados valores discrepantes dos demais e que podem influenciar a distribuição dos valores de herdabilidade encontrados.

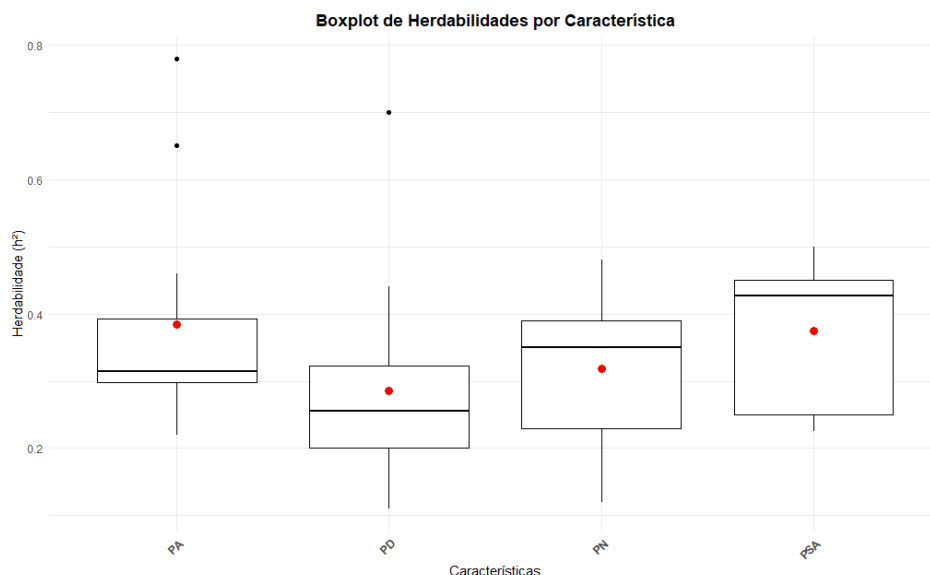


Figura 2. Gráfico Box-Plot das estimativas de herdabilidade para PA, PD, PN e PSA

Observa-se (Figura 2) que o ponto vermelho, indicando a herdabilidade média encontrada, está distante da linha da mediana. A proximidade entre esses dois valores se relaciona com a tendência a distribuição normal dos dados. Além disso, apenas as características PA e PD apresentaram outliers, ou seja, valores que se encontram fora do intervalo de distribuição. Para peso ao ano, foram identificados dois valores discrepantes: herdabilidade de 0,65 (Rasali et al., 2005) e de 0,78 (Kennedy e Henderson, 1975). Já para peso à desmama, verificou-se a presença de um valor acima do limite superior da distribuição, correspondente à herdabilidade de 0,70 (Rasali et al., 2005).

Os estudos que apresentaram valores discrepantes foram reavaliados, a fim de encontrar informações que justificassem valores tão distantes do usualmente observado. Entretanto, haja vista a discrepância em comparação com os outros valores observados e a falta de informações que expliquem essa diferença, optou-se pela remoção dos estudos de Rasali *et al.* (2005) e Kennedy e Henderson (1975) para peso ao ano e peso à desmama. Os demais 22 estudos sem valores discrepantes foram mantidos e seus dados foram utilizados para compor a meta-análise. Portanto, um novo Box-Plot foi realizado para observação da distribuição das herdabilidades.

Pode-se observar na Figura 3 o gráfico Box-Plot para os valores de herdabilidade média de PN, PD, PA e PSA após a retirada dos dados outliers.

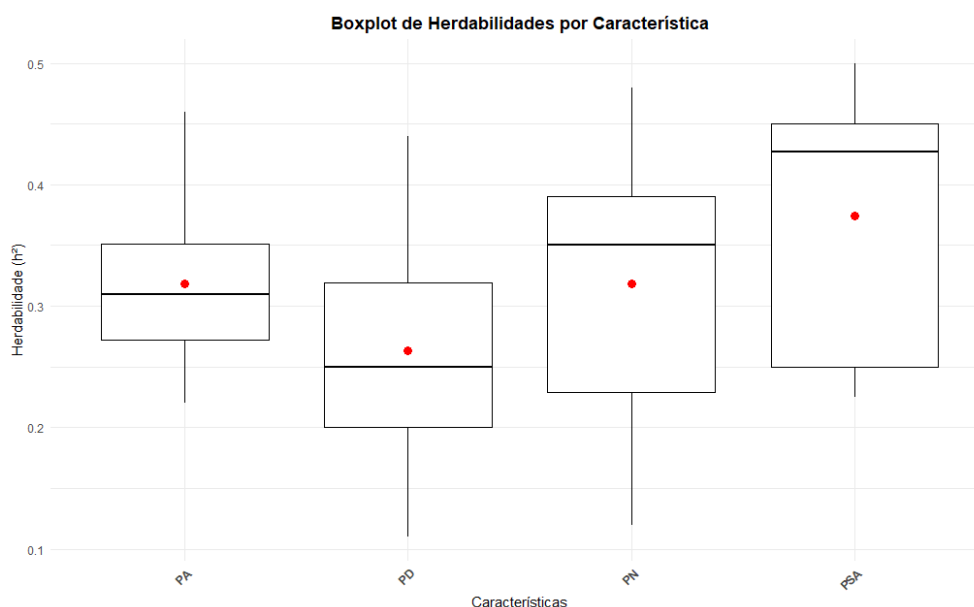


Figura 3. Gráfico Box-Plot da herdabilidade para PN, PD, PA e PSA, após retirada dos outliers

O gráfico da Figura 3 mostra que uma menor dispersão dos dados pode ser observada para PA, seguida respectivamente por PD, PN e PSA, conforme apresenta a Tabela 3, que apresentou a herdabilidade com maior variação entre os estudos. O ponto vermelho no centro de cada caixa representa o valor da média para a herdabilidade da característica. Sendo assim, PA e PD apresentaram valores médios próximos aos da mediana, indicando a tendência a distribuição normal dos dados.

Variações entre os estudos são esperadas, uma vez que os dados coletados provem de diferentes populações da raça, distribuídas em 8 países, cada um com suas especificidades quanto ao clima e recursos disponíveis para o manejo e criação desses animais, assim como foco distinto na seleção e melhoramento da raça. O gráfico da Figura 4 apresenta os países com estudos incluídos nessa revisão, assim como a distribuição total de estudos por país.

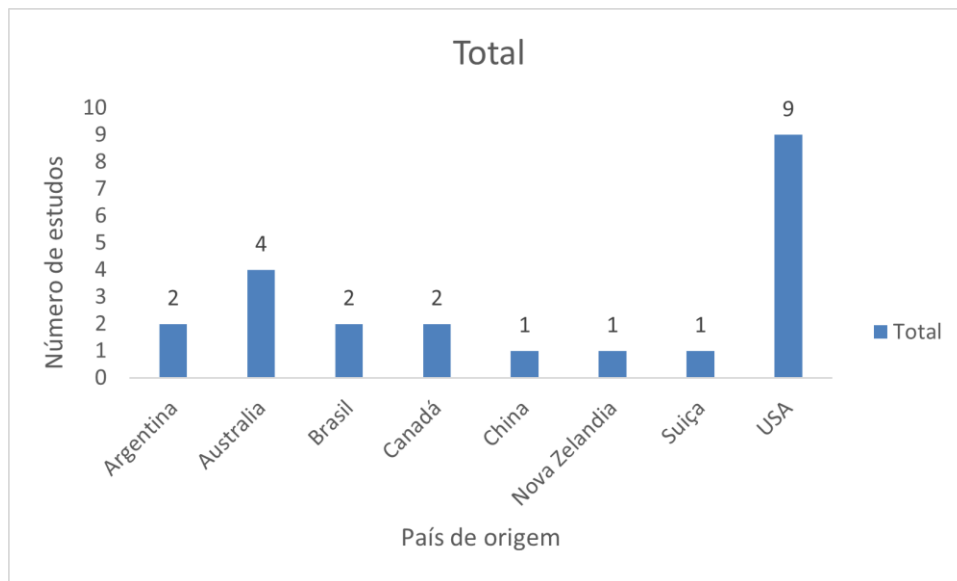


Figura 4. Total de estudos por país incluídos

É possível observar na Figura 4 que a maior parte dos estudos utilizados provem dos Estados Unidos, que teve 9 trabalhos incluídos na meta-análise. Em seguida, destaca-se a Austrália, com 4 trabalhos incluídos. Ambos os países são grandes produtores da raça, segundo estimativa da USDA, o rebanho americano conta atualmente com cerca de 94,2 milhões de cabeças (USDA, 2025), o que pode explicar o maior número de estudos sobre a raça nesse país. Além disso, é importante destacar que o nível de organização das associações de criadores nesses países favorece a coleta e o acesso a essas informações, evidenciando a importância econômica da raça. Por outro lado, países como Canadá, Argentina e Brasil, embora com rebanhos significativos, tem menor volume de informações disponíveis.

Os estudos escolhidos para compor a meta-análise foram publicados em um período de 50 anos, entre 1975 (Kennedy e Henderson, 1975) e 2025 (McEwin *et al.*, 2025; Xiaofang Feng *et al.*, 2025). Este fato também pode influenciar a variação dos dados, uma vez que avanços nas metodologias ocorreram durante esse período. De maneira semelhante, o manejo zootécnico e o ambiente também se desenvolveram, assim como os objetivos e a pressão de seleção da raça. As mudanças nas condições de produção ao longo do tempo podem ter influenciado a expressão fenotípica e as estimativas de herdabilidade das características.

4.2 Meta-análise

Dos 22 estudos coletados na revisão, as informações sobre número de indivíduos de cada estudo, assim como as médias de herdabilidade e de peso ao nascimento, peso ao desmame, peso ao ano e peso ao sobreano, foram utilizadas para compor o banco de dados analisado no presente trabalho. A Tabela 2 apresenta as medidas descritivas para os dados de peso das características avaliadas, em que é possível observar o número total de estudos por característica, número total de indivíduos observados por características, valores de mínimo, máximo, peso médio, desvio padrão e coeficiente de variação entre os estudos.

Tabela 2. Estatística descritiva do peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Peso	nT	nI	Mínimo	Máximo	Média (Kg)	Desvio Padrão	CV (%)
PN	14	6.355.855	30,50	38,84	33,76	2,61	7,73
PD	19	7.181.132	163,66	310,68	225,96	40,52	17,93
PA	10	164.049	235,48	536,24	353,79	91,66	25,91
PSA	9	33.163	325,00	561,93	419,37	82,26	19,61

nT = número total de trabalhos; nI = número total de indivíduos; CV = coeficiente de variação entre os trabalhos

Foi observado PN médio de 33,76 Kg (Tabela 2). Este valor está em conformidade aos valores reportados para bovinos Angus puros, tanto para os rebanhos nacionais, quanto internacionais. No Brasil, Biegelmeier *et al.* (2005) descrevem PN médio de 33,20 Kg em uma população no Sul do país. Cardoso *et al.* (2000) apresentam média de 32,00 Kg para bezerros Angus nascidos no outono. Este fato reforça a representatividade dos dados avaliados em relação a realidade da população brasileira da raça. Internacionalmente os valores variam entre 29,95 Kg (Rotar *et al.*, 2024) e cerca de 37,00 Kg (ANGUSPRO, 2022).

O PD apresentou média de 225,96 Kg (Tabela 2). Essa média está dentro dos valores encontrado para a característica no Brasil e no exterior, que varia entre 163,66 Kg (Weber *et al.*, 2009) a 302,50 Kg (Baschnagel *et al.*, 1999; McNeil *et al.*, 2011). Em pesquisa conduzida no Brasil entre os anos de 2013 e 2015, Gonçalves *et al.* (2016) encontraram PD médio de 230,29 Kg. Mais uma vez reforçando a representatividade nacional da raça na composição dos dados dessa meta-análise.

Para PA, observou-se 353,79 Kg (Tabela 2), valor próximo aos descritos para a raça nesta fase. Gonçalves *et al.* (2016) descrevem 343,57 Kg em média para PA em rebanho Angus brasileiro, inferior, porém próximo a média obtida. O PSA médio foi de 419,37 Kg (Tabela 2). Essa medida se refere aos animais adultos, acima dos 365 dias de vida, sendo comum a atualização de um reajuste e, nesse sentido, é comum encontrar PSA médios entre 325 Kg (Robinson, 1995) e 600 Kg, conforme descrevem Krupová *et al.* (2022) para fêmeas Angus adultas dos EUA, Canadá e Austrália.

O coeficiente de variação (CV) foi de 7,73; 17,93; 25,91 e 19,61% para PN, PD, PA e PSA, respectivamente. Gomes (2022) classifica como baixo CV valores inferiores a 10%, entre 10 e 20% como médio, entre 20 e 30% como alto e CV superior a 30% é considerado muito alto. A variação do PN, que apresentou CV de 7,73%, é considerada baixa, indicando que houve pouca variação entre os valores encontrados nos diferentes estudos avaliados. Por outro lado, PA tem variação alta entre os estudos observados (25,91%). Enquanto PD e PSA apresentam variação média, de 17,93 e 19,61%, respectivamente. O peso pode variar em função do sexo, manejo nutricional da matriz, condições climáticas, ambientais e de manejo. Além disso, após o nascimento os animais são expostos a diferentes ambientes e manejos nutricionais, nesse sentido, é esperado encontrar menor variação do peso ao nascimento em comparação as demais características.

A Tabela 3 apresenta as medidas descritivas para as estimativas de herdabilidade referentes as informações obtidas para peso médio das respectivas características. É possível observar que as herdabilidades médias estimadas foram de 0,32 (PN), 0,26 (PD), 0,32 (PA) e 0,38 (PSA), valores considerados altos, com exceção de peso ao desmame, que segundo Pereira (2012), é definido como moderado.

Tabela 3. Estatística descritiva herdabilidade média para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

h^2	nT	nI	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	CV (%)
PN	14	6.355.855	0,12	0,48	0,32	0,11	33,96
PD	19	7.181.132	0,11	0,44	0,26	0,08	31,56
PA	10	164.049	0,22	0,46	0,32	0,07	21,38
PSA	9	33.163	0,23	0,50	0,38	0,11	29,07

h^2 = herdabilidade; nT = número total de trabalhos; nI = número total de indivíduos; CV = coeficiente de variação entre os trabalhos

A estimativa de h^2 para PN (0,32) é compatível com valores encontrados na literatura. A herdabilidade para o peso ao nascimento em bovinos dessa raça tem variado entre 0,25 (Garcia-Baccino *et al.*, 2020) e 0,42 (Boddhireddy *et al.*, 2014). Essa característica contou com o segundo maior número de observações, tanto em relação ao número de trabalhos ($n = 14$), quanto ao número de indivíduos ($nI = 6.355.855$). O tamanho amostral elevado colabora com robustez das estimativas geradas.

O peso à desmama apresentou a menor média para h^2 (0,26), embora seja considerado moderado. Ainda assim, este valor é superior aos valores de 0,16 e 0,20, respectivamente reportados por Garcia-Baccino *et al.* (2020) e Boddhireddy *et al.* (2014). Além disso, é importante destacar que esta característica contou com mais de 7 milhões de indivíduos observados, além de apresentar o maior número de estudos relatados ($nT = 19$) dentro das 4 características de interesse. Isso pode estar relacionado ao fato de que o peso à desmama é uma característica amplamente utilizada em programas de melhoramento e seleção de indivíduos superiores, uma vez que não existe seleção antes dessa fase, colaborando com um maior volume de informações produzidas. Quanto maior o número de indivíduos amostrados, maior a tendência a chegar em estimativas mais precisas.

O PSA apresentou a maior estimativa média de herdabilidade (0,38). Entretanto, assim como PA ($h^2 = 0,32$), apresentou menor número de estudo e indivíduos observados. Cardoso *et al.* (2004) destaca a carência de informações nacionais sobre estas características na literatura. Internacionalmente também existem poucas informações acerca de peso ao ano e ao sobreano na raça Angus. Nesse sentido, existem duas possíveis razões para a falta de informações. A primeira é que estas características são mensuradas em animais de idade superior a um ano de vida (365 dias) e, embora apresentem herdabilidade moderada, podem atrasar a seleção, uma vez que para avaliar os ganhos, é necessário esperar pelo menos 1 ano após o nascimento do indivíduo. A segunda razão se associa ao perfil de crescimento acelerado típico da raça, que possibilita que os animais atinjam o peso ideal e sejam comercializados ou abatidos mais jovens.

Observa-se (Tabela 3) que a variação das estimativas foi média para PA e PSA, que apresentaram CV igual a 21,38 e 29,07%, respectivamente, mesmo apresentando menor número de observações. O maior CV observado foi do PN, 33,96%, seguido de PN, 31,56%. Esses valores são considerados altos e podem ser explicados pela grande variação entre os locais de onde os dados foram coletados, com diferentes climas e valores genéticos. Isso sugere que a

opção por empregar a meta-análise nesse conjunto de dados pode ser assertiva para encontrar estimativas de herdabilidade baseadas em um conjunto de dados mais robusto.

Para identificar a presença ou ausência de vícios de publicação dos dados coletados na literatura, recomenda-se tanto o gráfico de funil, quanto o gráfico de quantil-quantil (Giannotti, 2004). A Figura 5 apresenta o gráfico de funil para a herdabilidade de PN, PD, PA e PSA. A dispersão dos pontos depende do número de indivíduos observados em cada estudo sobre a herdabilidade de cada característica. É possível observar a concentração de pontos na parte de inferior do gráfico em ambas as herdabilidades. Os estudos considerados nessa revisão apresentaram baixo número amostral, com poucos estudos observando uma população expressiva. Nesse caso, não é possível inferir quanto ao vício de publicação estar presente ou ausente a partir da imagem formada.

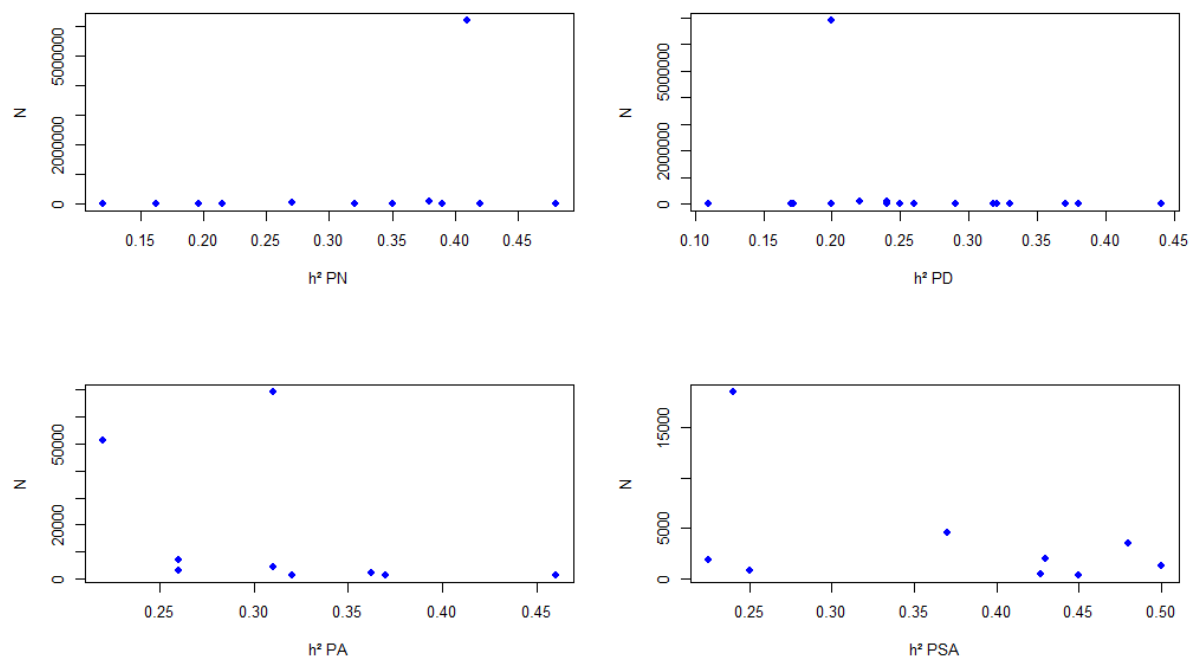


Figura 5. Gráfico de Funil para as estimativas de herdabilidade para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Nos casos em que não é possível identificar a imagem de funil invertido, formada pela dispersão dos pontos, Wang & Bushman (1999) recomendam verificar se existe vício de publicação utilizando o gráfico quantil-quantil. A Figura 6 apresenta o gráfico QQ-Plot (quantil-quantil) para as estimativas de herdabilidades incluídas nesta análise. Quando este

modelo gráfico é utilizado, considera-se que não há vício de publicação quando 68% dos dados são observados dentro do intervalo de -1 e 1.

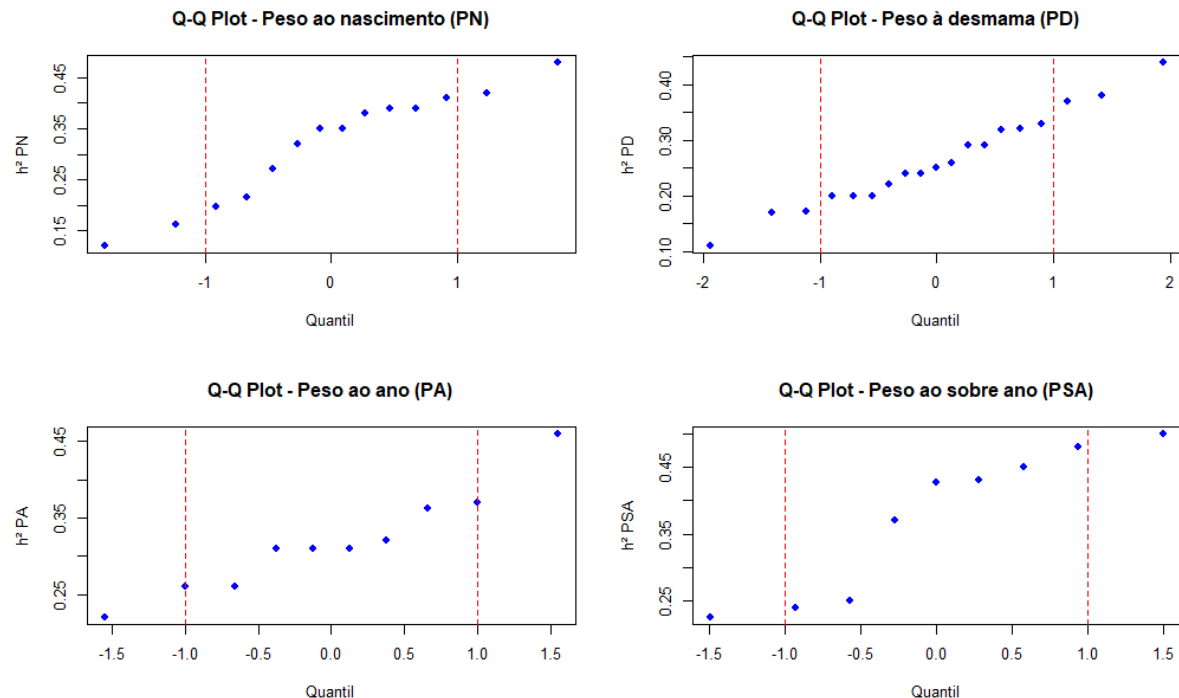


Figura 6. Gráfico QQ-Plot das estimativas de herdabilidade para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Para as características avaliadas, não houve vício de publicação, uma vez que todas apresentaram pelo menos 68% dos valores observados dentro do intervalo de -1 e 1. Contabilizou-se que 71,43% (PN), 68,42% (PD), 80% (PA) e 77,78% (PSA) dos dados estão dentro do intervalo, indicando que não houve vício de publicação, mesmo com pequeno número de estudos incluídos.

Posteriormente, a distribuição normal dos dados foi verificada utilizando o Teste de Shapiro-Wilk, que considera a existência de distribuição normal para dados com p-valor $> 0,05$. Na Tabela 4 estão descritos os p-valores do Teste de Shapiro-Wilk para a herdabilidade de peso ao nascimento, peso à desmama, peso ao ano e peso ao sobreano. Observa-se que os dados de todas as características seguem a distribuição normal, uma vez que apresentam p-valor de 0,37 (PN), 0,96 (PD), 0,54 (PA) e 0,10 (PSA), superior a 0,05. Nota-se ainda que o peso à desmama (p-valor = 0,96), foi a característica com distribuição mais próxima da normalidade (p-valor = 1). Conforme citado anteriormente, PD foi a característica com maior volume de dados

observados, contribuindo positivamente com a robustez estatística. Segundo Giannotti (2004), o poder estatístico aumenta conforme aumenta a normalidade da amostra.

Tabela 4. Resultado do Teste de Shapiro-Wilk

Teste de Shapiro-Wilk	
h^2	p-valor
PN	0,37
PD	0,96
PA	0,54
PSA	0,10

h^2 = herdabilidade

A homogeneidade entre os estudos pode ser verificada pelo Teste Q de Cochran (Wang & Bushman, 1999). Estes autores consideram que existem homogeneidade quando p-valor do teste é maior que 0,01. Em contrapartida, p-valor inferior a 0,01 indica que existe heterogeneidade entre os estudos, com variação maior do que a esperada. O resultado do teste de homogeneidade direciona o modelo escolhido para estimativa combinada da meta-análise. Quando é observada homogeneidade, opta-se por um modelo de efeito fixo, que considera que existe variabilidade dentro de cada estudo, porém não entre eles. Caso seja observada heterogeneidade significativa (p-valor < 0,01), recomenda-se utilizar um modelo de efeito aleatório (Giannotti, 2004). A Tabela 5 apresenta os valores de G.L. (graus de liberdade) e p-valor resultantes do Teste Q de Cochran para as estimativas de herdabilidade de PN, PD, PA e PSA.

Tabela 5. Resultado do Teste Q de Cochran para homogeneidade das herdabilidades de peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Teste Q – Cochran		
h^2	G.L.	p-valor
PN	13	<0,01
PD	18	<0,01
PA	9	<0,01
PSA	8	<0,01

h^2 = herdabilidade; G.L. = graus de liberdade

Todas as características apresentaram p -valor $< 0,01$, evidenciando a necessidade de utilizar modelo de efeito aleatório para a estimativa combinada de herdabilidade das características avaliadas. Além disso, o grau heterogeneidade entre os estudos também foi avaliado pela estatística I^2 , que representa a porcentagem da variação total entre os estudos (Pinto *et al.*, 2024). O resultado para I^2 pode ser observado na Tabela 6, onde estão representadas as porcentagens por característica observada. Verifica-se que existe heterogeneidade entre os estudos de todas as características, sendo peso ao nascimento a característica com maior heterogeneidade (96,78%), enquanto peso ao sobreano apresentou a menor heterogeneidade entre os estudos (63,36%). Seguindo a classificação de Higgins *et al.* (2003), a heterogeneidade entre os estudos é alta ($I^2 > 75\%$) para PN e PD, enquanto PA e PSA tem heterogeneidade moderada (I^2 entre 50-75%). Estes resultados reforçam a aplicação de modelo de efeito aleatório.

Tabela 6. Estatística I^2 para heterogeneidade das estimativas de herdabilidade de peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

h^2	I^2
PN	96,78%
PD	95,27%
PA	73,08%
PSA	63,36%

h^2 = herdabilidade; I^2 = heterogeneidade entre os estudos

Uma vez definida e justificada a utilização do modelo aleatório, antes de obter a estimativa combinada para as herdabilidades, foi preciso estimar a variância entre os estudos (τ^2), conforme propõe Giannotti (2004). Os valores da variância entre os estudos para h^2 de PN, PD, PA e PSA estão representados, assim como seus respectivos erros padrão, na Tabela 7.

Tabela 7. Resultado da variância entre os estudos (τ^2) e erro padrão para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Variável	τ^2	Erro
PN	0,011	0,005
PD	0,005	0,002
PA	0,002	0,002
PSA	0,009	0,009

τ^2 = variância entre os estudos

As estimativas combinadas para a herdabilidade do peso ao nascimento, peso à desmama, peso ao ano e peso ao sobreano são informadas na Tabela 8, descritas com seus respectivos erros.

Tabela 8. Estimativa combinada (\hat{h}^2_*) e erro padrão para peso ao nascimento (PN), peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PSA)

Estimativa combinada		
	\hat{h}^2_*	Erro
PN	0,32	0,03
PD	0,25	0,02
PA	0,29	0,02
PSA	0,35	0,05

\hat{h}^2_* = estimativa combinada da herdabilidade

A estimativa combinada calculada para PN foi de 0,32, mesmo valor observado na média aritmética da descritiva dos dados (Tabela 3). Em PD foi possível observar \hat{h}^2_* de 0,25, próximo ao da herdabilidade média de 0,26. PA e PSA obtiveram estimativa combinada de 0,29 e 0,35, respectivamente, ambas menores, embora próximas, aos valores médios descritos para as características na Tabela 3. Como os efeitos aleatórios consideram a variação entre os estudos (τ^2) e a heterogeneidade (I^2) para obter a estimativa combinada, o fato desses valores terem se afastado pouco da média, pode indicar que a variabilidade não foi suficiente para afetar a média global.

As Figuras 7, 8, 9 e 10 correspondem respectivamente aos gráficos de forest plot dos dados de h^2 para as características PN, PD, PA e PSA. O forest plot é uma forma comum de apresentar os resultados obtidos em meta-análises. O forest plot representa graficamente os resultados da meta-análise, exibindo a estimativa de efeito de cada estudo (quadrados), seus intervalos de confiança (linhas horizontais) e o peso relativo (tamanho do quadrado). A linha vertical indica a ausência de efeito, enquanto o diamante no final representa a estimativa global da meta-análise e seu intervalo de confiança. Dessa forma, é possível avaliar a consistência dos estudos e a direção do efeito em conjunto. Cada estudo está representado por um quadrado, cujo tamanho é proporcional ao peso atribuído na meta-análise. De acordo com Dawson e seus colaboradores (2016), estudos com maior precisão possuem quadrados maiores, refletindo no em maior peso desses estudos na meta-análise.

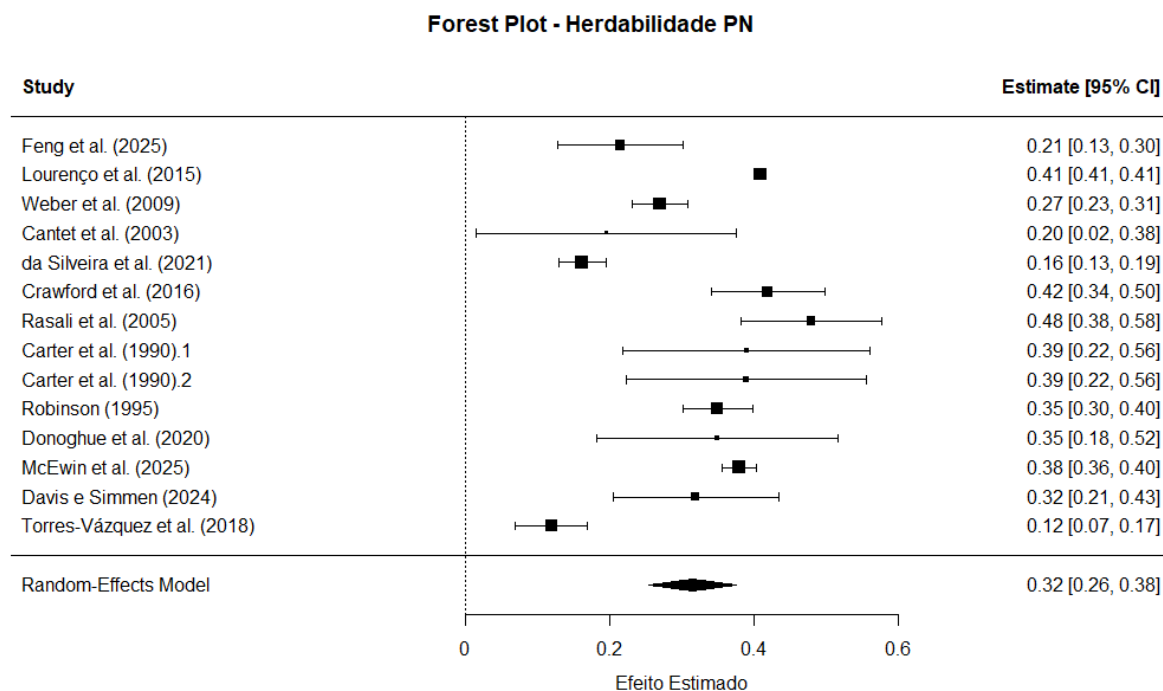


Figura 7. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao nascimento (PN)

A figura 7 apresenta o gráfico de forest plot com o resultado dos 14 estudos que estimaram a herdabilidade do peso ao nascimento. É possível observar que as estimativas individuais variaram de 0,12 (Torres-Vázquez et al., 2018) a 0,48 (Rasali et al., 2005), confirmando a heterogeneidade entre os estudos, possivelmente devido a diferenças em tamanho amostral, modelos estatísticos e condições de manejo e ambiente. O modelo de efeito aleatório da meta-análise resultou em uma herdabilidade média de 0,32 (IC95%: 0,26 – 0,38), indicando que aproximadamente um terço da variação fenotípica do peso ao nascimento em bovinos da raça angus é atribuída à genética aditiva.

Esse valor é consistente com os encontrados na literatura, que aponta herdabilidades moderadas para características de crescimento inicial em bovinos Angus (Koots et al., 1994; Van Vleck & Cundiff, 1998; Santana et al., 2013). A herdabilidade para o peso ao nascimento em bovinos dessa raça tem variado entre 0,25 (Garcia-Baccino *et al.*, 2020) e 0,42 (Boddhireddy *et al.*, 2014). Cardoso e seus colaboradores (2001) estimaram 0,29 de herdabilidade para um rebanho Angus no Sul no Brasil, valor próximo a média obtida nesta análise.

O valor de 0,32 é considerado altamente herdável (Pereira, 2012), indicando que existe grande potencial de resposta ao selecionar os indivíduos superiores para peso ao nascimento. Nesse sentido, vale mencionar que existe pouca seleção para esta característica, justificando a alta herdabilidade observada.

Na Figura 8 é possível verificar o gráfico de forest plot com o resultado dos 17 estudos que estimaram a herdabilidade do peso à desmama (PD). As estimativas individuais variaram entre 0,11 (Canet et al., 1993) a 0,44 (Kennedy e Henderson, 1975.1), refletindo a heterogeneidade entre os trabalhos incluídos, possivelmente associada às diferenças de tamanho amostral, metodologias estatísticas e condições de manejo. O resultado do modelo de efeito aleatório da meta-análise estimou uma herdabilidade média de 0,25, com IC (95%) entre 0,22 e 0,29.

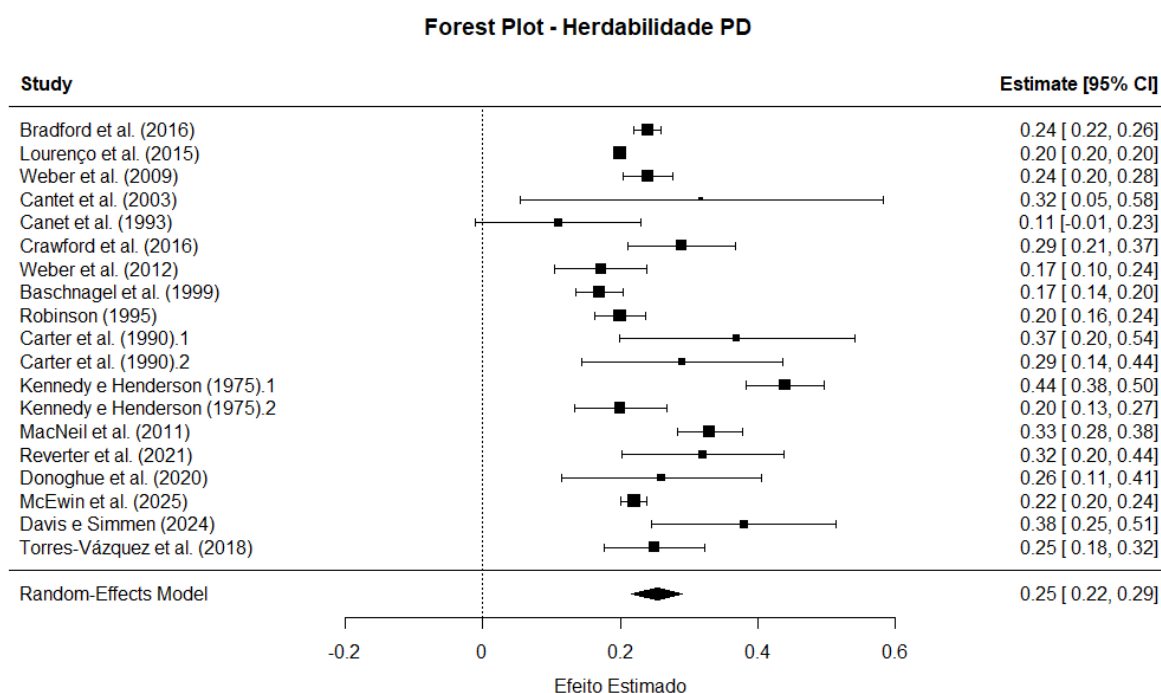


Figura 8. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso à desmama (PD)

Esse valor é considerado moderado para Pereira (2012) e está de acordo com os encontrados na literatura, que geralmente classificam a herdabilidade do peso à desmama como baixa a moderada em bovinos de corte (Koots et al., 1994; Robinson, 1996; Santana et al., 2013). Estudos prévios em rebanhos Angus também relatam herdabilidades próximas às obtidas neste estudo, como 0,22 (Baschnagel et al., 1999), 0,29 (Cardoso et al., 2001) e 0,30 (MacNeil et al., 2011). No Brasil é possível encontrar valores de 0,24 para herdabilidade média de PD

(Weber *et al.*, 2009), similar a média encontrada nesse estudo. Este achado pode indicar que o trabalho de seleção e melhoramento da raça no Brasil, especificamente para esta característica, tem andado no mesmo ritmo do restante do mundo.

Embora a herdabilidade de 0,25 indique a possibilidade espaço para progresso genético na seleção para peso à desmama, a magnitude moderada desse parâmetro sugere que a resposta à seleção direta tende a ser mais lenta do que em características com herdabilidade superior a 0,30 (Pereira, 2012). Uma possível explicação para a herdabilidade moderada pode estar relacionada a intensa pressão de seleção para a característica, que tende a reduzir a variabilidade e herdabilidade. Assim, a redução nos valores de herdabilidade pode ser encarada como uma consequência positiva da seleção dos indivíduos superiores.

O gráfico de forest plot da figura 9 apresenta o resultado dos 10 estudos que estimaram a herdabilidade do peso ao ano (PA) em bovinos Angus. Individualmente a variação das estimativas individuais ficou entre 0,22 (McEwin *et al.*, 2025) e 0,46 (Donoghue *et al.*, 2020), evidenciando a presença de heterogeneidade entre os trabalhos, possivelmente relacionada a diferenças no número de animais avaliados, nos modelos estatísticos empregados e nas condições de ambiente. A herdabilidade média resultante do modelo de efeitos aleatórios da meta-análise foi de 0,29, variando entre 0,25 e 0,33 (IC95%), estimando que cerca de 29% da variação fenotípica do PA é explicada pela variância genética aditiva.

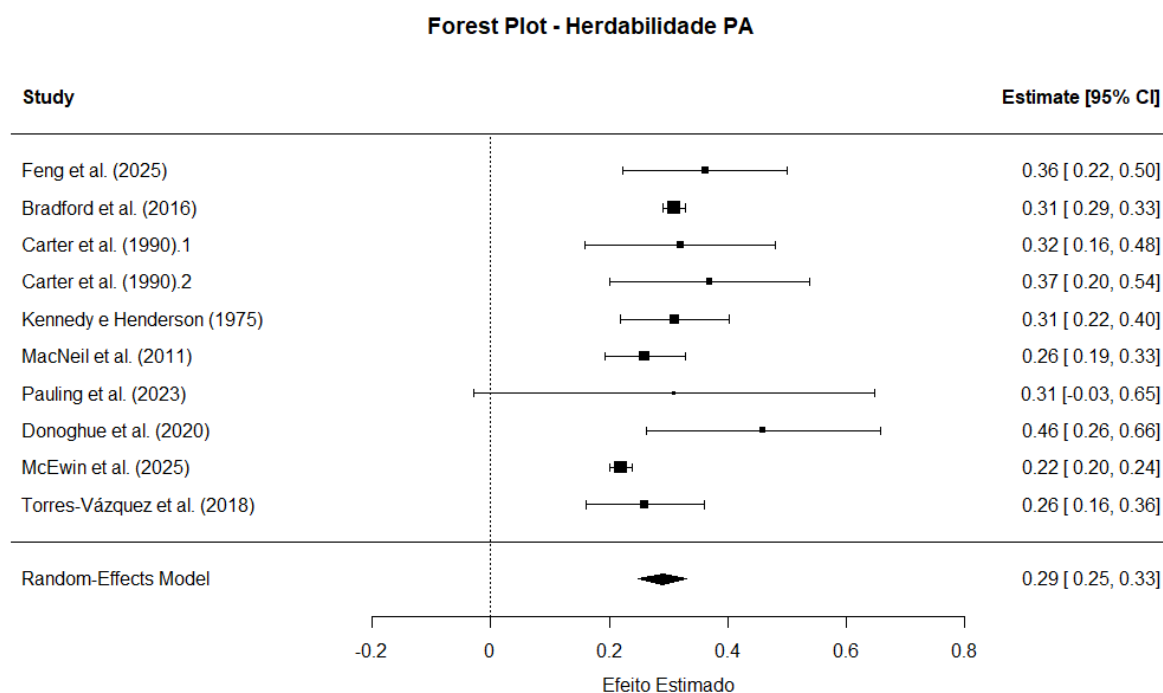


Figura 9. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao ano (PA)

Essa estimativa está em concordância com valores relatados na literatura para peso ao ano da raça Angus, que variam entre 0,25 e 0,40 (Koots et al., 1994; Santana et al., 2013; Bolormaa et al., 2013). MacNeil et al. (2011) reportaram herdabilidade de 0,26, enquanto Carter et al. (1990) estimaram valores próximos a 0,32, valores alinhados com a média encontrada nesta meta-análise. Assim, o valor de 0,29 é considerado moderado (Pereira, 2012), demonstrando que a seleção para PA pode promover ganhos genéticos satisfatórios, embora a resposta seja mais lenta e menos intensa em comparação a características altamente herdáveis.

Ao contrário do peso ao nascimento e do peso à desmama, que contam com a influência materna direta e ambiental mais pronunciada, o PA reflete em maior grau o potencial genético do próprio animal para crescimento. Ainda assim, fatores ambientais como a desmama, o manejo nutricional pós-desmama e a sanidade, podem influenciar significativamente o fenótipo. Portanto, a herdabilidade moderada encontrada para PA sugere que estratégias de seleção para esta característica são efetivas, principalmente quando associadas a práticas de manejo que favoreçam a expressão do potencial genético dos animais.

O gráfico plotado na figura 10 é o forest plot da estimativa de herdabilidade para peso ao sobreano (PSA), com o resultado dos 9 estudos incluídos para a característica nessa análise. As

estimativas variaram de 0,22 (Feng et al., 2025) a 0,50 (Donoghue et al., 2020), que pode ser explicada por diferenças no tamanho amostral, nos modelos estatísticos utilizados e nas condições de ambiente em que os animais foram avaliados. A herdabilidade média estimada foi de 0,35, com IC (95%) entre 0,26 e 0,44.

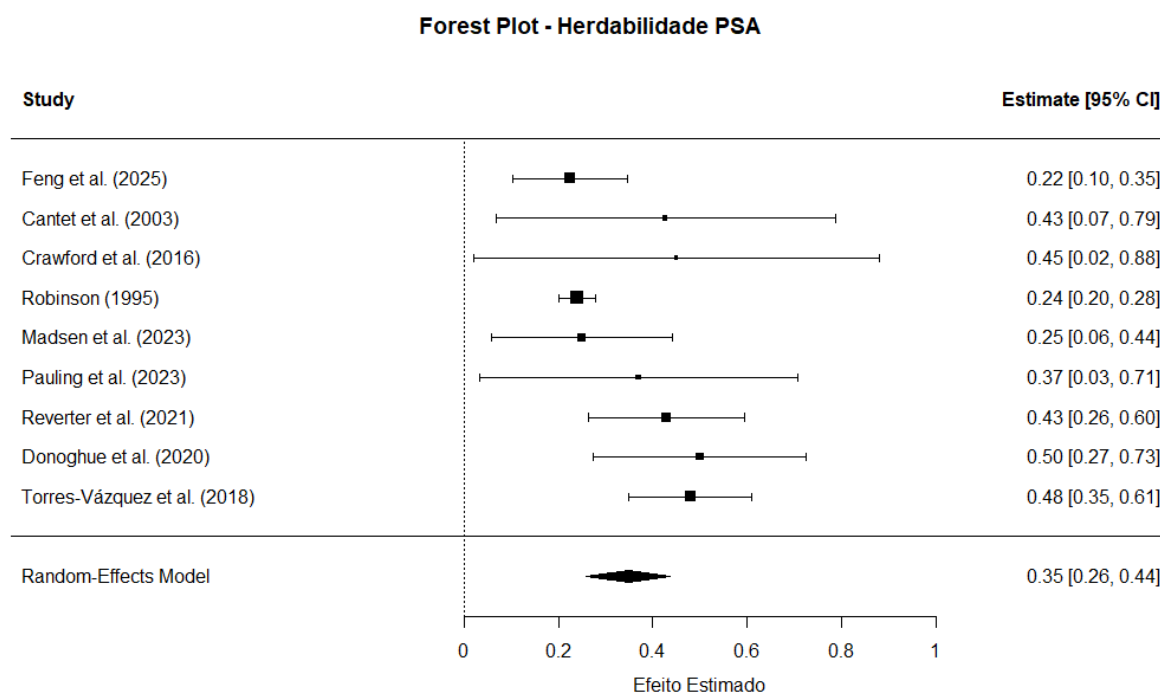


Figura 10. Gráfico Forest-Plot para estimativa de herdabilidade do peso ao sobreano (PSA)

A estimativa obtida é ligeiramente superior ao obtido para PN, PD e PA, sugerindo que a seleção tem sido praticada em características que antecedem o peso ao sobreano, principalmente o peso ao desmame. Na literatura existem valores de herdabilidades moderadas para o peso ao sobreano, geralmente variando entre 0,30 e 0,45 (Koots et al., 1994; Santana et al., 2013; Bolormaa et al., 2013), fato que corrobora com os resultados da presente meta-análise.

A herdabilidade de 0,35 é classificada como alta (Pereira, 2012), refletindo em respostas para a seleção direta para PSA em programas de melhoramento. Como nessa fase a influência materna é reduzida em comparação às pré-desmame (PN e PD), a estimativa reflete em maior medida o potencial genético próprio dos indivíduos para crescimento. Dessa forma, o PSA se mostra uma característica relevante para uso em índices de seleção na raça Angus,

principalmente em sistemas que visam eficiência no ganho de peso pós-desmama e melhor desempenho em terminação.

A menor estimativa para herdabilidade calculada a partir de modelos de efeitos aleatórios pode ser observada para PD (0,25) na figura 8. Por outro lado, PD apresentou a estimativa com maior precisão entre as avaliadas nesse estudo, com amplitude do IC de 0,07 (IC95%: 0,22 – 0,29). Quanto menor o IC, maior a robustez dos dados, uma vez que estes podem estar associados a um maior tamanho amostral (Harris *et al.*, 2008; Higgins *et al.*, 2000).

A característica PA (figura 9) apresentou a segunda menor variação entre os estudos, com a amplitude do IC de 0,08 (0,25 – 0,33). Esse resultado chama atenção, pois mesmo com baixo número de estudos e indivíduos observados nos estudos (Tabela 3), a estimativa formada é mais robusta. Assim, pode-se inferir que ao selecionar para essa característica, embora a herdabilidade seja moderada (0,29), existe uma boa precisão que torna o ganho genético mais consistente.

PSA (figura 10) apresentou a maior estimativa combinada para herdabilidade (0,35), entretanto sua variação foi moderada e a maior observada entre as características (0,26 a 0,44). Esse fato pode estar relacionado com o menor volume de dados acerca da característica, conforme relata Cardoso *et al.* (2004). PN (figura 7) teve a segunda maior estimativa calculada (0,32), também considerada moderada. Por outro lado, PN apresentou menor variação em relação ao PSA, com IC 95% entre 0,26 e 0,38, que pode se associar com um maior volume de dados sobre a característica, conforme observado na Tabela 3.

A intensidade do valor obtido para a herdabilidade é um importante balizador na seleção de animais com mérito genético superior. Assim, recomenda-se trabalhar com características que apresentem herdabilidade moderada e alta, visando acelerar os ganhos (Giannotti, 2004; Felipe, 2018). Nesse sentido, todas as características trabalhadas no presente estudo tem potencial para ganho genético quando utilizadas em programas de melhoramento da raça Angus.

5 CONCLUSÃO

A partir da meta-análise realizada neste estudo, verificou-se estimativas precisas e confiáveis para PN, PD, PA e PSA na raça Angus, todas de magnitude moderada (0,25 a 0,35), evidenciando o potencial genético dessas características para a resposta a seleção. Ao sintetizar dados múltiplos, de origem distinta, e reduzir a variação individual, a meta-análise permitiu identificar com maior precisão os ganhos genéticos das características avaliadas quando estas são utilizadas em programas de melhoramento. Portanto, a meta-análise se mostrou uma ferramenta útil para estimar a herdabilidade combinada das características de crescimento em bovinos Aberdeen Angus.

6 REFERÊNCIAS

- ANGUSPRO. Utilising Angus genetics to bend the curve. *AngusPRO (NZ)*, 2 ago. 2022. Disponível em: https://anguspro.co.nz/2022/08/02/utilising-angus-genetics-to-bend-the-curve-2/?utm_source=chatgpt.com.
- ASSOCIAÇÃO NACIONAL DE CRIADORES HERD BOOK COLLARES. *Página institucional*. Pelotas, 2025. Disponível em: <https://www.herdbcollares.com.br/>.
- BARROZO, D. Estudo de características de desempenho e medidas por escores visuais em bovinos Nelore. 2009. 58 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2009. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstreams/a047c2e9-9606-4ca6-9a50-5b1f9ac298fb/download>.
- BEEF IMPROVEMENT FEDERATION. Guidelines for uniform beef improvement programs. 9. ed. [S.l.]: Beef Improvement Federation, 2018. Disponível em: <https://beefimprovement.org/wp-content/uploads/2018/03/BIFGuidelinesFinal_updated0318.pdf>.
- BICUDO, M. A. V. Meta-análise: seu significado para a pesquisa qualitativa. *REVEMAT*, Florianópolis, v. 9, ed. Temática (junho), p. 07-20, 2014. Disponível em: <<https://periodicos.ufsc.br/index.php/revemat/article/view/1981-1322.2014v9nespp7/27377>>.
- BIEGELMEYER, P.; MENEZES, L. M.; CAMPOS, L. T. Efeito da idade da vaca sobre o peso ao nascimento e peso à desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. Universidade Federal de Pelotas, 2007. Disponível em: https://www2.ufpel.edu.br/cic/2007/cd/pdf/CA/CA_01415.pdf.
- BOEMO, L.S; KARKOW, A.K.; LUCCA, W.; ROSA, A.P.; LUZ, T.S.; POTTER, L.; SANTURIO, J.M. Estudo meta-analítico de diferentes níveis de aflatoxinas no desempenho de frangos de corte de 1 a 21 dias alojados em baterias. *Acta Scientiae Veterinariae*, [S.L.], v. 43, n. 1, p. 1-4, 2015.
- BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; WEBER, T.; EVERLING, D. M.; LOPES, J. S.; Herdabilidades para ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal ao sobreano e tendências genética e fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano em bovinos nelore-angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 35, n. 4, p. 1323–1328, jul. 2006. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982006000500010>.
- BOLIGON, A. A.; de ALBUQUERQUE, L. G.; MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B. Herdabilidades e correlações entre pesos do nascimento à idade adulta em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 38(12), dez. 2009. <https://doi.org/10.1590/S1516->

35982009001200005. Disponível em: <
[>.](https://www.scielo.br/j/rbz/a/XCntLwMCXCPGwnDHmChjDrj/?lang=pt#:~:text=As%20habilidades%20estimadas%20para%20peso,da%20incid%C3%A0ncia%20de%20partos%20dist%C3%B3cicos.>)

Bolormaa, S.; Pryce, J. E.; Kemper, K.; Savin, K.; Hayes, B. J.; Barendse, W.; Zhang, Y.; Reich, C. M.; Mason, B. A.; Bunch, R. J.; Harrison, B. E.; Reverter, A.; Goddard, M. E. Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake and carcass and meat quality traits in *Bos taurus*, *Bos indicus*, and composite beef cattle. *Journal of Animal Science*, v. 91, n. 7, p. 3088-3104, 2013. DOI: 10.2527/jas.2012-5827. Disponível em: <
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23658330/>>.

BRADFORD, H. L., FRAGOMENI, B. O., BERTRAND, J. K., LOURENCO, D. A., MISZTAL, I. Genetic evaluations for growth heat tolerance in Angus cattle. *J Anim Sci*. 2016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27898850/>.

BRUNES, L. C.; BALDI, F.; OLIVERA e COSTA, M. F.; *et al...* Efeito da idade a primeira concepção como critério de seleção em características de crescimento e carcaça em bovinos nelore. Disponível em: <
<https://www.scielo.br/j/cab/a/cqK9JVvs6LjPDz4GW5bnVMx/?format=pdf&lang=pt>.>

CAMPOS, A. M.; LEÃO, M. K.; CABRAL, J. F.; CARVALHO, T. S.; BRASIL, R. B.; GARCIA, J. C. **Índices zootécnicos da fase de cria de uma propriedade de gado de corte tecnificada.** Revista Trópica – Ciências Agrárias e Biológicas. V. 7, N.1, pág. 82 – 88, 2013. Disponível em: <https://periodicoseletronicos.ufma.br/index.php/ccaatropica/article/view/955>.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. **Componentes de (Co)Variância e Parâmetros Genéticos de Caracteres Pós-Desmama em Bovinos da Raça Angus.** Revista Brasileira de Zootecnia, v. 33, n. 2, p. 313-319, 2004. Disponível em: <
<https://www.sbz.org.br/revista/artigos/3980.pdf>>.

CARDOSO, F. F.; CARDELLINO, R. A.; CAMPOS, L. T. Época de nascimento no crescimento de bezerros Aberdeen Angus criados no Rio Grande do Sul e suas implicações no melhoramento genético. *Ciência Rural*, v. 30, n. 6, p. 1047–1052, 2000. Disponível em: <
<https://www.scielo.br/j/cr/a/VWz5FNyNpXsDvjgwkztWthj/abstract/?lang=pt>>.

CARNEIRO JUNIOR, J. M.; ASSIS, G. M. L. de. Objetivos e critérios de seleção em bovinos de corte em fase de cria. 2016. Disponível em:
<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1068959>.

CHUEKE, G. V.; AMATUCCI, M. Métodos de sistematização em estudos científicos: bibliometria, meta-análise e revisão sistemática. São Paulo, v.17, n. 2, p.284-292, mai./ago. 2022. Disponível em: < <https://internext.espm.br/internext/article/view/704/463>>.

COSTA, V. **Produção brasileira de artigos cresce 32% em 2020 em relação a 2015.** 2021. SBPC. Disponível em: < <https://portal.sbpnet.org.br/noticias/producao-brasileira-de-artigos-cresce-32-em-2020-em-relacao-a-2015/>>.

DAWSON, D. V.; PIHLSTROM, B. L.; BLANCHETTE, D. R. *Understanding and evaluating meta-analysis.* *Journal of the American Dental Association*, v. 146, n. 10, p. 747-

755, out. 2015. DOI: 10.1016/j.adaj.2015.07.003. Disponível em:

[https://jada.ada.org/article/S0002-8177\(15\)01067-3/fulltext](https://jada.ada.org/article/S0002-8177(15)01067-3/fulltext)

de CARVALHO, L. N. G; PERES, M. M. S. Avaliação e comparação do desempenho das raças Aberdeen angus e Nelore em confinamento. *Brazilian Journal of Animal and Environmental Research*, Curitiba, v.7, n.2, p. 1-13, 2024. Disponível em: <

<https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BJAER/article/view/70702/49753>>.

DONATO, H.; DONATO M. Etapas da condução de uma revisão sistemática. *Acta Médica Portuguesa*, p. 227-235, Mar. 2019. Disponível em:

https://www.researchgate.net/publication/332084935_Etapas_na_Conducao_de_uma_Revisao_Sistemtica.

DONOGHUE, K. A., BIRD-GARDNIR, T., HERD, R. M., HEGARTY, R. S., ARTHUR, P. F. Genetic variance and covariance components for carbon dioxide production and postweaning traits in Angus cattle. *J Anim Sci*. 2020. Disponível em:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32776133/>.

ELER, J.P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: bases do melhoramento genético animal**. 2017. Monografia (Doutorado) - Curso de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2017. <https://doi.org/10.11606/9788566404128>.

EUCLIDES FILHO, K. **MELHORAMENTO GENÉTICO ANIMAL NO BRASIL: fundamentos, história e importância**. 75. ed. Campo Grande: Embrapa Gado de Leite, 1999. 65 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. Edinburgh: Addison Wesley Longman, 1996. 464p.

FELIPE, E.F. **Meta-análise em estimativas de herdabilidade de características de crescimento em bovinos da raça nelore**. 2018. 41 f. Monografia (Doutorado) - Curso de Zootecnia, Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

FIELD, A. **Descobrimos a estatística usando o SPSS**. São Paulo: Artmed, 2009.

GIANNOTTI, J.G. PACKER, I.U.; MERCADANTE, M.E.Z.; LEANDRO, R.A. Metanálise bayesiana de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 15-22, 2006.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000100003>

GIANNOTTI, J.G. **Meta-análise de parâmetros genéticos de características de crescimento em bovinos de corte sobre enfoques clássico bayesiano**. 2004. 97 f. Tese (Doutorado) - Curso de Doutorado em Agronomia, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2004.

GLASS, G.V. Primary, Secondary, and Meta-Analysis of Research. **Educational Researcher**, [S.L.], v. 5, n. 10, p. 3-8, nov. 1976. American Educational Research Association (AERA). <http://dx.doi.org/10.3102/0013189x005010003>.

HARRIS, R. J.; BRADBURN, M. J.; DEEKS, J. J.; HARBORD, R. M.; ALTMAN, D. G.; STERNE, J. A. C. *Metan: Fixed- and Random-Effects Meta-Analysis*. *SAGE Open*, v. 8, n. 1,

p. 1-10, jan. 2018. DOI: 10.1177/1536867X0800800102. Disponível em: <https://journals.sagepub.com/doi/epdf/10.1177/1536867X0800800102>.

HIGGINS, J. P. T.; THOMPSON, S. G. J.; DEEKS, J. J.; ALTMAN, D. G. Measuring inconsistency in meta-analyses. 2003. *British Medical Journal* 327: 557–560. Disponível em: < <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/12958120/> >.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; SMITH, C. *et al...* Analyses of publised genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Animal Breeding Abstracts*, v.62, n.5, p. 309-338, 1994. Disponível em: < https://www.researchgate.net/publication/255484662_Analyses_of_published_genetic_parameter_estimates_for_beef_production_traits_I_Heritability >.

LEOTTI, V.B.; BIRCK, A.R; RIBOLDI, J. Comparação dos Testes de Aderência à Normalidade Kolmogorov-smirnov, Anderson-Darling, Cramer–Von Mises e Shapiro-Wilk por Simulação. *Anais[...]* 11º Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica, 2005.

LOPES, P.S.; PIRES, A.V; REIS FILHO, J.C.; TORRES, R.A. **Teoria do melhoramento animal**. Belo Horizonte: Fepmvz-Editora, 2005. 118 p.

LOURENCO, D. A., TSURUTA, S., FRAGOMENI, B. O., *et al...* Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *J Anim Sci*. 2015. doi:10.2527/jas.2014-8836. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26115253/>.

LOVATTO, P.A.; LEHNEN, C.R.; ANDRETTA, I.; CARVALHO, A.D.; HAUSCHILD, L. Meta-análise em pesquisas científicas: enfoque em metodologias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, [S.L.], v. 36, n., p. 285-294, jul. 2007. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s1516-35982007001000026>.

LUSH, J.L. (1949), HERITABILITY OF QUANTITATIVE CHARACTERS IN FARM ANIMALS. *Hereditas*, 35: 356-375. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1949.tb03347.x>

MADSEN, M. D.; van der WERF, J. H. J.; CLARK, S. Macro- and micro-genetic environmental sensitivity of yearling weight in Angus beef cattle. *ScienceDirect*, [S.L.], v. 18, n. 2, 2024. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731123003853?via%3Dihub>.

MCEWIN, R. A.; RETALLICK, K. J., MILLER, S. P., GARCIA, A. Development of a prototype genetic evaluation for teat and udder score in American Angus cattle. *J Anim Sci*. 2025. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11897888/>.

MCNEIL, N.; LOPEZ-VILLALOBOS, S. L. Northcutt, A prototype national cattle evaluation for feed intake and efficiency of Angus cattle, *Journal of Animal Science*, v. 89, n. 12, Dez. 2011, p. 3917–3923, <https://doi.org/10.2527/jas.2011-4124>. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/89/12/3917/4772005?redirectedFrom=PDF>.

MEDRADO, B. D. META-ANÁLISE DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM OVINOS E BUBALINOS. Tese (Doutor em Ciência Animal nos Trópicos) - Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia - Universidade Federal da Bahia, 2021. Disponível em: < <https://repositorio.ufba.br/bitstream/ri/41338/1/T-Bruno%20Delphino.pdf> >.

MENDONÇA, F. H. et al. Desempenho de bezerros Aberdeen Angus no Pantanal de Aquidauana, MS: peso ao ano ajustado aos 365 dias. *Acta Scientiarum. Animal Sciences*, v. 33, n. 3, p. 283–292, 2011. Disponível em: https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAnimSci/article/download/28345/pdf_123. Acesso em: 19 ago. 2025.

PAULING, R. C., SPEIDEL, S. E., THOMAS, M. G., HOLT, T. N., ENNS, R. M. Genetic parameters for pulmonary arterial pressure, yearling performance, and carcass ultrasound traits in Angus cattle. *J Anim Sci*. 2023. doi:10.1093/jas/skad288. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10563144/>.

PAGE, M. J.; MOHER, D.; BOSSUYT, P. M.; BOUTRON, I. et al... PRISMA 2020 explanation and elaboration: update guidance and exemplars for reporting systematic reviews. *BMJ*, 2021. v. 372, n. 160. Disponível em: < <https://www.bmj.com/content/372/bmj.n160> >.

PEREIRA, A. M. do V. S.; MUNIZ, C. A. de S. D. Efeitos ambientais sobre características pré-desmama em bovinos da Raça Nelore Mocha. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/da98/67e0fbda96c72346a5a0c566961b52dc2cb3.pdf>.

PROMEBO – Sumário de Touros e Ventres. Disponível em: <https://www.herdbook.org.br/site/racasbovinas/details/1>.

REVERTER, A.; HINE, B. C., PORTO-NETO, L., et al... ImmuneDEX: a strategy for the genetic improvement of immune competence in Australian Angus cattle. *J Anim Sci*. 2021. doi:10.1093/jas/skaa384. Disponível em: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7936916/>.

RODRIGUES, C.L. **Metanálise: um guia prático**. 2010. 54 f. Monografia (Especialização) - Curso de Matemática, Departamento de Estatística, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2010. Disponível em: <https://lumebr/handle/10183/24862>.

ROSA, E.S. **Estimativas de herdabilidade de consumo alimentar residual e consumo e ganho residual em bovinos da raça nelore**. 2022. 53 f. TCC (Graduação) - Curso de Zootecnia, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2021.

ROTAR, M. C.; PELMUS, R. S.; GRAS, M. A.; VAN, C. **Estimation the genetic parameters for growth traits in Abeerden Angus breed**. Scientific Papers. Series D. Animal Science, Vol. LXVII, Issue 2, ISSN 2285-5750, 60-64. Disponível em: < <https://www.animalsciencejournal.usamv.ro/index.php/scientific-papers/current?id=1456> >.

Santana, M. L.; Eler, J. P.; Ferraz, J. B. S. Genetic parameter estimates for growth, reproductive, and carcass traits in Nellore cattle. *Genetics and Molecular Research*, v. 12, n. 1, p. 646-657, 2013. DOI: 10.4238/2013.March.11.8. Disponível em: <

SÁNCHEZ-DUARTE, J.I.; KALSCHUR, K.F.; GARCÍA, A.D.; CONTRERAS-GOVEA, F.e. Short communication: meta-analysis of dairy cows fed conventional sorghum or corn silages compared with brown midrib sorghum silage. **Journal Of Dairy Science**, [S.L.], v. 102, n. 1, p. 419-425, jan. 2019. American Dairy Science Association. <http://dx.doi.org/10.3168/jds.2018-14552>.

- SHAMSEER, L.; MOHER, D.; CLARKE, M.; GHERSI, D.; LIBERATI, A.; PETTICREW, M.; SHEKELLE, P.; STEWART, L. A. Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (PRISMA-P) 2015: elaboration and explanation. *BMJ*, v. 349, p. g7647–g7647, jan. 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1136/bmj.g7647>.
- SMITH, J. L.; *et al.* Genome-wide association and genotype by environment interactions for growth traits in U.S. Red Angus cattle. 2022. Disponível em: <<https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-022-08667-6>>.
- STERNE, J. A. C.; HARBORD, R. M. Funnel Plots in Meta-analysis. **The Stata Journal: Promoting communications on statistics and Stata**, [S.L.], v. 4, n. 2, p. 127-141, jun. 2004. SAGE Publications. <http://dx.doi.org/10.1177/1536867x0400400204>.
- WANG, M. C.; BUSHMAN, B. J. **Integrating Results Through Meta-analytic Review Using SAS Software**. [S.L.]: Sas Institute, 1999. 400 p. Disponível em: <https://books.google.com.br/books?id=mKUTRz4qkkIC&printsec=frontcover&hl=pt-%20BR#v=onepage&q&f=false>.
- WEBER, T. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas para uma população da raça Aberdeen Angus. 2008. Dissertação de mestrado – Curso de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, Rio Grande do Sul, 2009. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbz/a/4T9GDDNMWF9bbhR5jnsCBqP/abstract/?lang=pt>>.
- YADESA, L. Overview on heritability concept, application and its importance in quantitative genetics. 2022. *International Journal of Research in Agronomy*, Ethiopia, 5(2): 12-17. Disponível em: <<https://www.agronomyjournals.com/archives/2022/vol5issue2/PartA/5-2-5-850.pdf>>.

7 BIBLIOGRAFIA DA META-ANÁLISE

- BASCHNAGEL, M. B.; MOLL, J.; KÜNZI, N. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire \times herd interaction as an additional random effect. *Livestock Production Science*, v. 60, n. 1, p. 19–29, 1999. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0301622699000937?via%3Dihub>.
- BRADFORD, H. L. et al. Genetic evaluations for growth heat tolerance in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, v. 94, n. 10, p. 4143–4150, 2016. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article/94/10/4143/4702094?login=false>.
- CANTET, R. J. C.; STEIBEL, J. P.; BIRCHMEIER, A. N.; SANTA COLOMA, L. F. Bayesian estimation of genetic parameters for growth and carcass traits of grass-fed beef cattle by Full Conjugate Gibbs. *Archiv für Tierzucht*, v. 46, p. 435–445, 2003. Disponível em: <https://aab.copernicus.org/articles/46/435/2003/aab-46-435-2003.pdf>.
- CANTET, R. J. C. et al. Estimates of dispersion parameters and of genetic and environmental trends for weaning weight in Angus cattle using a maternal model with genetic grouping.

Livestock Production Science, v. 34, n. 2, p. 203–212, 1993. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/030162269390107S?via%3Dihub>.

CARTER, A. H. et al. Long-term selection for yearling weight or postweaning gain in Angus cattle. *New Zealand Journal of Agricultural Research*, v. 33, n. 3, p. 287–294, 1990. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/00288233.1990.10430660>.

CRAWFORD, N. F. et al. Heritabilities and genetic correlations of pulmonary arterial pressure and performance traits in Angus cattle at high altitude. *Journal of Animal Science*, v. 94, n. 11, p. 4483–4490, 2016. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article-abstract/94/11/4483/4702749?redirectedFrom=fulltext&login=false>.

DAVIS, M. E.; SIMMEN, R. C. M. Heritability and correlation estimates for serum insulin-like growth factor I concentration, weight, weight gain, and height in Angus beef cattle in a long-term divergent selection study for serum insulin-like growth factor I (1989 to 2017). *Animals*, v. 14, n. 2, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani14020348>.

DONOGHUE, K. A.; BIRD-GARDINER, T.; REBANHO, R. M.; HEGARTY, R. S.; ARTHUR, P. F. Genetic variance and covariance components for carbon dioxide production and postweaning traits in Angus cattle. *Frontiers in Genetics*, v. 11, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.01045>.

DUARTE DA SILVEIRA, D. et al. Hair coat score in Angus cattle: Comparison of linear and threshold models, genetic gain and correlations with growth, morphological and reproductive traits. *Livestock Science*, v. 251, 2021. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1871141321001207?via%3Dihub#tbl0002>.

FENG, X. et al. Estimation of genetic parameters and prediction for body weight of Angus cattle. *Agriculture*, v. 15, n. 11, 2025. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/15/11/1216>.

KENNEDY, B. W.; HENDERSON, C. R. Components of variance of growth traits among Hereford and Aberdeen Angus calves. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 55, n. 3, p. 493–499, 1975. DOI: <https://doi.org/10.4141/cjas75-061>.

LOURENÇO, D. A. L. et al. Genetic evaluation using single-step genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *Journal of Animal Science*, v. 93, n. 6, p. 2653–2662, 2015. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article/93/6/2653/4703431?login=false>.

MACNEIL, M. D.; LÓPEZ-VILLALOBOS, N.; NORTHCUTT, S. L. A prototype national cattle evaluation for feed intake and efficiency of Angus cattle. *Journal of Animal Science*, v. 89, n. 12, p. 3917–3926, 2011. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3704>.

MADSEN, M. D.; VAN DER WERF, J. H. J.; CLARK, S. Macro- and micro-genetic environmental sensitivity of yearling weight in Angus beef cattle. *Animal*, v. 17, n. 10, p. 100768, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.animal.2023.100768>.

MCEWIN, R. A.; RETALLICK, K. J.; MILLER, S. P.; GARCIA, A. Development of a prototype genetic evaluation for teat and udder score in American Angus cattle. *Frontiers in Genetics*, v. 15, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1413341>.

PAULING, R. C.; SPEIDEL, S. E.; THOMAS, M. G.; HOLT, T. N.; ENNS, R. M. Genetic parameters for pulmonary arterial pressure, yearling performance, and carcass ultrasound traits in Angus cattle. *Frontiers in Genetics*, v. 14, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1242213>.

RASALI, D. P. et al. Multiple trait estimates of genetic parameters for juvenile growth and calving traits in Canadian Angus cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, v. 85, n. 1, p. 41–49, 2005. Disponível em: <https://cdnscepub.com/doi/epdf/10.4141/A04-053>.

REVERTER, A.; HINE, B. C.; PORTO-NETO, L.; LI, Y.; DUFF, C. J.; DOMINIK, S.; INGHAM, A. B. ImmuneDEX: a strategy for the genetic improvement of immune competence in Australian Angus cattle. *Frontiers in Genetics*, v. 12, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.638500>.

ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. *Livestock Production Science*, v. 41, n. 1, p. 1–12, 1995. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/0301622695000836?via%3Dihub>.

TORRES-VÁZQUEZ, J. A.; VAN DER WERF, J. H. J.; CLARK, S. A. Genetic and phenotypic associations of feed efficiency with growth and carcass traits in Australian Angus cattle. *Journal of Animal Science*, v. 96, n. 11, p. 4521–4531, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/sky307>.

WEBER, K. L. et al. The accuracies of DNA-based estimates of genetic merit derived from Angus or multibreed beef cattle training populations. *Journal of Animal Science*, v. 90, n. 12, p. 4191–4202, 2012. Disponível em: <https://academic.oup.com/jas/article/90/12/4191/4717864?login=false>.

WEBER, T. et al. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 44, n. 5, p. 173–182, 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/4T9GDDNMWF9bbhR5jnsCBqP/?lang=pt>.