



**Estimação de parâmetros genéticos para características dependentes do sexo relacionadas a eficiência reprodutivas em bovinos da raça Nelore**

Felipe Eguti de Carvalho<sup>1\*</sup>, Fernando de Oliveira Bussiman<sup>2</sup>, Luiz Fernando Brito<sup>3</sup>, Fernando A. Cançado<sup>1</sup>, Gabriel C. Medeiros<sup>1</sup>, Fernanda Scheneberguer<sup>1</sup>, Caroline A. Almeida<sup>1</sup>, Rafael Espigolan<sup>1</sup>, Elisângela C. Mattos Oliveira<sup>1</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia (FMVZ/USP), São Paulo, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Purdue University, Department of Animal Sciences, West Lafayette, IN, Estados Unidos.

\*Autor correspondente: *felipe.eguti@usp.br*

**Resumo:** Objetivou-se com o desenvolvimento deste estudo estimar os parâmetros genéticos de características reprodutivas dependentes do sexo, relacionadas a precocidade em bovinos da raça Nelore. As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM. Informações de pedigree contendo 600.000 animais. As características fenotípicas do estudo para novilhas e vacas são: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *Stayability* (capacidade de permanência no rebanho até 4 anos - STAY) e recria das fêmeas, divididas em: *Rebreeding* geral das fêmeas (REB), *Rebreeding* das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), e *Rebreeding* das novilhas precoces (REBA). A característica para os touros é a circunferência escrotal (CE) medida em centímetros. A estimação dos componentes de (co)variância e herdabilidade foi feita a partir do modelo *single-step GBLUP* e inferência Bayesiana. As estimativas de herdabilidade foram de 0,16, 0,17, 0,20, 0,20, 0,39 e 0,40, para REBA, STAY, REB, REBB, PP14 e CE, respectivamente. As estimativas de correlação genética para as características dependentes do sexo variaram de 0,18 a 0,83. Portanto, seleção genética para essas características deverá aumentar e melhorar a eficiência reprodutiva dos animais da raça Nelore.

**Palavras-chave:** Precocidade, Associação, Produtividade da fêmea

**Estimation of genetic parameters for sex-dependent traits related to reproductive efficiency in Nelore cattle**

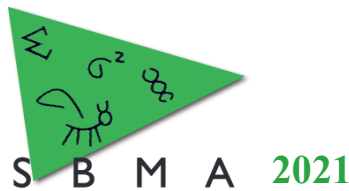
**Abstract:** The objective of this study was to estimate genetic parameters for sex-dependent reproductive traits related to reproductive efficiency in Nelore cattle. The phenotypic dataset belongs to the Agropecuária CFM Genetic Improvement Program for the Nelore breed. The pedigree file contained 600,000 animals. The traits included in the study for heifers and cows are: the probability of pregnancy at 14 months (PP14), stayability (capacity to remain in the herd up to 4 years - STAY), general rebreeding of females (REB), rebreeding of females firstly bred at two years old (REBB), and rebreeding of precocious heifers (REBA). The bull trait is scrotal circumference (SC) measured in centimeters. The (co)variance and heritability components were estimated using the ssGBLUP model and Bayesian inference. The heritability estimates were 0.16, 0.17, 0.20, 0.20, 0.39, and 0.40 for REBA, STAY, REB, REBB, PP14, and CE, respectively. Genetic correlation estimates for sex-dependent traits ranged from 0.18 to 0.83. Therefore, genetic selection for these traits should improve the reproductive efficiency of Nelore animals.

**Keywords:** Precocity, Association, Female Productivity

**Introdução**

Um dos grandes problemas que acometem os sistemas de bovinos de corte, quase sempre está relacionada à eficiência reprodutiva dos animais do rebanho (FERRAZ; DE FELÍCIO, 2010). Desta forma, a estimativa de herdabilidade e correlações genéticas para características de fertilidade, torna-se relevante, pois permite a predição do sucesso da seleção e auxilia na definição de critérios de seleção. Neste sentido, características de maior importância econômica devem ser priorizadas e combinadas em um índice de seleção, a fim de aumentar a lucratividade da indústria.

Apesar da importância das características reprodutivas na vida do animal e no sistema de produção, há dificuldade em empregá-las nos programas de melhoramento genético devido aos problemas de mensuração e às baixas correlações genéticas com outras características. Outro problema com relação às características reprodutivas é o fato de as mesmas se expressarem em apenas um sexo e tardiamente na vida



do animal (ABREU SILVA et al., 2018). Deste modo, objetivou-se com o desenvolvimento deste estudo estimar os parâmetros genéticos e correlações genéticas de características reprodutivas dependentes do sexo, relacionadas a precocidade em bovinos da raça Nelore.

### Material e Métodos

As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM, localizadas nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul, Brasil. Estes dados estão sob responsabilidade do GMABT da FZEA de Pirassununga, São Paulo, que é parte do Núcleo de Apoio à Pesquisa em Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia da Universidade de São Paulo (USP). Informações de pedigree contendo aproximadamente 600.000 animais de 10 gerações foram utilizadas para a construção da matriz de relacionamento genético aditivo. As características medidas em novilhas e vacas são: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), stayability (capacidade de permanência no rebanho até 4 anos - STAY4) e recria das fêmeas (prenhez após o primeiro parto), divididas em: rRebreeding geral das fêmeas (REB), rebreeding das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), e rebreeding das novilhas precoces (REBA). Considerado sucesso o valor 1 e fracasso valor 0. A característica medida nos touros é a circunferência escrotal (CE), medida em centímetros. Grupos de contemporâneos (GC) com menos de dois touros ou formados por animais com genealogia desconhecida foram removidos das análises, assim como informações fenotípicas que desviaram 3,5 desvio-padrão da média da característica em questão.

As informações de aproximadamente 7.303 animais genotipados para 43.135 SNPs (single nucleotide polymorphism) foram utilizadas. Os critérios de controle de qualidade foram realizados pelo pacote PREGSf90 (AGUILAR et al., 2014).

O modelo utilizado para a estimativa de parâmetros genéticos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto e efeito fixo de GC. As estimativas dos componentes de (co) variâncias e os parâmetros genéticos (Tabela 1 e 2) foram estimados na análise bi-característica pelo método de amostragem de Gibbs – THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002). Para a inferência bayesiana foi gerado uma única cadeia (MCMC) com 800.000 amostras, foram descartadas as primeiras 200.000 amostras (burn-in), as amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100 amostras. Consequentemente, a inferência foi feita sobre 6.000 amostras da distribuição a posteriori dos parâmetros.

### Resultados e Discussão

Na tabela 1 são apresentados o número de animais avaliados, a média fenotípica e estatística descritivas das características, além do número de GC para as características dependentes do sexo.

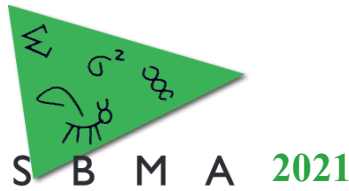
Tabela 1. Número de registros fenotípicos (N), estatística descritiva e média posterior [Intervalo de densidade posterior mais alto (HPD intervalo)], números de contemporâneos (NGC) e componentes de variância estimados para as características dependentes do sexo

Características	N	Média	MIN	MÁX	DP	Média [HPD Intervalo (5%-95%)]		NGC
						$\sigma_u^2$ <sup>1</sup>	$\sigma_e^2$ <sup>2</sup>	
REB (0;1)	65.836	0,52	0,00	1,00	0,49	0,14 [0,12-0,17]	1,00 [0,99-1,02]	191
REBB (0;1)	59.675	0,55	0,00	1,00	0,49	0,13 [0,10-0,15]	1,00 [0,99-1,01]	192
REBA (0;1)	8.152	0,31	0,00	1,00	0,46	0,20 [0,09-0,30]	1,00 [0,97-1,04]	113
PP14 (0;1)	35.070	0,18	0,00	1,00	0,39	0,76 [0,61-0,91]	1,00 [0,98-1,02]	94
STAY (0;1)	97.197	0,27	0,00	1,00	0,45	0,21 [0,17-0,23]	1,00 [0,99-1,01]	201
CE (cm)	98.096	26,57	10,00	44,00	3,50	2,98 [2,81-3,13]	4,10 [3,94-4,17]	403

<sup>1</sup> $\sigma_u^2$ : Variância genética aditiva; <sup>2</sup> $\sigma_e^2$ : Variância residual; *Rebreeding* das vacas (REB), *Rebreeding* das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), *Rebreeding* das novilhas precoces (REBA), probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *Stayability* (STAY4) e circunferência escrotal (CE).

Na tabela 2 apresenta as estimativas de herdabilidade compreendida na diagonal principal, as correlações genéticas abaixo da diagonal principal e as correlações fenotípicas apontadas acima da diagonal principal para as características dependentes do sexo.

Tabela 2. Correlações genéticas ( $r_g$ , abaixo da diagonal), herdabilidades na diagonal principal [Intervalo de densidade posterior mais alto (HPD intervalo)] e correlações fenotípicas ( $r_p$ , acima da diagonal) entre as características dependentes do sexo.



$h^2$	REB (0;1)	REBB (0;1)	REBA (0;1)	PP14 (0;1)	STAY (0;1)	CE (cm)
<b>REB</b>	<b>0,20</b> [0,10;0,14]	0,11	0,20	0,10	0,75	0,10
<b>REBB</b>	0,74	<b>0,20</b> [0,16;0,22]	0,11	0,11	0,10	0,10
<b>REBA</b>	0,72	0,73	<b>0,16</b> [0,09;0,24]	0,14	0,32	0,11
<b>PP14</b>	0,45	0,47	0,46	<b>0,39</b> [0,34;0,43]	0,38	0,16
<b>STAY</b>	0,83	0,35	0,72	0,62	<b>0,17</b> [0,15;0,19]	0,10
<b>CE</b>	0,18	0,20	0,30	0,35	0,26	<b>0,40</b> [0,38;0,42]

<sup>1</sup>  $h^2$ : Herdabilidade (Diagonal principal); Rebreeding das vacas (REB), Rebreeding das fêmeas que entraram na reprodução aos dois anos (REBB), Rebreeding das novilhas precoces (REBA), probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), Stayability (STAY4) e circunferência escrotal (CE).

As médias posteriores de herdabilidade para as características REB, REBB e REBA foram de média magnitude, dentro da faixa relatada na literatura em bovinos Nelore (0,17 a 0,25; Silva, et al., 2002; Terakado, et al., 2018). Para PP14 e STAY variaram da mesma forma, de média a alta magnitude, também com concordância ao encontrado na literatura 0,40 e 0,23, respectivamente (ABREU SILVA et al., 2018; KLUSKA et al., 2018). Terakado et al. (2018) reportaram herdabilidades variando de 0,35 a 0,40, para medidas de comprimento escrotal em diferentes idades, valores próximos a característica dependente ao sexo dos machos (CE), a média posterior de herdabilidade foi alta magnitude. As médias posteriores de herdabilidade obtida neste estudo indica que as características tem variabilidade genética suficiente, apesar que as características reprodutivas podem ser influenciadas por efeitos ambientais, o que sugere a longo prazo, que ao colocar essas características a seleção, melhorando os aspectos ambientais e combiná-las em um índice de seleção podem melhorar a eficiência reprodutiva na raça Nelore.

As estimativas de correlação genética para as características dependentes do sexo foram de média a alta magnitude. Portanto, combinar essas características e selecionar deverá aumentar e melhorar a eficiência reprodutiva dos animais da raça Nelore. Nas análises de correlação genética entre reconcepção da fêmea (REB, REBB e REBA) e PP14 e STAY, apresentaram correlações importantes de alta magnitude, corroborando com Beretta et al. (2001), onde relatam que a eficiência reprodutiva está ligada com a idade precoce de primeiro parto, pelo fato dessa fêmea em deixar um produto mais cedo na fazenda e conseguindo se permanecer produtiva na fazenda, o que impacta positivamente na lucratividade dos sistemas de produção.

### Conclusão

Todas as características avaliadas são herdáveis e podem ser melhoradas através de seleção genética. Os valores de correlações obtidas sugerem que seleção direta dessas características poderá melhorar a eficiência reprodutivas, pois as vacas que emprenham mais cedo e recriam no segundo parto, tendem a permanecer produtivas no rebanho, além da seleção indireta para característica dependente do macho, como circunferência escrotal, com correlações genéticas de média a alta magnitude. Neste sentido, este estudo serve de aporte para programas de melhoramento de bovinos de corte, em relação a combinação dessas características, no índice de seleção, principalmente em fazendas de sistema de cria, o qual tem como objetivo produzir um produto/vaca/ano.

### Agradecimentos

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio no processo 2019/25266-0.

### Literatura citada

- AGUILAR, I. et al. PREGSF90 – POSTGSF90: Computational Tools for the Implementation of Single-step Genomic Selection and Genome-wide Association with Ungenotyped Individuals in BLUPF90 Programs. In: 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, August, **Anais...**2014.
- ABREU SILVA, B. C. et al. Genetic association between mature weight and early growth and heifer pregnancy traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 211, p. 61–65, 2018.
- BERETTA, V.; LOBATO, J. F. P.; MIELITZ NETTO, C. G. A. Produtividade e Eficiência Biológica de Sistemas Pecuários de Cria Diferindo na Idade das Novilhas ao Primeiro Parto e na Taxa de Natalidade do Rebanho no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 4, p. 1278–1286, 2001.
- FERRAZ, J. B. S.; DE FELÍCIO, P. E. Production systems – An example from Brazil. **Meat Science**, v. 84, n. 2, p. 238–243, 2010.
- MISZTAL, I. et al. BLUPF90 and related programs (BGF90). **Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v. 28, p. 21–22, 2002.
- KLUSKA, L. O. C. S. et al. Estimation of genetic parameters for probability of calving up to 39 months of age, stayability and scrotal circumference in Nelore cattle. **Livestock Research for Rural Development**, v. 30, n. 85, 2018.
- TERAKADO, A. P. N. et al. Genetic associations between scrotal circumference and female reproductive traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 1, p. 2706–2713, 2018.