

XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Estimação de parâmetros genéticos para características seminais e de aptidão andrológica em touros da raça Nelore

Felipe Eguti de Carvalho^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Luiz Fernando Brito³, Victor Breno Pedrosa³, José Domingos Guimarães⁴, Marcio Ribeiro Silva⁵, Fernando A. Caçado¹, Bárbara C. Abreu Silva¹, Alisson S. Acero Valderrama¹, Elisângela C. Mattos Oliveira¹, Joanir Pereira Eler¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brasil.

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

³Purdue University, Department of Animal Sciences, West Lafayette, IN, Estados Unidos.

⁴Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, MG, Brasil.

⁵Melhor Animal Consultoria Ltda, Jaboticabal, SP, Brasil.

*Autor correspondente: felipe.eguti@usp.br

Resumo: Objetivou-se com esse estudo estimar parâmetros genéticos para aptidão andrológica e características seminais em touros da raça Nelore. Informações fenotípicas de mais de 36.000 touros para as características aptidão andrológica (AP_ANDRO) e características de sêmen, incluindo volume do ejaculado (VOL_EJAC; mL), aspecto seminal (ASPEC_SMN), turbilhonamento ou movimento de massa dos espermatozoides (SPTZ) (TURB; 0 a 5), e motilidade retilínea dos espermatozoides (MOT; %) foram usadas para o estudo. As estimativas dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados através de análises bi-características e inferência Bayesiana. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,10 a 0,69 para VOL_EJAC e AP_ANDRO, respectivamente. As estimativas de correlações genéticas de AP_ANDRO com TURB, ASPEC_SMN, MOT e VOL_EJAC foram de 0,12, 0,33, 0,35, 0,87, respectivamente. Portanto as características de qualidade de sêmen são herdáveis e podem ser melhoradas através de seleção genética. Além disso, a seleção para animais que apresentam melhor qualidade e quantidade do ejaculado, resultará em melhoria em aptidões andrológicas.

Palavras-chave: Sêmen, reprodução, fertilidade, macho

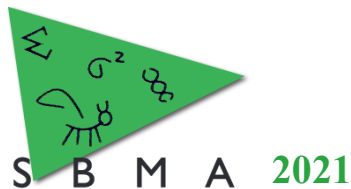
Estimation of genetic parameters for andrological fitness and semen traits in Nelore cattle

Abstract: This study aimed to estimate genetic parameters for andrological fitness and semen traits in Nelore bulls. Phenotypic records from over 36,000 bulls for the traits andrological fitness (AP_ANDRO) and semen traits, including ejaculate volume (VOL_EJAC; mL), seminal aspect (ASPEC_SMN), whirling or sperm mass movement (TURB; 0 to 5), and spermatozoa straight motility (MOT; %). (Co)Variance components and genetic parameters were estimated through bi-trait analysis and Bayesian inference. The heritability estimates ranged from 0.10 to 0.69 for VOL_EJAC and AP_ANDRO, respectively. Estimates of genetic correlations of AP_ANDRO with TURB, ASPEC_SMN, MOT, and VOL_EJAC were 0.12, 0.33, 0.35, and 0.87, respectively. Therefore, semen quality traits are heritable and can be improved through genetic selection. Selection for animals that have better quality and quantity of ejaculate is expected to result in an increase of andrological abilities.

Keywords: Semen, reproduction, fertility, male,

Introdução

A qualidade do sêmen pode afetar diretamente a taxa de concepção e, conseqüentemente, a rentabilidade da produção pecuária (Oliveira et al., 2012). Além dos problemas relacionados à fertilidade da fêmea, a baixa qualidade e quantidade de sêmen contribui para um percentual significativo de falhas reprodutivas (DEJARNETTE et al., 2004). Portanto, o melhoramento genético para características de qualidade do sêmen pode aumentar a taxa de concepção, reduzindo os custos com reprodução (GEBREYESUS et al., 2021), e melhorar a sustentabilidade do sistema de produção de gado de corte. Deste modo, objetivou-se com esse estudo estimar parâmetros genéticos para aptidão andrológica e características seminais em touros da raça Nelore.



Material e Métodos

As informações fenotípicas são oriundas do programa de melhoramento genético da raça Nelore da Agropecuária CFM, localizado nos estados de São Paulo e Mato Grosso do Sul, Brasil. Estes dados estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos 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 até 10 gerações foram utilizados para a construção da matriz de relacionamento genético aditivo. Os critérios de controle de qualidade (CQ) foram realizados pelo pacote PREGSf90 (AGUILAR et al., 2014). Após o CQ restaram 7.303 animais genotipados, em densidade de 44.135 SNPs (*single nucleotide polymorphisms; Beadchips Bovine GGP-HDi*).

As características fenotípicas do estudo são: aptidão andrológica (AP_ANDRO), onde foi dividido em 4 categorias classificatórias: inapto, inapto temporário, apto a monta natural e apto. As características de sêmen são volume do ejaculado (VOL_EJAC – mL), aspecto seminal (ASPEC_SMN), divididos em quatro categorias: cremoso (1), leitoso (2), aquoso (3) e opalescente (4), turbilhamento ou movimento de massa dos espermatozoides (TURB – score de 0 a 5) e motilidade retilínea dos espermatozoides (MOT - %). 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 de cada característica.

O modelo utilizado para a estimativa de parâmetros genéticos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto e efeito fixo de GC, e idade à coleta do sêmen como efeito linear e quadrático como covariáveis. As estimativas dos componentes de (co)variâncias e os parâmetros genéticos foram estimados através de análises bi-características pelo método de amostragem de Gibbs – THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2002). O modelo single- step GBLUP (ss GBLUP; AGUILAR et al. 2010) é uma modificação do BLUP com numerador da matriz de parentesco \mathbf{A}^{-1} substituído por \mathbf{H}^{-1} . O modelo utilizado é representado pela seguinte equação:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

Onde: \mathbf{y} = vetor de variáveis dependentes; $\boldsymbol{\beta}$ = vetor de efeitos fixos; \mathbf{X} = matriz de incidência associando $\boldsymbol{\beta}$ com \mathbf{y} ; \mathbf{g} = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo; \mathbf{Z} = matriz de incidência associando \mathbf{g} com \mathbf{y} ; e \mathbf{e} = vetor dos efeitos residuais. Para obtenção das estimativas de correlações genéticas foi utilizado o modelo bi-característica:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & 0 \\ 0 & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

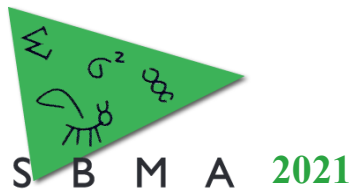
Para as características categóricas, *a priori* foram consideradas as distribuições dos vetores \mathbf{y} , \mathbf{a} e \mathbf{e} : $\mathbf{y} \sim MVN(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a})$; $\mathbf{a} | \mathbf{G} \sim MVN(0, \mathbf{H} \otimes \mathbf{G})$; $\mathbf{e} | \mathbf{R} \sim MVN(0, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R})$ em que: \mathbf{H} é a matriz de coeficientes de parentesco entre os animais obtidos a partir das análises de passo único (ssGBLUP); \mathbf{R} é a matriz de variância residual; \mathbf{I} é uma matriz identidade; \mathbf{G} é matriz de (co)variância genética aditiva e \otimes é o produto de *Kronecker*. Para os efeitos fixos foi definida uma distribuição *a priori* uniforme. Para a inferência bayesiana foi gerado uma única cadeia (MCMC) com 800.000 amostras e 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 das características, as herdabilidades das características de aptidão andrológica, características seminais e as correlações genéticas entre todas as características deste estudo.

Tabela 1. Estatística descritiva, números de contemporâneos, herdabilidades e correlações genéticas entre aptidão andrológica (característica 1) e características seminais (característica 2).

Características ¹	N	NGC	Média	h ²	rg _a	DP
				2	1	2



AP_ANDRO-ASPC_SMN (1-4)	36.318	256	2,88	0,83	0,39	0,33	0,05
AP_ANDRO-MOT (%)	36.960	269	68,74%	0,69	0,20	0,35	0,02
AP_ANDRO-TURB (0-5)	33.771	256	1,1	0,88	0,18	0,12	0,03
AP_ANDRO-VOL_EJAC (mL)	37.111	271	5,22mL	0,68	0,18	0,87	0,01

¹AP_ANDRO: Aptidão andrológica; ASPC_SMN: Aspecto seminal; MOT: Motilidade retilínea do SPTZ; TURB: Turbilhonamento dos SPTZ; VOL_EJAC: Volume do ejaculado; N: Número de registros fenotípicos; NGC: Número de grupos contemporâneos.

As médias posteriores de herdabilidade para as características de aptidão andrológica e seminais variaram de 0,18 a 0,69 para volume do ejaculado e aptidão andrológica, respectivamente. Portanto as características tem variabilidade genética suficiente, apesar que 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 qualidade do sêmen na raça Nelore.

As estimativas de correlações genéticas de AP_ANDRO com VOL_EJAC, MOT, TURB e ASPC_SMN foram de baixa a alta magnitude. Portanto a seleção para animais que apresentam melhor a qualidade e quantidade do ejaculado, poderá aumentar o número de touros com melhores aptidões andrológicas. Sugere-se que problemas relacionados à fertilidade da fêmea, esteja ligado a baixa qualidade e quantidade de sêmen contribui para um percentual significativo de falhas reprodutivas (DEJARNETTE et al., 2004). Desta forma, poderá aumentar o número de touros aptos e além de melhorar a qualidade de sêmen, impactando diretamente na disponibilidade de maiores bancos de genética e na fertilidade dos rebanhos. Em estudos com touros da raça Nelore, encontraram correlações genéticas favoráveis da classificação de touros aptos com motilidade, vigor e turbilhonamento, bem como com defeitos espermáticos e peso corporal (VALE FILHO et al., 1999; DIAS et al., 2006).

Conclusão

As características de qualidade de sêmen e aptidão andrológica são herdáveis. Os valores de correlação genética obtidos sugerem que seleção direta para qualquer uma das características seminais, possivelmente irá aumentar o número de touros aptos para reprodução, pois a correlação entre essas características é de magnitude moderada a alta. A seleção para características de sêmen tem impacto relevante na fertilidade e mais estudos devem ser realizados, a fim de melhorar a disponibilidade de sêmen de qualidade e maior diversidade de touros aptos disponíveis, além que poderá auxiliar programas de melhoramento genético no aporte de informações.

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.
- BERRY, D.P. et al. Genetics of bull semen characteristics in a multi-breed cattle population. **Theriogenology**, v.123, p.202–208, 2019.
- BUTLER, M. L. et al. Selection for bull fertility: A review. **Translational Animal Science**, v. 4, n. 1, p. 423–441, 2020.
- DEJARNETTE, J. M. et al. Sustaining the fertility of artificially inseminated dairy cattle: The role of the artificial insemination industry. **Journal of Dairy Science**, v. 87, n. SUPPL. 1, p. E93–E104, 2004.
- DIAS, J. C. et al. Estimativas de parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros Nelore, de dois e três anos de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 58, n. 3, p. 388–393, 2006.
- GEBREYESUS, G. et al. Genetic parameters of semen quality traits and genetic correlations with service sire nonreturn rate in Nordic Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, 2021.
- 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.
- OLIVEIRA, L. Z. et al. Assessment of field fertility and several in vitro sperm characteristics following the use of different Angus sires in a timed-AI program with suckled Nelore cows. **Livestock Science**, v. 146, n. 1, p. 38–46, 2012.
- VALE FILHO, V.R.; QUIRINO, C.R.; ANDRADE, V.J.; REIS, S.R.; MENDONÇA, R. Parâmetros genéticos da classificação andrológica por pontos (CAP), em touros da raça Nelore. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v. 23, p. 253-255, 1999.