RAFAEL GUIMARÃES VIZONÁ

Estudo Genético de Características Morfológicas e de Produção de Embriões in vitro em Bovinos da Raça Gir Leiteiro.

Pirassununga

2020

RAFAEL GUIMARÃES VIZONÁ

Estudo Genético de Características Morfológicas e de Produção de Embriões *in vitro* em Bovinos da Raça Gir Leiteiro.

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Nutrição e Produção Animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo para a obtenção do título de Mestre em Ciências.

Departamento:

Nutrição e Produção Animal

Área de concentração:

Nutrição e Produção Animal

Orientador:

Prof. Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro

Pirassununga

2020

Autorizo a reprodução parcial ou total desta obra, para fins acadêmicos, desde que citada a fonte.

DADOS INTERNACIONAIS DE CATALOGAÇÃO NA PUBLICAÇÃO

(Biblioteca Virgínie Buff D'Ápice da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo)

T. 3959
FMVZ

Vizoná, Rafael Guimarães
Estudo genético de características morfológicas e de produção de embriões *in vitro*
em bovinos da raça Gir Leiteiro / Rafael Guimarães Vizoná. – 2020.
106 p. : il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo. Faculdade de Medicina
Veterinária e Zootecnia. Departamento de Nutrição e Produção Animal, Pirassununga,
2020.

Programa de Pós-Graduação: Nutrição e Produção Animal.

Área de concentração: Nutrição e Produção Animal.

Orientador: Prof. Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro.

1. Zebu leiteiro. 2. Endogamia. 3. Parâmetros genéticos. 4. Reprodução artificial. 5.
Características morfológicas. I. Título.

Comissão de Ética no Uso de Animais

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia
Universidade de São Paulo

São Paulo, 22 de junho de 2020
CEUAX N [4297200220](#)

Ilmo(a). Sr(a).

Responsável: Júlio Cesar De Carvalho Balieiro

Área: Nutrição E Produção Animal

Equipe envolvida: Rafael Guimarães Vizoná - **executor** (fmvz-usp/campus Pirassununga); Júlio Cesar De Carvalho Balieiro (orientador)

Título do projeto: "Estimação de componentes de variância e correlação entre características morfológicas, de manejo e desempenho à PIVE em bovinos da raça Gir Leiteiro."

Parecer Consubstanciado da CEUA FMVZ

A Comissão de Ética no Uso de Animais da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo, na reunião de 08/04/2020, **ANALISOU** e **APROVOU** o protocolo de estudo acima referenciado. A partir desta data, é dever do pesquisador:

1. Comunicar toda e qualquer alteração do protocolo.
2. Comunicar imediatamente ao Comitê qualquer evento adverso ocorrido durante o desenvolvimento do protocolo.
3. Os dados individuais de todas as etapas da pesquisa devem ser mantidos em local seguro por 5 anos para possível auditoria dos órgãos competentes.
4. **Relatórios parciais** de andamento deverão ser enviados **anualmente** à CEUA até a conclusão do protocolo.

Prof. Dr. Marcelo Bahia Labruna

Coordenador da Comissão de Ética no Uso de Animais

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade
de São Paulo

Camilla Mota Mendes

Vice-Coordenador

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade
de São Paulo

FOLHA DE AVALIAÇÃO

Autor: VIZONÁ, Rafael Guimarães

Título: **Estudo Genético de Características Morfológicas e de Produção de Embriões in vitro em Bovinos da Raça Gir Leiteiro.**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Nutrição e Produção Animal da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo para obtenção do título de Mestre em Ciências.

Data: ____/____/____

Banca Examinadora

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Julgamento: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Julgamento: _____

Prof. Dr. _____

Instituição: _____ Julgamento: _____

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, por me dar a oportunidade de desfrutar da vida

Agradeço ao meu pai, Ricardo Vizoná por sempre acreditar em mim e nunca medir esforços para que meus sonhos sejam realizados.

Agradeço a minha avó Maria Heloisa Lessa Guimarães, por servir de exemplo na minha vida e ser meu ponto de segurança quando mais preciso.

Agradeço a minha namorada Thaís Ribeiro Fadel pelo companheirismo, amizade e por nunca medir esforços para sempre me ajudar, tornando os meus dias mais felizes e me dando motivação.

Agradeço ao meu orientador, Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro, pela oportunidade de ingresso à FMVZ-USP, pela orientação no mestrado, pela confiança a mim dada na execução do projeto me dando a liberdade necessária para que minhas idéias se realizassem, por se mostrar sempre disponível para auxílio na execução e idealização do projeto, pelas palavras de apoio e pela paciência a minha desatenção aos prazos estabelecidos.

Agradeço ao meu amigo/mentor Dr. Bruno da Costa Perez, não somente por me apresentar as belezas e desafios do melhoramento animal e pensamento científico, mas pela total disponibilidade em me auxiliar na execução do projeto como um todo e principalmente, na minha formação acadêmica, se mostrando uma liderança nata, me inspirando e motivando com palavras sinceras de apoio, mesmo nos momentos mais difíceis. Estarei aqui para o que você precisar, te admiro muito.

Agradeço ao meu amigo e pesquisador Dr. Aníbal Eugenio Vercesi Filho, pelas longas conversas de muito aprendizado, sobre Gir Leiteiro e a forma que essa raça nos cativa a cada dia.

Agradeço ao professor Dr. Ricardo Vieira Ventura pelos ensinamentos e palavras de sabedoria, se mostrando sempre disponível para discutir novas idéias.

Agradeço aos pesquisadores Dr^a. Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto e Dr. João Henrique Barbosa Viana, pela confiança na cessão dos dados e importantes contribuições com o projeto.

Agradeço ao professor Guilherme Pugliese, pelas portunas colocações realizadas durante a qualificação do projeto.

“ Imagination is more important than knowledge. For knowledge is limited to all we now know and understand, while imagination embraces the entire world, and all there ever will be to know and understand. ”

Albert Einstein

RESUMO

VIZONÁ, RG. **Estudo Genético de Características Morfológicas e de Produção de Embriões in vitro em Bovinos da Raça Gir Leiteiro**. 2020. 106 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2020.

O objetivo dessa pesquisa foi avaliar os aspectos genéticos relacionados a características morfológicas e de produção de embriões in vitro em bovinos da raça Gir Leiteiro. O primeiro estudo focou na estimação de parâmetros genéticos e o efeito do aumento do coeficiente de endogamia (F) nas características de conformação, além de descrever a subpopulação de vacas Gir leiteiro com fenótipo de morfologia coletado. Um conjunto de dados contendo registros para 15 características de conformação de um total de 3.800 vacas foi analisado. O arquivo de pedigree utilizado para o cálculo de F continha 44.318 animais. As estimativas de herdabilidade (h^2) variaram de 0,04 a 0,50, nas quais as características de estrutura corporal apresentaram maiores h^2 . Com um coeficiente de endogamia médio de 1,30% e uma relação de parentesco médio entre indivíduos de 1,91%, além de um aumento nas taxas médias anuais desse parentesco entre animais. Efeitos relevantes da depressão endogâmica foram detectados na maioria das características analisadas. As características relacionadas à estrutura corporal apresentaram maiores herdabilidades, seguidos pelas características de conformação de úbere e pernas e pés. O segundo estudo, teve como objetivo realizar uma análise genética detalhada das características de produção de embriões in vitro em vacas da raça Gir leiteiro. Um conjunto de dados contendo 11,450 registros de procedimentos de coleta de óvulos (OPU) e fertilização in vitro (FIV) de 2,684 doadores da raça Gir Leiteiro foi avaliado. As características analisadas foram número (NOV) e porcentagem (POV) de oócitos viáveis; número (NGI) e porcentagem (PGI) de oócitos grau I; número (NEMB) e porcentagem (PEMB) de embriões viáveis. As estimativas de herdabilidade variam de 0,16 até 0,32 para características de contagem e de 0,01 a 0,06 para características percentuais. A proporção da variação total representada pelo efeito genético aditivo do touro (sêmen usado na FIV) para NEMB e PEMB foi 7% e 5% respectivamente. As associações entre os valores genéticos de touros do teste de progênie para características de IVEP, produção de leite, idade no primeiro parto e características de conformação foram principalmente baixas ou próximas de zero.

Palavras-chave: Zebu leiteiro, endogâmia., parâmetros genéticos, reprodução artificial, características morfológicas.

ABSTRACT

VIZONÁ, RG. **Genetic study of morphological and *in vitro* production traits in Dairy Gir cattle**. 2020. 106 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2020.

The objective of this study was to evaluate the genetic aspects related to morphological and *in vitro* embryo production in Gir Dairy cattle. The first study focused on the estimation of genetic parameters and the effect of the inbreeding coefficient (F) on morphological traits, in addition to describing the subpopulation of Gir Dairy cows with morphology phenotype collected. A data set containing records for 15 conformation traits, a total of 3,800 cows was analyzed. The pedigree file used for the calculation of F contained 44,318 animals. Estimates of heritability (h^2) ranged from 0.04 to 0.50, in which body structure traits showed higher h^2 . With an average inbreeding coefficient of 1.30 and an average relationship between individuals of 1.91% In addition to an increase in the annual average rates of relationship between animals relevant effects of inbreeding depression were detected in most of the analyzed traits. Traits related to body structure showed higher heritabilities, followed by the traits of udder conformation and legs and feet. The second study aimed to conduct a detailed genetic analysis of *in vitro* embryo production traits in Gir Dairy cattle cows. A data set containing 11.450 records of procedures for the collection of oocyte (OPU) and *in vitro* fertilization (IVF) of 2.684 donors of Gir Dairy breed was evaluated. The analyzed traits were number (NOV) and percentage (POV) of viable oocytes; number (NGI) and percentage (PGI) of oocytes grade I; number (NEMB) and percentage (PEMB) of viable embryos. Heritability estimates vary from 0.16 to 0.32 for counting traits and 0.01 to 0.06 for percentages traits. The proportion of total variation represented by additive genetic effect of bull (semen used in IVF) to NEMB and PEMB was 7 and 5 % respectively. The associations between the breeding values for progeny test bulls for IVEP traits, milk production, age at first calving and conformation traits were mostly low or close to zero.

Keywords: Zebu dairy, inbreeding., genetic parameters, artificial reproduction, morphological traits.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.1- Definição das características morfológicas da raça Gir Leiteiro	37
Figura 1.2- Número de fêmeas fenotipadas por data de nascimento (A), parentesco médio entre as fêmeas com fenótipo coletado [PHENpop x PHENpop], entre as fêmeas da população de Gir leiteiro [ALLpop x ALLpop], entre as fêmeas da população de gir leiteiro e fêmeas fenotipadas [PHENpop x ALLpop] por data de nascimento (B), F médio e porcentagem de animais endogâmicos na subpopulação de fêmeas fenotipadas por data de nascimento (C).	43
Figura 1.3- Distribuição das classes de F (0; 0 - 3,5; 3,5 - 7,00 e acima de 7,00) e F médio para as 15 características morfológicas estudadas e considerando toda a população da raça Gir Leiteiro.	44
Figura 1.4- Média e intervalos à posteriori (5% 95%) da distribuição à posteriori da herdabilidades, Média e intervalos à posteriori (5% 95%) da distribuição à posterior do efeito estimado de F sobre características morfológicas, porcentagem da média fenotípica representada pelo efeito de F estimado (%).	46
Figura 2.1- Histograma mostrando a frequência de oócitos grau I (A), número de oócitos viáveis (B) e embriões viáveis (C); e a distribuição para porcentagens de oócitos grau I (D), porcentagens de oócitos viáveis (E) e porcentagem de embriões viáveis (F) observados no banco de dados analisado.....	83
Figura 2.2- Frequencia de sessão de aspiração por doadora	83
Figura 2.3- Número de sessão de aspiração e frequência de doadoras submetidas à aspiração em diferentes classes de idades das doadoras. I = abaixo de 24 meses; II = 24 até 48 meses; III = 48 até 72 meses; IV = 72 até 96 meses; V= 96 até 120 meses; VI = 120 até 144 meses e VII = acima de 144 meses.	84
Figura 2.4- Médias Fenotípicas observadas em características de contagem (A) e de porcentagem (B) em diferentes grupos de idades das doadoras ao momento da aspiração	85
Figura 2.5- Coeficiente de correlação de Pearson calculado entre os valores genéticos estimados para a produção de embriões in vitro e caracterísicas produção de de leite, gordura e proteína, idade ao primeiro parto e características de conformação incluídos no programa de melhoramento nacional do Gir Leiteiro. NGI=	

Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis86

Figura 2.6- Médias à posteriori para estimativas de correlação genética entre cada uma das características de produção de embriões in vitro analisadas. Cores dentro os quadrados indicam a magnitude e direção das associações. NGI= Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis89

Figura 2.7- Tendências genéticas estimadas para características de produção in vitro na raça Gir Leiteiro. NGI= Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis.90

Figura 2.8- Dispersão dos escores Z para o mérito genético para NOV e PEMB de touros Gir Leiteiro em teste de progênie. Touros com VGE acima de 0,5 desvios padrão acima da média para ambas as características são coloridas em preto. NOV= Numero de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis97

Figura 2.9- Boxplot do desempenho médio em característicasde produção in vitro das filhas dos grupos de touros de 10 % maior mérito genético (azul) e 10 % piores méritos genéticos (vermelho). NGI= Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis. O número médio de filhas com fenótipos por touro foi 1298

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estatística descritiva das características morfológicas avaliadas na raça Gir Leiteiro	38
Tabela 2.1 - Número de informações, Mediana, Média, Desvio-Padrão (DP), Coeficiente de Variação (CV), Dispersão e número de zeros das características analisadas.....	82
Tabela 2.2 - Média, mediana, interval de HPD, teste de geweke e correlação lag 200 para a distribuição à posteriori da variação genética aditiva (σ^2_a), variância de ambiente permanente (σ^2_{pe}), variância residual (σ^2_e), variância de efeito de touro (semen usado na IVEP) (σ^2_s), herdabilidade direta (h^2), repetibilidade (r^2) e herdabilidade de touro (h^2_s) para as variáveis estudadas	87

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL.....	16
1.1 REVISÃO DE LITERATURA	16
1.1.1 A Raça Gir.....	16
1.1.2 Endogamia e depressão endogâmica	17
1.1.3 Características morfológicas	19
1.1.4 Produção <i>in vitro</i> de embriões.....	21
1.1.5 REFERÊNCIAS.....	23
 2. CAPÍTULO 1. Análise genética de características de conformação e estrutura da subpopulação de vacas fenotipadas em bovinos da raça Gir Leiteiro.	33
2.1 INTRODUÇÃO	34
2.2 MATERIAIS E MÉTODOS.....	36
2.2.1 Dados.....	36
2.2.2 Análises de pedigree e estrutura populacional.....	38
2.2.3 Estimativa de parâmetros genéticos	39
2.2.4 Coeficientes de endogamia e estimativa da depressão por endogamia ...	40
2.2.5 Inferência	40
2.3 RESULTADOS	41
2.3.1 Estrutura populacional.....	41
2.3.2 Parâmetros genéticos e efeitos da endogamia em características de conformação	45
2.4 DISCUSSÃO	46
2.4.1 Parâmetros genéticos e efeitos da endogamia sobre características de conformação	50
2.4.1.1 Características de estrutura corporal (CEC)	50
2.4.1.2 Características de Conformação de Úbere (CCU)	54
2.4.1.3 Características de conformação de pernas e pés (CCPP)	57
2.5 CONCLUSÃO.....	58
2.6 REFERÊNCIAS.....	59

3. CAPÍTULO 2. Análise genética de produção <i>in vitro</i> embriões em bovinos Gir Leiteiros.	69
3.1 INTRODUÇÃO	71
3.2 MATERIAIS E MÉTODOS	73
3.2.1 Descrição de dados	73
3.2.2 Coleta de óvulos e produção de embriões <i>in vitro</i>	74
3.2.3 Características analisadas	74
3.2.4 Transformação de dados	75
3.2.5 Análises estatísticas	75
3.2.6 Inferência e implementação	77
3.2.7 Estimativas de parâmetros genéticos	79
3.2.8 Associação entre os valores estimados de criação de touros para o PIVE e outras características	80
3.2.9 Tendências genéticas	81
3.3 RESULTADOS	81
3.3.4 Estatísticas descritivas	81
3.3.5 Análise de convergência	86
3.3.6 Parâmetros genéticos	87
3.4 DISCUSSÃO	90
3.4.1 Estatística descritiva	91
3.4.2 Análises genéticas	92
3.4.3 Associação entre características de reprodução artificial e outras características comumente avaliadas	98
3.5 CONCLUSÕES	100
3.6 REFERENCIAS	100

1 INTRODUÇÃO GERAL

1.1 REVISÃO DE LITERATURA

1.1.1 A Raça Gir

A raça Gir, tem a Índia como origem, mais precisamente nas florestas e montanhas da Península de Kathiawar, no estado de Gujarat, região da costa ocidental indiana. A sua denominação faz alusão à cadeia de montanhas de Gir (*Gir Hills*), localizada ao oeste do estado e ao sul da península, possuindo florestas densas e clima quente e seco. A raça é amplamente utilizada na região devido a sua tolerância às condições climáticas adversas ali impostas, contribuindo significativamente com a produção de leite no estado de Gujarat (GAUR et al., 2003).

A raça foi introduzida no Brasil em importações realizadas entre 1870 e 1962. Devido à sua ampla aceitação por criadores logo foi amplamente difundida por todo território brasileiro, a princípio como raça de corte, chegando a ser a raça zebuína com maior número de animais no Brasil (QUEIROZ, S. e R. LÔBO, 1993). A aptidão leiteira da raça passou a ser selecionada de forma abrangente e efetiva em território nacional a partir de 1985, quando se estabeleceu um Programa Nacional de Melhoramento da raça Gir Leiteiro (PNMGL). Desde as primeiras publicações dos resultados de avaliações genética de touros, a produção média de leite da raça duplicou e o ganho genético nessa característica foi de aproximadamente 1% ao ano, atualmente a média de produção de leite em 305 dias de lactação foi de 3.613 ± 2.072 kg (PANETTO et al., 2020).

Apesar da aptidão leiteira ser o objetivo principal de seleção da raça, sua principal importância em território brasileiro se dá como raça mãe para a formação, junto com a raça holandesa, do composto leiteiro de maior abrangência nacional, o Girolando, responsável pela produção de 80 % do leite brasileiro (GUIMARÃES et al., 2006). A rusticidade e fertilidade da fêmea gir leiteiro à campo, são alguns dos fatores que a tornaram opção viável para a formação desse composto (Madalena et al., 2012), bem como a sua alta eficiência na produção de oócitos frente às técnicas modernas de reprodução artificial (PONTES et al., 2010). Fazendo com que a raça assuma papel fundamental na cadeia produtiva de leite nos trópicos, essencialmente à pasto.

1.1.2 Endogamia e depressão endogâmica

A endogamia ocorre quando há o acasalamento de indivíduos que são mais aparentados entre si, do que a média da população (LUSH, 1945). A medida amplamente utilizada para se quantificar a endogamia de um indivíduo, é o coeficiente de endogamia (F), sendo descrito por Wright (1927), como a probabilidade de dois genes homólogos de um indivíduo serem idênticos por descendentes. Ou seja, serem provindos do mesmo ancestral em comum e sendo a metade do coeficiente de parentesco dos pais.

O primeiro impacto observado pelo aumento da endogamia na população, é uma diminuição da frequência de genes em heterozigose e consequente aumento na frequência de genes em homozigose diminuindo assim a variabilidade da população (BALLOUX et al., 2004). Essa diminuição na variabilidade genética já é esperada numa população sob seleção, tendo em vista que são responsáveis por gerarem os alelos das próximas gerações números menores de indivíduos superiores (ROBERTSON, 1961).

A principal preocupação do aumento da endogamia em uma população, se dá pela depressão endogâmica, tendo em vista que esse fenômeno irá ocasionar diminuição da média fenotípica de características de interesse econômico. O aumento do estado de homozigose de genes recessivos em heterozigose (CHARLESWORTH et al., 2009) pode ser uma das possíveis causas para que se haja a dita depressão endogâmica em algumas características, além do aumento da prevalência de alelos recessivos raros e letais, causando doenças como deficiência de adesão leucocitária bovina (BLAD; KEHRLI et al., 1990) ou a deficiência de Uridina monofosfato sintase (DUMPS; SHANKS et al., 1984).

Os efeitos da depressão endogâmica são mais observados em características de sobrevivência e saúde (FALCONER e MACKAY, 1996), isso provavelmente se deve a uma possível vantagem do animal heterozigoto em adaptação ao meio, por possuir uma maior diversidade bioquímica que lhe proporciona mais ferramentas para a sua adequação ao ambiente em que está inserido (GLOVER, 1994). Como consequência, em bovinos leiteiros é possível observar impactos de depressão endogâmica em características de produção (MIGLIOR et al., 1995; SMITH et al., 1998; THOMPSON et al., 2000), reprodução

(SMITH et al., 1998; MC PARLAND et al., 2007), longevidade (THOMPSON et al., 2000; MC PARLAND et al., 2007) e morfologia (CROQUET et al., 2006; MCPARLAND et al., 2007; BIFFANI et al., 2002).

Para cada 1% do aumento de F, em bovinos da raça Holandesa, foi apresentado diminuição de -20 até -35 kg de leite na lactação total de 305 dias (WIGGANS et al., 1995; SMITH et al., 1998; THOMPSON et al., 2000 e CROQUET et al., 2006). Resultando em perdas médias de 177 Kg de leite no fim das vidas produtivas dos animais, reportado em Smith et al (1998). Na raça Gir leiteiro, também foram reportados diminuição da produção de leite no fim de uma lactação, ocasionadas pelo aumento de F (REIS FILHO et al., 2015).

Características reprodutivas são um dos principais conjuntos de características afetadas pela depressão endogâmica, espera-se que animais com valores elevados de F, tenham índices reprodutivos menos eficientes. Sendo reportado em Smith et al., (1998) acréscimo de 0,55 dia na idade ao primeiro parto de vacas da raça holandesa. McParland et al. (2007) considerando animais com F superior a 12,5% reportou valores de 8,8 dias a mais na idade ao primeiro parto em comparação com animais com F= 0%. Pryce et al (2014) reportou valores de 0,18 e 0,14 dias a mais para cada aumento de 1 % de F em intervalo entre partos nas raças Holandesa e Jersey respectivamente. Em relação a intervalo entre partos, também foi observado aumento de 0,24 dias em Biffani et al. (2002) na raça Holandesa, sendo reportada por esse autor aumento de 0,31 dias em aberto para aumento de cada 1 % de F. Em bovinos da raça Holandesa na Espanha; foi apresentado por González-Récio et al. (2007) decréscimo de 2% na taxa de prenhes em animais com valores de F acima de 12 % e 6% em animais com valores de F acima de 25%. Ainda se tratando de animais com valor de F superior a 12,5% Sewalen et al. (2006) reportou porcentagens de 20, 22 e 26,5 a mais no risco de abate em comparação com animais de F=0 % em bovinos das raças Holandesa, Jersey e Ayrshire.

O decréscimo em fenótipos produtivos e reprodutivos ocasionados pelo aumento de F, resulta em perdas econômicas diretas para o criador, apresentado em Smith et al. (1998) perdas de até U\$ 24 para cada aumento de 1 % de F, considerando diferentes formas de cálculo da rentabilidade do animal. Foi reportado em Croquet et al. (2006), utilizando um índice econômico da raça Holandesa na região belga de Walloon, perdas de 6,13 Euros para cada aumento de 1 % de F. Podendo esses valores serem ainda maiores corrigindo para a realidade econômica atual.

O aumento de F também afeta a expressão de características morfológicas. Tendo sido reportadas em Miglior et al. (2008) que o aumento de 1% de F ocasionou em decréscimos na conformação geral de vacas da raça holandesa; na força leiteira de vacas das raças Canadienne, Shorthorn e Guernsey; na conformação de sistema mamário em vacas das raças Canadienne, Guernsey, Jersey e Shorthorn; e por fim na conformação de pernas e pés em vacas das raças Pardo-Suíço, Guernsey, Shorthorn e Canadienne. Biffani et al. (2002) em vacas da raça Holandesa na Itália impactos diretos para o aumento de F sobre a Funcionalidade de pernas e pés. Ainda se tratando de pernas e pés, Bjelland et al. (2013) reportou impactos negativos do aumento de F em posição de pernas vistas lateralmente e Smith et al. (1998) impactos também negativo no fenótipo relacionado à ângulo de pés, ambos autores em vacas da raça Holandesa. Foi reportado em McParland et al. (2007) impactos do aumento de F nos fenótipos profundidade de úbere, angulosidade e escore de condição corporal em vacas Frísias na Irlanda. Sendo ainda reportado pelo autor que o aumento de F irá afetar negativamente o fenótipo relacionado à sobrevivência do animal no rebanho. Analisando um índice econômico composto apenas por características de tipo na região de Walloon na Bélgica, Croquet et al. (2006) identificou que o aumento de 1% de F resultará em perdas de 1,23 euros em vacas da raça Holandesa.

1.1.3 Características morfológicas

Apesar de características relacionadas ao tipo do animal, não refletirem em ganhos econômicos diretos na indústria leiteira, a inclusão das mesmas em índices de seleção se dá basicamente pela estreita correlação genética entre esse conjunto de características e produção de leite e seus constituintes (NORMAN et al., 1988; HARRIS et al., 1992; BROTHERSTONE, 1994; BERRY et al., 2004) reprodução (DECHOW et al., 2002; ROYAL et al., 2002; KADARMIDEEN, 2004) sanidade (RUPP et al., 1999; KADARMIDEEN, 2004; DAL ZOTTO et al., 2007), consumo alimentar (VEERKAMP et al., 1997; VALLIMONT et al., 2010) e longevidade (VEERKAMP et al., 1997; PÉREZ-CABAL et al., 2006 ; SAMORÉ et al., 2010).

O componente de variância provinda da herança genética aditiva é maior no conjunto de características morfológicas ligadas à estrutura corporal do animal, resultando em valores mais altos de herdabilidades quando se considera esses fenótipos. Um exemplo são os valores de herdabilidades entre 0,64 e 0,74 reportados por DeHaas, et al. (2007) para o fenótipo estatura em vacas das raças Holandesa,

Pardo-Suíço e Vermelho e Branco na Suíça e entre 0,41 e 0,47 para o fenótipo largura de garupa. Portanto haverá maior resposta à seleção para esse conjunto de característica. Se justificando pela alta correlação genética e fenotípicas com características de produção, reportado em Berry et. al (2004) em vacas da raça Holandesa na Irlanda, indicando que vacas com maior estrutura corporal, produzem maior volume de leite e constituinte. No entanto, o último autor reportou uma alta correlação genética entre as características de estrutura corporal e peso corporal, portanto a seleção para esse conjunto de característica irá ocasionar num aumento dos genes responsáveis pela expressão de peso corporal. Apesar da importância do fenótipo peso corporal em trata de animais destinados ao abate, se tratando de fêmeas leiteiras, o elevado peso corporal é fator de risco, como apresentado em Frigo et al. (2010) correlação genética de alta magnitude entre peso corporal em dois rebanhos experimentais de vacas da raça Holandesa e doenças metabólicas/infecciosas, quetose, mastite e problemas relacionados à reprodução. Se tratando de reprodução, espera-se que animais de maior estrutura corporal sejam menos eficiente, reportados na literatura correlações genéticas negativas entre esse conjunto de características e fenótipos relacionados à eficiência reprodutiva. Um exemplo é a correlação genética negativa entre esse conjunto de características corporais e dias em aberto em vacas da raça Holandesa na República Tcheca reportadas por Zink et al. (2011). Sendo ainda reportados por Pryce et al. (2000) e Dal Zotto et al. (2007) correlações genéticas negativas entre características corporais e intervalo entre partos em vacas das raças Holandesas e Pardo-Suíço respectivamente.

Apesar de algumas características relacionadas à conformação de úbere, como aderência e inserção anterior da glândula, terem apresentado correlações genéticas negativas com produção de leite e constituintes (NORMAN et al., 1988; HARRIS et al., 1992). Se faz necessário almejar animais de boas conformação para o conjunto de fenótipo, sabendo das correlações genéticas de alta magnitude reportada entre essas características e menores escores de contagens de células somáticas em vacas leiteiras (KADARMIDEEN, 2004 e RUPP et al., 1999) além de correlação positiva com o fenótipo relacionado com longevidade funcional em vacas da raça Pardo-Suíço na Itália, reportadas em Samoré et al., 2010. Isso explica o fato de conformação de úbere ser um dos maiores fatores responsável pelo abate

involuntário de vacas leiteiras nos EUA, atrás apenas de ineficiência na reprodução, mastites clínicas e baixa produção de leite (BASCOM et al., 1998).

A inclusão de características de conformação de pernas e pés em índices de seleção se dá principalmente pela sua estreita relação com facilidade de locomoção dos animais de melhor conformação, devido a correlações genéticas entre esse conjunto de características e o fenótipo relacionado à locomoção (BERRY et al., 2004). Uma boa capacidade de locomoção é altamente desejada em ambientes extensivos, permitindo que o animal caminhe longas distâncias sem que sofra danos.

De certa forma, o conjunto de características morfológicas assume maior importância em ambientes tropicais, onde altas temperaturas e altas taxas de parasitas são alguns dos desafios impostos para os animais inseridos nesse tipo de ambiente (Porto-Neto et al., 2014), além do animal ter de percorrer longas distâncias por se tratar de um sistema predominantemente extensivo à pasto. A maior taxa de descarte de animais com medidas de conformação inadequada (SEWALEN et al., 2005 e CARAVIELLO et al., 2003), pode comprometer a taxa de reposição do rebanho, já prejudicada por baixos índices reprodutivos impostas pelo meio ambiente hostil (BURROW, 2012). Por conta disso, Byrne et al. (2016) ao calcular 3 novos índices econômicos na Austrália, indicou um maior peso para características relacionadas a conformação, ressaltando a importância desse conjunto de fenótipos na lucratividade da atividade leiteira em meio ambiente tropical.

1.1.4 Produção *in vitro* de embriões

A transferência de embriões em bovinos tem assumido papel relevante na pecuária global e se tornando importante ferramenta a fim de se aumentar o usufruto de fêmeas superiores, iniciando seu uso comercial em meados da década de 80 (LAND et al., 1975; SEIDEL, 1981 e WRIGHT, 1981). A técnica da produção *in vitro* de embriões (PIVE), tem como vantagem à superovulação da fêmea in vivo, a premissa de não comprometer a vida produtiva do animal, pela não necessidade de induções hormonais (BOUSQUET et al., 1999) além da possibilidade de se utilizar sêmen de mais de um touro no acasalamento (WOOLLIAMS e WILMUT, 1989).

Em 2018, a PIVE obteve números globais de 569.217 embriões em gado leiteiro, no Brasil, foram produzidos 184.072 embriões pela técnica, sendo o país responsável por cerca de 32% de toda a produção global em gado leiteiro

(VIANA,2019). A abrangência da PIVE no país, pode ser explicada por desempenhos superiores na produção de oócito por fêmeas zebuínas, grupo genético de maior número de indivíduos em território nacional, em comparação com fêmeas taurinas (PONTES et al., 2010). O mesmo autor reportou porcentagem acima de 50% na produção de oócitos viáveis em vacas da raça gir leiteiro, em comparação com vacas da raça Holandesa no Brasil. Valores ainda mais alto são reportados em Sales et al.(2015) utilizando animais das mesmas raças sob dietas ricas em energias, onde vacas da raça gir leiteiro apresentaram médias de 19,3 oócitos viáveis em comparação com os 10,8 produzidos na média por vacas da raça Holandesa, além disso, as vacas da raça Gir Leiteiro apresentaram na média 5 vezes mais embriões em comparação com as vacas da raça Holandesa (3,8 e 0,7 embriões produzidos respectivamente).

As biotecnologias de reprodução artificial, permitiram uma maior abrangência na disseminação de material genético superior, incrementando consideravelmente os programas de melhoramento ao longo dos anos (VAN VLECK,1981; LOHUIS, 1995 e NICHOLAS,1996). Além disso, tornou possível o cruzamentos entre zebuínos e taurinos em larga escala, cujo benefício pela heterozigose provinda desse tipo de acasalamento, resultou em aumentos significativos no desempenho do rebanho nacional, seja de leite ou corte (GREGORY et al., 1980; MCALLISTER, 2002) A alta disseminação desses genes provindos de animais mais especializados só foi possível com o uso de biotécnicas de reprodução, permitindo a disseminação do germoplasma taurino sem que houvesse a necessidade da inserção desses indivíduos em ambientes que lhes são desfavoráveis (MCDOWELL, 1984). Com a técnica de inseminação artificial cada vez mais consolidada, foi possível um delineamento dos testes de progênie em populações leiteiras, como forma de se identificar touros superiores com base no desempenho de suas filhas e relacionadas (ROBERTSON et al., 1960). Com a popularização da avaliação genômica a partir de 2009, se tornou possível a identificação de animais superiores cada vez mais jovens fazendo com que houvesse uma diminuição considerável no intervalo de gerações em populações leiteiras (DE ROOS et al., 2011; GARCIA-RUIZ et al., 2016). Tornando obsoleta uma avaliação genética somente com base no teste de progênie tradicional, que requer altos custos operacionais e longo intervalo de tempo para que os touros tenham valor genético estimado. A combinação da avaliação genômica com a PIVE,se faz vantajosa pois permite que, além de se utilizar touros cada vez mais jovens, se

obtenha material genético de fêmeas pré-púberes de alto e acurado mérito genético, diminuindo ainda mais o intervalo de geração e aumentando os ganhos genéticos por geração (KASINATHAN et al., 2014 e KADARMIDEEN et al., 2015). Sabendo que a avaliação genômica diminui o número de indivíduos candidatos à seleção (DAETWYLER et al., 2007), há uma preocupação em se manter uma contribuição ótima desses indivíduos (MEUWISSEN, 1997) para as taxas de endogamias anuais sejam controladas a fim de se manter diversidade genética da população. Com isso, é possível se estabelecer um programa de PIVE e avaliação genômica utilizando diversos touros, definindo a ótima contribuição de cada um, para que as perdas em relação ao aumento de endogamia sejam menores (THOMASEN et al., 2015)

Foi reportado na literatura, que boa parcela da expressão de características relacionadas à PIVE, são de origem genética aditiva (PEIXOTO et al., 2004; MERTON et al., 2009;). Isso significa que boas respostas à seleção são esperadas para essas características, se justificando a inclusão das mesmas como objetivos de seleção, caso haja interesse econômico suficiente para tal. Em relação à produção de embriões, foram reportados por Bényei et al. (2004) herdabilidade de 0,19 na raça Holandesa e por Peixoto et al., 2004 de 0,26 na raça Nelore. Jatón et al., 2016 analisando número total de embriões e número de embriões viáveis na raça Holandesa no Canadá, reportou herdabilidades entre 0,13 e 0,17. No entanto, os autores acima utilizaram informações provindas da técnica *in vivo*, ou seja, os animais passaram pelo processo de superovulação, Merton et al. (2009) analisando informações provindos da técnica *in vitro*, reportou herdabilidade de 0,16 para número de embriões na raça holandesa. Se tratando da produção de oócitos, em especial oócitos viáveis, o último autor reportou herdabilidade de 0,25. A mesma magnitude de herdabilidade foi reportado por Pérez, et al., 2017 de 0,16 até 0,25 para número de oócitos viáveis na raça zebuína, Guzerá, considerando diferentes modelos estatísticos. Pérez et al., 2019 reportou tendências genéticas negativas para características de produção de oócitos e embriões na raça Guzerá, indicando que, apesar da superioridade do zebuino frente a essa técnica, não está sendo realizada nenhum tipo de seleção com base nos valores genéticos para essas características.

1.1.5 REFERÊNCIAS

BALLOUX F, AMOS W, COULSON T. . Does heterozygosity estimate inbreeding in real populations? **Molecular Ecology**, 13, 3021–3031, 2004.

BASCOM SS, YOUNG AJ . A Summary of the reasons why farmers cull cows. **Journal of Dairy Science**, 81, 2299–2305, 1998.

BÉNYEI B, GASPARDY A, KOMLÓSI I, PÉCSI A . Repeatability and Heritability of Ovulation Number and Embryos in Dam-daughters Pairs in Superovulated Holstein–Friesian Cows. **Reproduction of Domestic Animals**, 39, 99–102, 2004.

BERRY DP, BUCKLEY F, DILLON P, EVANS RD, VEERKAMP RF . Genetic Relationships among Linear Type Traits, Milk Yield, Body Weight, Fertility and Somatic Cell Count in Primiparous Dairy Cows. **Irish Journal of Agricultural and Food Research**, 43, 161-176, 2004.

BIFFANI S, SAMORÉ AB, CANAVESI F . Inbreeding Depression For Production, Reproduction And Functional Traits In Italian Holstein Cattle. **7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, August 19-23, 2002, Montpellier, France, 2002.

BJELLAND DW, WEIGEL KA, VUKASINOVIC N, NKRUMAH JD . Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. **Journal of Dairy Science**, 96, 4697–4706, 2013.

BOUSQUET D, TWAGIRAMUNGU H, MORIN N, BRISSON C, CARBONEAU G, DUROCHER J. . In Vitro Embryo Production in the Cow: An Effective Alternative to the Conventional Embryo Production Approach. **Theriogenology**, 51, 59-70, 1999.

BROTHERSON S. . Genetic and phenotypic correlations between linear type traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cattle. **Animal Science**, 59, 183-187, 1994.

BURROW HM . Importance of adaptation and genotype x environment interactions in tropical beef breeding systems. **Animal**, 6:5, 729–740, 2012.

BYRNE TJ, SANTOS BFS, AMER PR, MARTIN-COLLADO D, PRYCE JE, AXFORD M . New breeding objectives and selection indices for the Australian dairy industry. **Journal of Dairy Science**, 99, 8146–8167, 2016.

CARAVIELLO DZ, WEIGEL KA, GIANOLA D . Analysis of the Relationship Between Type Traits, Inbreeding, and Functional Survival in Jersey Cattle Using a Weibull Proportional Hazards Model. **Journal of Dairy Science**, 86, 2984–2989, 2003.
cattle. **Genetic Selection Evolution**, 46, 71, 2014.

CHARLESWORTH D, WILLIS JH . The genetics of inbreeding depression. **Nature Reviews Genetics**, 10 (11), 783-794, 2009.

CROQUET C, MAYERES P, GILLON A, VANDERICK S, GENGLER N . Inbreeding Depression for Global and Partial Economic Indexes, Production, Type, and Functional Traits. **Journal of Dairy Science**, 89, 2257–2267, 2006.

DAETWYLER HD, VILLANUEVA B, BIJMA P, WOOLLIAMS JA . Inbreeding in genome-wide selection. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, 124, 369–376, 2007.

DAL ZOTTO R, DE MARCHI M, DALVIT C, CASSANDRO M, GALLO L, CARNIER P, BITTANTE G . Heritabilities and Genetic Correlations of Body Condition Score and Calving Interval with Yield, Somatic Cell Score, and Linear Type Traits in Brown Swiss Cattle. **Journal of Dairy Science**, 90, 5737–5743, 2007.

DE HAAS Y, JANSS LLG, KADARMIDEEN HN . Genetic and phenotypic parameters for conformation and yield traits in three Swiss dairy cattle breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 124, 12–19, 2007.

DE ROOS APW, SCHROOTEN C, VEERKAMP RF, VAN ARENDONK JAM . Effects of genomic selection on genetic improvement, inbreeding, and merit of young versus proven bulls. **Journal of Dairy Science**, 94, 1559–1567, 2011.

DECHOW CD, ROGERS GW, CLAY JS . Heritability and Correlations Among Body Condition Score Loss, Body Condition Score, Production and Reproductive Performance. **Journal of Dairy Science**, 85, 3062–3070, 2002.

FALCONER DS, MACKAY TFC . **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Longman Scientific, New York, 1996.

FRIGO E, DECHOW CD, PEDRON O, CASSELL BG . The genetic relationship of body weight and early-lactation health disorders in two experimental herds. **Journal of Dairy Science**, 93, 1184–1191, 2010.

GARCÍA-RUIZ A, COLE JB, VANRADEN PM, WIGGANS GR, RUIZ-LÓPEZ FJ, VAN TASSELL CP . Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. **PNAS -Proceedings of the National Academy of Sciences**, 13(28), 3995-4004, 2016.

GAUR GK, KAUSHIK SN, GARG RC. The Gir cattle breed of India - characteristics and present status. **Animal Genetic Resources Information**, 33, 21-29, 2003.

GLOVER BJ, ABBOTT RJ . Low genetic diversity in the Scottish endemic *Primula scotica* Hook. **New Phytologist Trust**, 129, 147 – 153, 1994.

GONZÁLEZ-RECIO O, LÓPEZ DE MATURANA E, GUTIÉRREZ JP . Inbreeding Depression on Female Fertility and Calving Ease in Spanish Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 90, 5744 –5752, 2007.

GREGORY KE, CUNDIFF LV . Crossbreeding In Beef Cattle: Evaluation Of Systems. **Journal Of Animal Science**, 51, 1224-1241, 1980.

GUIMARÃES PHS, MADALENA FE, CEZAR IM . Comparative economics of Holstein/Gir F1 dairy female production and conventional beef cattle suckler herds – A simulation study. **Agricultural Systems**, 88, 111-124, 2006.

HARRIS BL, FREEMAN AE . Genetic and Phenotypic Parameters for Type and Production in Guernsey Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, 75, 1147-1153.

JATON C, KOECK A, SARGOLZAEI M, MALCHIODI F, PRICE CA, SCHENKEL FS, MIGLIOR F. . Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. **Journal of Dairy Science**, 99:1-12, 2016.

KADARMIDEEN HN . Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. **Animal Science**, 79, 191-201, 1992.

KADARMIDEEN HN, MAZZONI G, WATANABE YF, STRØBECH L, BARUSELLI PS, MEIRELLES FV, CALLESEN H, HYTTEL P, FERRAZ JBS, NOGUEIRA MFG . Genomic selection of in vitro produced and somatic cell nuclear transfer embryos for rapid genetic improvement in cattle production. **Animal Reproduction**, 12, 389-396, 2015.

KASINATHAN P, WEI H, XIANG T, MOLINA JA, METZGER J, BROEK D, KASINATHAN S, FABER DC, ALLAN MF . Acceleration of genetic gain in cattle by reduction of generation interval. **Scientific Reports**, 5, 1-4, 2014.

KEHRLI JR ME, SCHMALSTIEY FC, ANDERSON DC, VANDERMAATEN MJ, HUGHES BJ, ACKERMANN MR, WILHELMSSEN CL, BRAUN GB, STEVENS MG, WHETSTONE CA. .. Molecular definition of the bovine granulocytopeny syndrome: Identification of deficiency of the Mac-1 (CD11b/CD18) glycoprotein. **American Journal of Veterinary Research**, 51, 1826-1836, 1990.

LAND RB, HILL WG . The possible use of superovulation and embryo transfer in cattle to increase response to selection. **Animal Science**, 21, -12, 1975.

LOHUIS MM. . Potential benefits of bovine embryo-manipulation technologies to genetic improvement programs. **Theriogenology**, 43, 51-60, 1995.

LUSH JL **Animal Breeding Plans**. Iowa State College Press, 443p, 1945.

MADALENA FE . Animal breeding and development – South American perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 171-172, 2012.

MCALLISTER AJ . Is Crossbreeding the Answer to Questions of Dairy Breed Utilization?. **Journal of Dairy Science**, 85, 2352–2357, 2002.

MCDOWELL RE . Crossbreeding in Tropical Areas with Emphasis on Milk, Health, and Fitness. **Journal of Dairy Science**, 68, 2418-2435, 1985.

MCPARLAND S, KEARNEY JF, RATH M, BERRY DP . Inbreeding Effects on Milk Production, Calving Performance, Fertility, and Conformation in Irish Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, 90, 4411– 4419, 2007.

MERTON JS, ASK B, ONKUNDI DC, MULLAART E, COLENBRANDER B, NIELEN M. . Genetic parameters for oocyte number and embryo production within a bovine ovum pick-up-in vitro production embryo-production program. **Theriogenology**, 72, 885-893, 2009.

MEUWISSEN THE . Maximizing the Response of Selection with a Predefined Rate of Inbreeding. **Journal of Animal Science**, 75(4), 934-940, 1997.

MIGLIOR F, BURNSIDE EB, DEKKERS M. 1995. Non-additive genetic effects and inbreeding depression for somatic cell counts in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, 78, 1168–1173, 1995.

MIGLIOR F, VAN DOORMAAL BJ, KISTEMAKER G . Phenotypic analysis of inbreeding depression for traits measured in Canadian dairy cattle breeds. http://www.cdn.ca/Articles/GEBMAY2008/Industry_Session_Agenda-May2008.pdf., 2008.

NICHOLAS FW . Genetic improvement through reproductive technology. **Animal Reproduction Science**, 42, 205-214, 1996.

NORMAN HD, POWELL RL, WRIGHT JR, CASSEL BG . Phenotypic and Genetic Relationship Between Linear Functional Type Traits and Milk Yield for Five Breeds. **Journal of Dairy Science**, 71, 1880—1896, 1988.

PANETTO JCC, SILVA MVGB, VERNEQUE RS, MACHADO MA, FERNANDES AR, MARTINS MF, REIS DRL, ARBEX WA, DE OLIVEIRA JC, VENTURA HT, PEREIRA MA (2020) Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro- Sumário Brasileiro de Touros- Teste de Progênie de Touros-Maio 2020. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2020. 103 p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 244), 2020.

PEIXOTO MGCD, PEREIRA CS, BERGMANN JAG, PENNA VM, FONSECA CG. . Genetic parameters of multiple ovulation traits in Nellore females. **Theriogenology**, 62,1459-1464, 2004.

PEREZ BC, BALIEIRO JCC, JUNIOR GAO, ANDRIETTA LT, VIZONÁ RG, VENTURA RV, BRUNELI FAT, PEIXOTO MGCD.. State of inbreeding and genetic trends for estimated breeding values in IVF embryos and oocyte donors in the Brazilian Guzerá cattle. **Theriogenology**, 125,71-78, 2019.

PEREZ BC, SILVA FF, VENTURA RV, BRUNELI FAT, BALIEIRO JCC, PEIXOTO MGDC. . Count Bayesian models for genetic analysis of in vitro embryo production traits in Guzerá cattle. **Animal**, 11,1440-1448, 2017.

PÉREZ-CABAL MA, GARCÍA C, GONZÁLEZ-RECIO O, ALENDIA R . Genetic and Phenotypic Relationships Among Locomotion Type Traits, Profit, Production, Longevity, and Fertility in Spanish Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, 89, 1776-1783, 2006.

PONTES JHF, SILVA KCF, BASSO AC, RIGO AG, FERREIRA CR, SANTOS GMG, SANCHES BV, PORCIONATO JPF, VIEIRA PHS, FAIFER FS, STERZA FAM, SCHENK JL, SENEDA MM. . Large-scale in vitro embryo production and pregnancy rates from *Bos taurus*, *Bos indicus*, and *indicus-taurus* dairy cows using sexed sperm. **Theriogenology**, 74, 1349-1355, 2010.

PORTO-NETO LR, REVERTER A, PRAYAGA KC, CHAN EKF, JOHNSTON DJ, HAWKEN RJ, FORDYCE G, GARCIA JF, SONSTEGARD TS, BOLORMAA S, GODDARD ME, BURROW HM, HENSHALL JM, LEHNERT SA, BARENDSE W . The Genetic Architecture of Climatic Adaptation of Tropical Cattle. **PLoS ONE**, 9(11), 2014.

PRYCE J E, COFFEY MP, BROTHERSTONE S. .. The Genetic Relationship between Calving Interval, Body Condition Score and Linear Type and Management Traits in Registered Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 83, 2664-2671, 2000.

PRYCE JE, HAILE-MARIAM M, GODDARD ME, HAYES BJ . Identification of genomic QUEIROZ, S. e R. LÔBO .. Genetic relationship, inbreeding and generation interval in registered Gir cattle in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 110(1-6): 228-233, 1993.

regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy

REIS FILHO JC, VERNEQUE RS, TORRES RA, LOPES PS, RAIDAN FSS, TORAL FLB . Inbreeding on productive and reproductive traits of dairy Gyr cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 44(5), 174-179, 2015.

ROBERTSON A, O'CONNOR LK, EDWARDS J Progeny testing dairy bulls at different management levels. **Animal Science**, 2, 141-152, 1960.

ROBERTSON, A . Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetics Research** 2, 189-194, 1961.

ROYAL MD, PRYCE JE, WOOLLIAMS JA, FLINT APF . The Genetic Relationship between Commencement of Luteal Activity and Calving Interval, Body Condition Score, Production, and Linear Type Traits in Holstein-Friesian Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 85, 3071–3080, 2002.

RUPP R, BOICHARD D . Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 82, 2198–2204, 1999.

SALES JNS, IGUMA LT, BATISTA RI PT , QUINTÃO CCR, GAMA MAS, FREITAS C, PEREIRA MM, CAMARGO LSA, VIANA JHM, SOUZA JC, BARUSELLI PS. . Effects

of a high-energy diet on oocyte quality and in vitro embryo production in *Bos indicus* and *Bos taurus* cows. **Journal of Dairy Science**, 98, 3086–3099, 2015.

SAMORÉ AB, RIZZI R, ROSSONI A, BAGNATO A . Genetic parameters for functional longevity, type traits, somatic cell scores, milk flow and production in the Italian Brown Swiss. **Italian Journal of Animal Science**, 9, 145-152, 2010.

SEIDEL JR GE. . Superovulation and Embryo Transfer in Cattle. **Science**, 211, 351-358, 1981.

SEWALEM A, KISTEMAKER GJ, MIGLIOR F, VAN DOORMAAL BJ . Analysis of Inbreeding and Its Relationship with Functional Longevity in Canadian Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 89, 2210–2216, 2006.

SEWALEM A, KISTEMAKER GJ, VAN DOORMAAL BJ. (2005) Relationship between type traits and longevity in Canadian Jerseys and Ayrshires using a Weibull proportional hazards model. **Journal of Dairy Science**, 88, 1552–1560, 2005.

SHANKS RD, DOMBROWSKI DB, HARPESTAD GW, ROBINSON JL. . Inheritance of UMP synthase in dairy cattle. **Journal of Heredity**, 75, 337-340, 1984.

SMITH LA, CASSELL BG, PEARSON RE . The Effects of Inbreeding on the Lifetime Performance of Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 81, 2729–2737, 1998.

THOMASEN JR, WILLAM A, EGGER-DANNER C, SØRENSEN AC . Reproductive technologies combine well with genomic selection in dairy breeding programs. **Journal of Dairy Science**, 99, 1331–1340, 2015.

THOMPSON JR, EVERETT RW, HAMMERSCHMIDT NL .. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 83, 1856-1864, 2000.

VALLIMONT JE, DECHOW CD, DAUBERT JM, DEKLEVA MW, BLUM JW, BARLIEB CM, LIU W, VARGA GA, HEINRICHS AJ, BAUMRUCKER CR. . Genetic parameters of feed intake, production, body weight, body condition score, and selected type traits

of Holstein cows in commercial tie-stall barns. **Journal of Dairy Science**, 93, 4892–4901, 2010.

VAN VLECK LD . Potential genetic impact of artificial insemination, sex selection, embryo transfer, cloning and selfing in dairy cattle. In **New Technologies in Animal Breeding**, ed. B. G. Seidel Jr. & S. M. Seidel. Academic Press, London, pp. 22142, 1981.

VEERKAMP RF, BROTHERSTONE S, . Genetic correlations between linear type traits, food intake, live weight and condition score in Holstein Friesian dairy cattle. **Animal Science**, 64, 385-392, 1997.

VIANA JHM. . 2018 Statistics of embryo production and transfer in domestic farm animals. **Embryo Transfer Newsletter**, 2019, v36, 2019.

WIGGANS GR, VANRADEN PM, ZUURBIER J . Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 78, 1584-1590,1995

WOOLLIAMS JA, WILMUT I . Embryo manipulation in cattle breeding and production. **Animal Science**, 48, 3-30, 1989.

WRIGHT JM . Non-surgical Embryo Transfer in Cattle Embryo-Recipient Interactions. **Theriogenology**, 15 (1), 43-56, 1981.

WRIGHT S Mendelian Analysis of the Pure Breeds of Livestock: I. The Measurement of Inbreeding and Relationship. **Journal of Heredity**, 14, 339–348,1927.

ZINK V, LASSEN J, STIPKOVA M . Genetic Parameters Of Female Fertility And Udder Conformation Traits In The Czech Holstein Cattle Population.In: **9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Leipzig, Alemanha, 193, 2011.

2. CAPÍTULO 1. ANÁLISE GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CONFORMAÇÃO E ESTRUTURA DA SUBPOPULAÇÃO DE VACAS FENOTIPADAS EM BOVINOS DA RAÇA GIR LEITEIRO.

Rafael Guimarães Vizoná¹; Bruno da Costa Perez²; Aníbal Eugenio Vercesi Filho⁴; Ricardo Vieira Ventura¹; Julio Cesar de Carvalho Balieiro¹

¹ Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Pirassununga, SP, Brasil.

² Universidade de São Paulo, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Pirassununga, SP, Brasil.

³ Instituto de Zootecnia (IZ), CAPTA Bovinos de Leite, Nova Odessa, SP, Brasil

RESUMO: em populações bovinas sob avaliação genética baseada em blup, como o caso da raça gir leiteiro, menos touros são usados ao longo do tempo, tornando preocupante o controle entre a relação genética dos indivíduos. As características de conformação estão geneticamente correlacionadas com a produção de leite, longevidade e saúde dos animais e também são afetadas pelo aumento da frequência de alelos homozigotos, tornando-o relevante avaliar os efeitos da endogamia sobre as mesmas. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos e o efeito do aumento do coeficiente de endogamia (f) nas características de conformação, além de descrever a subpopulação de vacas fenotipadas no programa de melhoramento da raça gir leiteiro. Um conjunto de dados contendo registros para 15 características de conformação de um total de 3.800 vacas foi analisado. O arquivo de pedigree utilizado para o cálculo de f continha 44.318 animais. As estimativas de herdabilidade (h^2) variaram de 0,04 a 0,50, nas quais as características da estrutura corporal apresentaram maiores h^2 . Efeitos relevantes da depressão endogâmica foram detectados na maioria das características analisadas, especialmente para -0,130 (pt) e 0,018 (lis). Com um coeficiente de endogamia médio de 1,30% e uma relação de parentesco médio entre indivíduos de 1,91%, além de um aumento nas taxas médias anuais desse parentesco entre animais. As características relacionadas à estrutura corporal apresentaram maiores herdabilidades, seguidos pelas características de conformação de úbere e pernas e pés. Os efeitos de f mais significativos também seguiram essa ordem. Mais esforços devem ser destinados para que uma estratégia mais ampla de coleta de dados para características de conformação na população de gado gir leiteiro seja feita, a fim de evitar a representação excessiva de poucas famílias específicas no conjunto de dados e consequentemente um possível viés nas avaliações genéticas causadas pela fenotipagem seletiva.

Palavras-chave: zebu leiteiro, características morfológicas, depressão endogâmica.

ABSTRACT: in bovine populations under blup-based genetic evaluation, such as the dairy gyr cattle, less sires are used over time, turn control of average genetic relationship between individuals into a major concern. Conformation traits are

genetically correlated to milk production, longevity and health of animals, and that they are also affected by the increase of the frequency of homozygous alleles, making it relevant to assess the effects of inbreeding. The objective of this study was to estimate genetic parameters and the effect of the increase in the coefficient of inbreeding (f) on conformation traits, as well as describe the sub-population of phenotyped cows in the dairy gir breeding program. A dataset containing records for 15 conformation traits from a total of 3,800 cows was analysed. The pedigree file used for the calculation of f contained 44,318 animals. Heritability estimates varied from 0.04 to 0.50, in which body structure traits had the higher. Relevant inbreeding depression effects were detected over the majority of analyzed traits specially for -0.130 (tp) and 0.018 (iw). With an average inbreeding coefficient of 1.30 % and an average numerator relationship between individuals of 1.91% in addition to an increase in the average annual rates of relationship between animals. Traits related to body structure showed higher heritabilities, followed by conformation characteristics of udder and legs and feet. The most significant f effects, also followed this order of group traits. More efforts should be put into a wider data collection strategy for conformation traits in dairy gyr cattle population in order to prevent over-representation of specific families in the dataset and possible bias in genetic evaluations caused by selective phenotyping.

Keywords: dairy zebu, type traits, type traits, inbreeding depression.

2.1 INTRODUÇÃO

O gado Gir Leiteiro desempenha um papel importante na manutenção da produção leiteira nos trópicos, sendo usado tanto como raça pura quanto em cruzamentos. No Brasil, esta raça está sob seleção para melhorar sua a produção de leite por meio de um programa nacional de melhoramento animal (PNMGL), conduzido pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e pela Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL) desde 1985. Considerando sua selecção quase que unicamente regional, apenas com recentes exportações para outros países das regiões da América Latina e do Caribe, há uma preocupação constante com a frequência de acasalamentos endogâmicos, principalmente quando se considera que seu tamanho efetivo é reduzido (FARIA et al., 2009; SANTANA Jr. et al., 2014).

O coeficiente de endogamia (F) pode ser descrito como a probabilidade de que dois alelos de um indivíduo sejam idênticos e tenham origem em um ancestral comum de seus pais, ou seja, entrando em estado de homozigose pela mesma origem parental (FALCONER e MACKAY, 1996), sendo uma ferramenta freqüentemente usada para quantificar a magnitude da endogamia praticada em populações de bovinos. O aumento da endogamia em uma população pode ser responsável pela redução da variação genética dentro de grupos (ou família) (FRANKHAM et al., 2005), o que pode resultar em uma resposta prejudicada à seleção. Valores extremos de F também foram associados à chamada "depressão endogâmica" (DICKERSON, 1963), resultando no impacto do aumento da frequência de loci em homozigotos na expressão fenotípica de características quantitativas (KRISTENSEN et al., 2005). A depressão endogâmica tem sido descrita na literatura como uma causa do aumento da taxa de problemas reprodutivos e comprometimento de características de produção em populações de *Bos Taurus* (GONZÁLEZ-RECIO et al., 2007, ROKOUEI et al., 2010) e *Bos indicus* (PEREIRA et al., 2016). Além disso, em populações pequenas sob seleção, é cada vez mais difícil evitar o acasalamento endogâmico (GUTIERREZ et al., 2003), sendo uma grande preocupação o controle da relação genética entre os indivíduos.

Associações genéticas favoráveis foram observadas entre características morfológicas e produção de leite (WALL et al., 2005; DE HAAS et al., 2007; SAMORÉ et al., 2010), saúde (CHAPINAL et al., 2013; ODEGARD et al., 2014), fertilidade (BERRY et al., 2004), longevidade (PÉREZ-CABAL et al., 2006) e de ingestão de alimento (VEERKAMP et al., 1997; BILAL et al., 2016). Com base nos resultados observados, é possível inferir que regiões genômicas semelhantes influenciam características morfológicas, produtivas e reprodutivas.

Alguns autores observaram principalmente efeitos negativos do aumento de F sobre características morfológicas (CROQUET et al., 2006; MCPARLAND et al., 2007; BIFFANI et al., 2002; SMITH et al., 1998; BJELLAND et al., 2013; MISZTAL et al., 1997; MIGLIOR et al., 2008) em vacas *Bos taurus*. No entanto, ainda não existem relatos na literatura sobre os efeitos da endogamia em tais características em populações de gado Zebu Leiteiro, como na raça Gir. Assim, investigar a magnitude da depressão endogâmica sobre características de conformação pode ajudar a avaliar

possíveis efeitos indiretos sobre o desempenho produtivo e reprodutivo no futuro de animais da raça Gir Leiteiro.

No presente estudo, objetivamos estimar parâmetros genéticos e efeito do aumento de F nas características morfológicas e avaliar a estrutura da subpopulação fenotipada de vacas da raça Gir Leiteiro.

2.2 MATERIAIS E MÉTODOS

2.2.1 Dados

O conjunto de dados considerado para a análise continha registros de características lineares de 3.800 vacas leiteiras, coletadas entre os anos de 1992 e 2018, cedidas pela Associação Brasileira de Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL). Foram considerados registros fenotípicos de 15 características morfológicas, sendo que 7 características de estrutura corporal (CEC): Altura de Garupa (AG), Perímetro Torácico (PT), Comprimento Corporal (CC), Comprimento da Garupa (CG), Largura entre ísquios (LIS), Largura de Garupa (LG) e Ângulo de Garupa (AG); cinco características de conformação de úbere (CCU): Inserção de Úbere Anterior (IUA), Largura de Úbere Posterior (LUP), Profundidade de Úbere (PU), Comprimento de Tetos (CT) e Diâmetro de Tetos (DT); e 3 características de conformação de pernas e pés (CPP): Ângulo do Casco (AC), vista lateral das pernas (PPL) e vista traseira das pernas (PPT) a definição de cada característica está exposta na Figura 1.1. As estatísticas descritivas das características são apresentadas na Tabela 1. Antes das análises propostas, as observações maiores ou menores que 3,5 desvios-padrão da média foram eliminadas do conjunto de dados. Para todas as vacas que tiveram mais de uma observação no conjunto de dados, apenas a primeira observação (em menor idade) foi mantida. No conjunto de dados final, a idade dos animais na medição variou de 2 a 16 anos.

Figura 1.1. Definição das características morfológicas da raça Gir Leiteiro

Altura de Garupa (A), Perímetro Torácico (B), Comprimento Corporal (C), Comprimento de Garupa (D), Largura entre Isquios (E), Largura de Garupa (F), Ângulo de Garupa (G), Inserção de Úbere Anterior (H), Largura de Úbere Posterior (I), Profundidade de Úbere (J), Comprimento de Tetos (K), Diâmetro de Tetos (L), Ângulo de Cascos (M), Vista Lateral de Pernas (N) e Vista traseira de Pernas (O).

Tabela 1. Estatística descritiva das características morfológicas avaliadas na raça Gir Leiteiro.

CARACTERÍSTICAS	ID	N	Mín	Máx	Média	Mediana	DP
ESTRUTURA CORPORAL							
ALTURA DE GARUPA ¹	AG	3777	119	156	137.6	137	5.1
PERÍMETRO TORÁCICO ¹	PT	3754	141	209	176.5	176	9.2
COMPRIMENTO CORPORAL ¹	CC	3774	80	128	104.3	104	6.8
COMPRIMENTO DE GARUPA ¹	CG	3798	28	59	43.5	44	4.6
LARGURA ENTRE ÍSQUIOS ¹	LIS	3772	10	27	17.9	18	2.7
LARGURA DE GARUPA ¹	LG	3780	32	62	47.2	48	4.3
ÂNGULO DE GARUPA ²	ANG	2495	9.6	48	27.4	27.4	6
CONFORMAÇÃO DE ÚBERE							
INSERÇÃO DE ÚBERE ANTERIOR ³	IUA	1665	1	9	4.8	5	1.9
LARGURA DE ÚBERE POSTERIOR ³	LUP	2443	1	9	5.2	5	1.8
PROFUNDIDADE DE ÚBERE ³	PU	1825	1	9	5	5	1.8
COMPRIMENTO DE TETOS ¹	CT	3735	2.4	13	7.4	7.1	1.7
DIÂMETRO DE TETOS ¹	DT	1832	1	7.11	3.8	3.7	1.1
CONFORMAÇÃO DE PERNAS E PÉS							
ÂNGULO DE CASCOS ²	AC	3622	30	60.4	44.6	45	4.6
POSIÇÃO LATERAL DE PERNAS ³	PPL	2542	1	9	5.1	5	1.2
POSIÇÃO TRASEIRA DE PERNAS ³	PPT	2544	1	9	4.8	5	0.9

1= Característica expressa em cm; 2=Característica expressa em ângulo; 3=Característica expressa em score de 1 a 9; ID = Abreviação da característica; N = número de observações; Mín = mínimo; Máx = máximo; DP=Desvio=Padrão

O arquivo completo de pedigree continha um total de 44.318 animais. Desses, 3.007 eram machos e 18.568 eram fêmeas. O número de indivíduos fundadores (com dois ancestrais diretos desconhecidos) foi de 10.655. O número médio de progênie por touro e vaca foi de 13,11 e 3,81, respectivamente. Para as análises relatadas no presente estudo, a matriz de relacionamento (HENDERSON, 1976) considerou 10 gerações de animais.

2.2.2 Análises de pedigree e estrutura populacional

Neste estudo, também buscamos investigar a estrutura da população de vacas com registro de fenótipo morfológico (contendo um total de 3.800 vacas); e sua relação com toda a população da raça Gir Leiteiro (44.318 animais). Para tanto, o coeficiente de endogamia e o relacionamento genético entre indivíduos foram

calculados usando um algoritmo descrito por Sargolzaei et al. (2005), que se baseia no método indireto proposto por Colleau (2002). Este método também pode calcular os coeficientes de parentesco médio entre animais e grupos, que foram calculados como a média dos coeficientes de relacionamento entre os animais do conjunto. As análises propostas foram realizadas utilizando o software CFC (SARGOLZAEI et al., 2006).

2.2.3 Estimativa de parâmetros genéticos

Parâmetros genéticos foram estimados para todas as 15 características de conformação usando univariada, foram avaliadas com base nos seguintes efeitos:

$$y_{ijkl} = \beta_0 + hy_i + class_j + \beta_1 age + \beta_2 age^2 + a_k + e_{ijk}, \quad [1]$$

onde y_{ijkl} representa a observação fenotípica de característica; β_0 é o intercepto; hy_i é o efeito sistemático das interações entre o rebanho / ano de nascimento do animal; $class_j$ é o efeito sistemático do classificador responsável pela mensuração da característica; $\beta_1 age$ and $\beta_2 age^2$ representam os coeficientes das covariáveis (linear e quadrática, respectivamente), idade no momento da coleta do fenótipo (em meses); a_m é o efeito aleatório do k-ésimo animal onde $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$, sendo A a matriz de relacionamento que conecta todos os animais presentes no arquivo de pedigree, e $e_{ijklmno}$ representa o termo residual aleatório, em que $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$.

Em notação matricial, o modelo bi-característica explícito pode ser expresso da seguinte maneira:

$$y = X\beta + Zu + e,$$

onde y é o vetor de observações fenotípicas para todas as características consideradas, assumidas como $y | \beta, u, G0, R0 \sim N(X\beta + Zu + R0 \otimes I)$; β é o vetor de todos os efeitos sistemáticos, assumidos como $\beta \sim N(0, \Sigma\beta \otimes I)$; u é o vetor de efeitos genéticos aditivos aleatórios, assumidos como: $a | G0, A \sim N(0, G0 \otimes A)$, sendo

A a matriz de relacionamento entre os animais e G_0 a matriz de (covariância genética aditiva); t é o efeito fixo do técnico. Além disso, assumiu-se que G_0 e R_0 seguem uma distribuição invertida de Wishart, $WI(v, V)$, com hiperparâmetros v e V . Da mesma forma, X , e Z são as matrizes de incidência dos efeitos sistemáticos e genéticos aditivos; e é o vetor residual, assumido como $e | R_0 \sim N(0, R_0 \otimes I)$, onde I e R_0 são, respectivamente, uma matriz identidade e a matriz de covariâncias residual.

2.2.4 Coeficientes de endogamia e estimativa da depressão por endogamia

O coeficiente de endogamia individual (F) foi calculado para todos os animais presentes no arquivo de pedigree utilizando o software CFC (Sargolzaei et al., 2006). O efeito do aumento do coeficiente de endogamia sobre características de conformação na raça Gir Leiteiro foi estimado incluindo o F do animal como um termo covariável no modelo [1].

$$y_{ijkl} = \beta_0 + hy_i + class_j + \beta_1 age + \beta_2 age^2 + \beta_3 F + a_k + e_{ijk},$$

no qual $\beta_3 F$ representa o efeito do coeficiente de endogamia como uma covariável (efeito linear).

2.2.5 Inferência

Todas as análises propostas neste estudo foram implementadas utilizando uma abordagem bayesiana. Assim, toda a inferência foi realizada através da análise da distribuição posterior dos parâmetros. De acordo com a regra de Bayes, a densidade posterior de todos os parâmetros é $p(y) \propto p(y|\theta)p(\theta)$, onde $\theta = \{\beta_0, \dots, a, \sigma_a^2, \sigma_e^2\}$ é a coleção de parâmetros do modelo para a característica avaliada, $p(\theta)$ representa a distribuição anterior para θ , $p(y|\theta)$ é a distribuição condicional dos dados (função de verossimilhança) e $p(y)$ é a distribuição à posteriori dos parâmetros. Portanto, a distribuição anterior para todos os parâmetros foi definida como:

$$p(\theta) \propto p(\sigma_a^2) p(\sigma_e^2), \text{ i.e.:}$$

$$p(\theta) \propto N(0, A\sigma_a^2)N(0, I\sigma_e^2)\chi^{-2}(df_a, S_a)\chi^{-2}(\sigma_e^2|df_e, S_e)$$

onde $\chi^{-2}(df, S)$ é uma distribuição qui-quadrado reversa escalada com graus de liberdade df e parâmetro de escala S .

As análises foram realizadas usando o software GIBBS1F90 (Misztal et al., 2002). Um total de 850.000 amostras foram geradas em uma única cadeia, assumindo um período de *burn in* de 250.000 amostras e um intervalo de *thinning* de 100 amostras. Assim, em todos os casos, foram realizadas inferência em mais de 6.000 amostras da distribuição *a posteriori*. A convergência das cadeias de Markov Monte Carlo foi verificada através da aplicação do critério Z de Geweke (Geweke, 1992) e do teste de Heidelberger e Walsh (1983) (resultados não mostrados), bem como pela inspeção visual da autocorrelação (entre e dentro da cadeia) e traçar gráficos, usando o pacote “coda” (Plummer et al., 2006) do software R (R Development Core Team, 2016).

2.3 RESULTADOS

2.3.1 Estrutura populacional

É apresentado na Figura 1.2 (A), o número de vacas com registro de fenótipo coletado por ano de nascimento, variando de 347 vacas nascidas antes de 1990 a 910 vacas nascidas após 2010. O número médio de fêmeas fenotipadas por ano de nascimento foi de 105.

O parentesco médio entre as fêmeas fenotipadas, entre as fêmeas fenotipadas e toda a população e entre toda a população está demonstrado na Figura 1.2 (B). Os resultados foram apresentados pelo ano de nascimento dos animais, a fim de manter a comparação entre indivíduos contemporâneos. O parentesco médio observado foi de 4,10%, 2,72% e 2,32%, respectivamente entre as fêmeas fenotipadas, fêmeas fenotipadas e população total e dentro da população como um todo. As médias anuais do parentesco das fêmeas fenotipadas variaram entre 1,84% (1991) a 7,58% (2015), de 0,36% (1991) a 6,98% (2015) para fêmeas fenotipadas entre a população completa e de 0,20% (1991) a 6,70% (2015) para os animais da população completa. Havendo, portanto, um acréscimo anual no parentesco médio dos indivíduos ao longo dos anos considerados.

A média anual de F e a porcentagem de fêmeas fenotipadas endogâmicas, estão apresentadas na Figura 1.2 (C). As médias observadas foram de 1,47% para a média F e 57% para a porcentagem de animais endogâmicos por ano de nascimento. Os valores de F médio por ano de nascimento variaram de 0,92 % a 1,82 % e a porcentagem de animais endogâmicos variou de 25,3 a 81,3. Porcentagens de animais endogâmicos apresentam valores crescentes considerando o ano de nascimento das vacas, a média anual de F não apresentou a mesma tendência, indicando algum controle nesse parâmetro.

Figura 1.2: Número de fêmeas fenotipadas por data de nascimento (A), parentesco médio entre as fêmeas com fenótipo coletado [PHENpop x PHENpop], entre as fêmeas da população de Gir leiteiro [ALLpop x ALLpop], entre as fêmeas da população de gir leiteiro e fêmeas fenotipadas [PHENpop x ALLpop] por data de nascimento (B), F médio e porcentagem de animais endogâmicos na subpopulação de fêmeas fenotipadas por data de nascimento (C).

A frequência de classes de F em vacas com fenótipo coletado e considerando toda a população da raça Gir Leiteiro, é apresentada na Figura 1.2. 8 características

(AG, PT, CC, CG, LIS, LG, CT e AC) tiveram a mesma porcentagem (42%) de animais com $F=0\%$, sendo ligeiramente inferior à essa classe de F na população total, de 43,7%. A proporção de animais sem F estimado diminui quando se considera conjuntos de animais com fenótipo coletado em animais em diferentes características morfológicas, até chegar a 24,9% presente em animais com o fenótipo IUA. As porcentagens de animais com F acima de zero e abaixo de 3,5% variaram de 40,7% da população total até 55,8% em animais com o fenótipo IUA. A variação de animais com F entre 3,5% e 7% foi de 9,8% da população total, chegando a 12,3% no conjunto de indivíduos com PU coletados. A variação de animais com F superior a 7% foi de 5,7% da população total até 7,5% nos animais com PU. A média de F da população total foi de 1,30%. Entre os animais com conjuntos de características morfológicas coletadas, a média variou de 1,65% (AG, PT, CC, CG, LIS, LG, CT e AP) até 1,95% no conjunto de animais com PU coletados.

Figura 1.3. Distribuição das classes de F (0; 0 - 3,5; 3,5 - 7,00 e acima de 7,00) e F médio para as 15 características morfológicas estudadas e considerando toda a população da raça Gir Leiteiro.

AG=Altura de Garupa; PT= Perímetro Torácico; CC= Comprimento Corporal; CG= Comprimento da Garupa; LIS= Largura entre Ísquios; LG= Largura de Garupa; ANG= Ângulo de Garupa; IUA= Inserção

Anterior de Úbere; LUP= Largura Posterior de Úbere; PU= Profundidade de Úbere; CT= Comprimento de Tetos; DT= Diâmetro de Tetos; AP= Ângulo de Pés; PPL= Posição Lateral de Pernas; PPT= Posição Traseira de Pernas.

2.3.2 Parâmetros genéticos e efeitos da endogamia em características de conformação

As herdabilidades e efeitos de F estimados para as 15 características morfológicas estudadas, estão presentes na Figura 1.4. Foram consideradas apenas estimativas significativas nas quais os intervalos de HPD não incluíram o valor zero (0). Assim, para fins de discussão, foram consideradas apenas as características “significativas”. As correlações genéticas estimadas para as 15 características morfológicas estudadas, estão presentes na Figura A-1, presente no anexo 1 deste documento

Entre as CEC, os valores médios das estimativas de herdabilidade variaram de 0,12 (LIS) a 0,50 (AG), os valores médios do impacto de F sobre esse conjunto de características variaram de -0,123 (PT) até 0,018 (LIS), apenas LIS apresentou valor positivo de efeito médio de impacto de F de F, sendo este a única CEC que não apresenta valores significativos para o aumento de F sobre a sua expressão. A porcentagem dos fenótipos afetados pelo aumento de F variou de 0,011% até 0,194% para CC e ANG respectivamente. Quando se considera CCU, os valores médios de herdabilidade foram de 0,12 (LUP) a 0,44 (CT), os valores médios do impacto de F variaram de -0,024 (PU) a 0,11 (IUA), sendo considerados significativos e negativos em 4 (LUP, UD, CT e DT) de 5 características que compõem esse conjunto morfológico, no entanto, a porcentagem de fenótipos afetados pelo aumento de F não passou de 0,01% em nenhuma das CCU. Os valores médios de herdabilidade relatados para as CCPP foram de 0,04 (PPT) até 0,19 (PPL), os valores médios do impacto pelo aumento de F foram de -0,04 (AP) até 0,01 (PPT), mas nenhum dos FLT teve valores do efeito F considerados significativo.

Em geral, todos os escores Z do teste de Geweke variaram entre -2,0 e 2,0. Os valores de autocorrelação no lag50 (Lag50) foram todos realmente baixos, variando de -0,122 (LUP) a 0,041 (CC) na estimativa de herdabilidade e de -0,036 (LUP) a 0,030 (PPL) no efeito F.

Figura 1.4: Média e intervalos à posteriori (5% | 95%) da distribuição à posteriori da herdabilidades, Média e intervalos à posteriori (5% | 95%) da distribuição à posterior do efeito estimado de F sobre características morfológicas, porcentagem da média fenotípica representada pelo efeito de F estimado (%).

AG=Altura de Garupa; PT= Perímetro Torácico; CC= Comprimento Corporal; CG= Comprimento da Garupa; LIS= Largura entre Ísquios; LG= Largura de Garupa; ANG= Ângulo de Garupa; IUA= Inserção Anterior de Úbere; LUP= Largura Posterior de Úbere; PU= Profundidade de Úbere; CT= Comprimento de Tetos; DT= Diâmetro de Tetos; AP= Ângulo de Pés; PPL= Posição Lateral de Pernas; PPT= Posição Traseira de Pernas.

2.4 DISCUSSÃO

No presente estudo, relatamos uma visão geral dos aspectos genéticos para características de conformação em bovinos Gir Leiteiro sob seleção genética para produção de leite, bem como a estrutura da subpopulação fenotipada de vacas dessa raça. Apesar de um programa nacional de melhoramento em execução há 35 anos, o número de vacas com características de conformação medidas ainda é reduzido quando comparado a outras características, como a produção de leite (PANETTO et al, 2020). Isso explica a complexidade da coleta de dados no sistema de produção de leite no Brasil.

Algumas características que contribuem para esse comprometimento de uma coleta de dados mais ampla são: (1) o tamanho do Brasil como país (8.510.295.914

km² (IBGE, 2020)), com ecossistemas altamente repletos de diversidades e funcionalidades distintas (MARTINELLI et al., 2010) (2) a quantidade de diferentes sistemas de produção adotados pelos produtores de leite, (3) aspectos logísticos e a escassez de funcionários bem treinados. Entendemos que esses aspectos são muito mais amplos e merecem uma discussão muito mais profunda do que somos capazes de fazer neste estudo. No entanto, é importante ressaltar que existem restrições e, mesmo se tentarmos alcançar o que é possível, sempre haverá espaço para discussão sobre as estratégias propostas.

Pereira et al., 2012 relataram uma frequência média de 444 vacas Gir Leiteiras de primeira lactação aferida, superior às 105 fêmeas observadas com registros de fenótipo morfológico no presente estudo (Figura 1.2 (A)). Concluindo que apenas um quarto das fêmeas Gir leiteiro que concluem a primeira lactação tiveram as suas características morfológicas aferidas. A frequência de fêmeas fenotipadas por ano, é bem distante do aumento do nascimento de animais dessa raça, relatado em Santana Jr et al., 2014 um aumento de 1.600 animais nascidos por ano antes de 2000 para 16.000 nascidos após 2000. Essa falta de cobertura da coleta de fenótipos relacionados à morfologia na maioria dos animais nascidos por ano pode resultar na restrição de uma subpopulação fenotipada que não corresponde à média real da raça. Observa-se mais evidências dessa subpopulação (Figura 1.2(B)) ao se comparar o parentesco médio entre vacas fenotipadas (4,09%) e entre esse subgrupo e a população como um todo (2,72%). Isso indica que vacas com registros válidos para características de conformação estão mais fortemente conectadas entre si do que com toda a população. A coleta de registros fenotípicos de maneira seletiva, com foco na fenotipagem de indivíduos de grupos bem conectados (geneticamente) (PSZCOLA et al., 2010, PEREZ et al., 2019) pode ser útil apenas quando a seleção é destinada a características de mensuração de alto custo (González-Récio et al., 2014). As características de conformação, no entanto, não representam altos custos de coleta e, portanto, uma coleta mais ampla é viável e indicada. Nesta situação de fenotipagem seletiva, há algumas preocupações a serem prestadas atenção. A coleta de fenótipos em animais de poucas famílias para análise genética, pode prejudicar a capacidade de estimar componentes de variância e, portanto, uma avaliação precisa da variação genética existente para essas características morfológicas e dos valores genéticos estimados na população Gir Leiteiro.

O aumento observado na porcentagem de animais endogâmicos dentro da subpopulação fenotipada (Figura 1.2 (C)) pode ser um reflexo do aumento do parentesco entre esse subgrupo, presente na Figura 1.2 (B), o que pode significar uma perda de variação genética dentro desse grupo (FALCONER e MACKAY, 1996). No entanto, a Média de F permaneceu controlada com o passar dos anos de nascimento nesse subgrupo (Figura 1.2 (c)), Santana et al., 2014 relataram na população brasileira completa de Gir Leiteiro as mesmas tendências de controle de F Médio, mostrando inclusive diminuição nos valores médios de F por ano de nascimento, refletindo que os criadores tendem a evitar altos níveis de endogamia no acasalamento, provavelmente praticando algum esquema de prevenção máxima de endogamia (MAI), proposto por Kimura e Crow (1963).

No entanto, também foram reportados pelo autor, valores crescentes de porcentagem de animais mais, bem como perda de diversidade genética, o que pode indicar que em uma população de tamanho e localização restritos, como o Gir Leiteiro, o controle da endogamia deve levar em consideração uma manutenção mais efetiva da variabilidade, e apenas o MAI pode não ser suficiente, exigindo novas alternativas que considerem a relação entre os animais, bem como diferenças na contribuição dos fundadores para a estrutura da população (BALLOU e LACY, 1995). Atualmente, existe a possibilidade de usar informações genômicas para o controle de endogamia, sem que haja perdas nos ganhos genéticos (PRYCE et al., 2012). Essa alternativa pode ser levada em consideração, sabendo que as informações genômicas já são utilizadas como auxílio à seleção da população Gir Leiteiro no Brasil.

A porcentagem acima de 40% de animais com $F = 0$ relatada na figura 1.3, na população total e na maioria dos conjuntos de animais com fenótipo coletado, está bem acima dos valores relatados por Sewalem et al. (2006) em bovinos Ayrshire, Jersey e Holstein, onde 24 % dos animais se encontravam nessa, sem qualquer F estimado em diferentes datas de nascimento. Isso pode significar que, devido ao gado Gir Leiteiro estar sob uma seleção recente, as famílias de indivíduos com alto mérito genético podem ainda não estar conectadas, ainda mais quando se considera o longo intervalo de geração da raça, em torno de 9 anos (SANTANA Jr et al. al., 2014), 2 anos a mais que o gado holandês, relatado em Garcia-Ruiz et al. (2016) um intervalo de geração em torno de 7 anos, considerando o mesmo período de nascimento dos animais. O fato de a raça Gir Leiteiro ter sofrido importações mais frequentes com o

objetivo de manter maior variabilidade genética e aumentar o número de animais disponíveis para seleção, também pode ter influenciado esse alto percentual de animais sem F estimado, pois a conexão entre esses indivíduos inseridos na população atual de Gir Leiteiro no Brasil é tão baixa que o cálculo de F utilizado no presente estudo, não foi suficiente para estimar o F real ali existente.

O F médio de 1,30% observada no presente estudo, considerando a população completa, ficou abaixo dos 2,14 % reportados por Santana Jr. et al. (2014) em toda a população Gir Leiteiro. O período mais recente de ano de nascimento dos animais, considerado pelo autor (animais nascidos entre 2002 a 2010) em comparação ao presente estudo (animais nascidos a partir de 1980), pode ter influenciado na maior média de F relatada pelo mesmo, pelo fato dos animais nascidos mais recentemente estarem sob seleção por um período de tempo mais longo, aumentando a possibilidade de conexão entre suas famílias.

O conjunto de animais com registros fenotípicos apresentou um F médio de pelo menos 0,35% superior ao relatado para a população total (Figura 1.3), representando um aumento relativo de no mínimo 27%. O mesmo pode ser observado quando se considera o fenótipo de produção de leite, sendo relatado em Reis Filho et al. (2015) valor de F médio de 2,82% se considerando fêmeas com esse fenótipo coletado. A diferença observada pode ser causada por um procedimento ineficaz de coleta de fenótipo, que restringe a coleta de dados a um número reduzido de rebanhos, que podem não ser uma boa representação de toda a diversidade genética presente na população de Gir Leiteiro.

Considerando que provavelmente ocorrerá acasalamentos direcionados entre touros e essas vacas com características de conformação mensuradas, devido à maior precisão de seus valores genéticos, há informações suficientes para sugerir que a probabilidade de ocorrência de acasalamentos endogâmicos no futuro aumentará na raça Gir leiteiro. Portanto, estratégias para realizar uma coleta de dados mais ampla, priorizando indivíduos de grupos distintos na população, devem ser investigadas, a fim de evitar tais situações a longo prazo.

2.4.1 Parâmetros genéticos e efeitos da endogamia sobre características de conformação

Devido à ausência de estudos envolvendo a estimativa do efeito do aumento de F sobre as características de tipo em gado zebuino, as discussões neste documento foram baseadas principalmente em estudos envolvendo raças de taurina. Entendemos que o Gir Leiteiro é uma raça importante para a manutenção de um sistema de produção leiteira em clima tropical, tanto como raça pura, como em cruzamentos, devido à sua adaptação aos trópicos e à sua imensa capacidade de produzir leite no pasto. A alternativa de produzir a F1 com raça européia especializada, produzindo assim animais com vigor híbrido advindo da heterose e apresentando maior resistência a parasitas e de maior produtividade (DOBZHANSKY, 1952) trouxe maior importância para a raça Gir Leiteiro no sistema de produção, se estabelecendo como raça formadora do composto tropical, juntamente com o gado holandês, responsável por 80% do leite produzido no Brasil, o Girolando (GUIMARÃES et al., 2006). Entretanto, o desempenho do F2 está bem abaixo do relatado na F1 (BARENDSE et al., 2007), tornando necessário manter as raças puras formadoras do composto sob seleção frequente a fim de tornar recorrente o cruzamento entre ambas. A falta de nutrição de qualidade durante a estação seca, a alta temperatura e a umidade durante a estação chuvosa, a alta demanda de água e os altos índices de parasitas e doenças infecciosas tropicais são alguns dos fatores citados por Porto-Neto et al (2014) como barreiras à alta produtividade de bovinos em ambientes tropicais. Portanto, há diferenças na importância dada às características morfológicas se tratado de animais inseridos nesse tipo de ambiente, onde todas as suas funcionalidades são testadas e o equilíbrio morfológico é fundamental, em comparação com animais criados em baias (BURROW, 2012).

2.4.1.1 Características de estrutura corporal (CEC)

Em geral, o conjunto de CEC apresentou estimativas de herdabilidade mais altas quando comparadas a outras características do presente estudo, o que está de acordo com o observado na literatura (MANZANILLA-PECH et al., 2016; WU et al., 2013; BERRY et al., 2004; WIGGANS et al., 2004). A herdabilidade estimada para

AG (0,50) estava na faixa de valores relatados por Wiggans et al (2004) em cinco diferentes raças leiteiras, com herdabilidades variando de 0,39 a 0,54. Estimativas semelhantes também foram reportadas em CDN, 2006 e Berry et al (2004), que reportaram herdabilidades de 0,53 e 0,43 para AG nas populações holandesas canadenses e irlandesas, respectivamente. No entanto, De Haas et al., 2007 reportou herdabilidade ainda maior (0,64 a 0,74) quando se considerou o fenótipo AG mensurado em centímetros em três raças leiteiras da Suíça, diferindo dos estudos anteriores onde o método usado em coleta é em escore dado por um técnico. Na raça Gir leiteiro, a coleta de AG também é via mensuração e expressa em centímetro, portanto, esperava-se uma variação maior desse fenótipo, seguindo os resultados reportado pelo autor, o que pode indicar que o banco de dados não cobre uma gama representativa de possíveis observações na população, podendo até indicar uma certa fenotipagem seletiva nesse subgrupo de animais com fenótipo coletado.

Valores semelhantes de herdabilidades para PT, foram reportados na literatura comparando o presente estudo (0,29). Mazza et al (2013) na raça italiana Rendena e CDN (2006) na raça Holandesa do Canadá, reportaram valores de herdabilidade de PT de 0,30 e 0,32, respectivamente. No entanto, a diferente definição do fenótipo de cada autor, pode tornar essa comparação equivocada, pelo fato da medida específica de perímetro torácico não ser frequentemente utilizada em programas de seleção de gado leiteiro, sendo utilizada por Mazza et al (2013) profundidade do tórax e por CDN (2006) profundidade do corpo.

Outro fenótipo de estudo que não é comumente usado como objetivo de criação em gado leiteiro, mas é utilizado como objetivo de seleção na raça Gir Leiteiro, é CC, tendo o seu valor de herdabilidade estimada relativamente baixa (0,16). Mazza et al (2013) reportou herdabilidade para CC na raça Rendena de 0,41, valor esse muito superior ao relatado no presente estudo. Essa diferença é ainda mais expressiva quando se leva em conta que o fenótipo utilizado pelo autor é medido via escores de 1 a 5, diferente da medida objetiva para o utilizado no presente estudo onde se espera maior dispersão, e pelo fato ainda da raça Rendena ser uma população pequena e com baixa distribuição geográfica. Podendo essa diferença ser novamente um reflexo de uma possível pré-seleção em animais sujeitos à coleta de fenótipo.

Os valores de herdabilidade relatados para LG (0,21) foram semelhantes aos valores reportados para a característica em de Wall et al. (2005), 0,22 em vacas da raça Frísio-Holandesa e por Wiggans et al (2004) onde houve variação de 0,18 a 0,35 em cinco raças leiteiras. Ainda é preciso se atentar ao fato dos autores também terem utilizado medidas via score, indicando que possivelmente os valores do presente estudo estão sendo subestimados por não haver uma grande fenotipagem da característica, se esperando uma estimativa de herdabilidade maior.

A herdabilidade estimada para ANG foi a mesma relatada por Manziilha-Pech et al. (2016) na subpopulação de gado Holstein nos EUA (0,20) e muito abaixo dos valores relatados pelo mesmo autor, considerando a subpopulação de Holstein na Holanda (0,40). Isso indica que, mesmo dentro da mesma raça, existem diferenças entre as pressões de seleção que podem causar maior esgotamento dos genes responsáveis pela expressão da característica, diminuindo a frequência dos mesmos na população e logo a estimativa de herdabilidade. Na raça Gir Leiteiro, essa menor variação pode ser devido a um processo de seleção natural em que animais com ângulo de garupa específico, tivessem maiores facilidades para a sua manutenção no ambiente ancestral, possivelmente por partos facilitados, sendo assim beneficiados em relação à outros, e portanto, reduzindo a variação dessa característica nas gerações futuras.

Parece haver maiores impactos do aumento de F sobre as CEC do que em outras características morfológicas estudadas, podendo ser observado pela magnitude das porcentagens das médias fenotípicas afetadas pelo aumento de F (Figura 1.3). Esses efeitos mais altos já poderiam ser previstos quando se leva em consideração que o aumento de F causa impactos mais evidentes na redução das características de adaptação e eficiência fisiológica (Falconer e Mackaay, 1996), o que indiretamente afeta CEC, pois comprometeria o desempenho do animal em adquirir sua estrutura corporal adequada. Croquet et al. (2006) reportou impactos negativos do aumento de F sobre as características relacionadas à estrutura corporal (AG, CG, LG e PT) em bovinos da raça Holandesa, detectando porcentagens semelhantes da média fenotípica representada pelo efeito do aumento de 1% de F sobre AG (0,035%), CG (0,010%), LG (0,014%) e PT (0,024%). McParland et al. (2007) também reportou efeitos negativos de aumento de F sobre AG e LG em vacas da raça Frísio- Holandesa. Misztal et al. (1997) reportou estimativas negativas para o

aumento de F sobre AG e PT em Holsteins, obtendo efeitos percentuais semelhantes ao presente estudo sobre a média fenotípica de para AG (-0,065%) e PT (-0,075%).

De todas as características da estrutura corporal analisadas, observou-se no presente estudo, uma maior magnitude para o efeito linear de F para ANG (-0,108), bem como maior percentual da média fenotípica representada pelo efeito estimado (0,194%). Os resultados encontrados na literatura para o impacto da F sobre a ANG são divergentes, pois Bjelland et al. (2013) reportou valores para o efeito do aumento de F sobre ANG em bovinos da raça Holstein de magnitude semelhante à observada no presente estudo. Já outros autores como Smith et al. (1998), Mc Parland et al. (2007) e Croquet et al. (2006), não relataram efeitos significativos do aumento de F em ANG. Essas populações de taurinas podem já ter tido a fixação de alelos nas regiões que expressam essa característica de tal maneira que não há variação entre os animais que possuem os mesmos alelos em homozigotos e heterozigotos, portanto os impactos de F são insignificantes sobre essa característica.

A magnitude das correlações genéticas relatadas na literatura entre algumas BST (AG, PT e LG) e produção de leite, peso corporal e consumo de matéria seca (BERRY et al., 2004; DE HAAS et al., 2007; HAILE-MARIAN et al., 2015 e VEERKAMP et al., 1997) sugerem que regiões genômicas semelhantes estão influenciando a expressão fenotípica de ambas. Portanto, é plausível inferir que os efeitos negativos estimados por um aumento da frequência de locos em homozigose nas regiões gênicas responsáveis pela expressão de características corporais, também irão impactar diretamente essas características. Eaglen et al. (2013) reportou correlação genética materna significativa entre facilidade de parto e LG (0,52), indicando que impactos negativos do aumento de F nessa característica, conforme sugerido no presente estudo, provavelmente afetam a facilidade de parto, o que resultará em perdas econômicas, devido desde à custos veterinários até ao abate involuntário de animais, prejudicando então o lucro total da operação.

Considerando a correlação genética de alta magnitude (-0,59) entre ANG e locomoção reportadas por Berry et al. (2004). Devido à ANG, ser a característica com

maior percentual do impacto de F em sua expressão (0,194%). Espera-se, portanto, que o aumento de F cause impactos na locomoção dos animais o que afeta diretamente indivíduos da raça Gir Leiteiro pelo fato de sistemas extensivos onde a raça está inserida, exigirem locomoção adequada para que se enfrente as grandes distâncias estabelecidas.

2.4.1.2 Características de Conformação de Úbere (CCU)

A IUA foi a característica com menor número de informações e, com a implementação mais recente no programa de melhoramento da raça, o seu valor da herdabilidade estimado neste estudo (0,18) foi semelhante aos valores de 0,16, 0,19, 0,21 e 0,22 reportados por Wiggans et al. (2004) nas respectivas raças Shorthorn, Jersey, Ayrshire e Pardo-Suíço. Portanto, mesmo com um conjunto de dados reduzido, foi possível estimar a variação da origem genética aditiva consistente com a literatura, devido a uma possível variância adequada das medidas de IUA em animais da raça Gir Leiteiro, mesmo com número reduzido de informações.

Os respectivos valores de herdabilidades estimados para LUP e PU de 0,12 e 0,15 foram inferiores aos valores reportados por DeGroot et al. (2002) em bovinos da raça Holandesa (0,30 para LUP e 0,23 para PU). Comparando com o estudo realizado por Gibson et al. (2018), o autor reportou valor de herdabilidade mais alto para PU (0,30) e semelhante ao presente estudo para LUP (0,15) em bovinos Pardo-Suíço. Haile-Mariam et al. (2015) reportou valores de herdabilidade para PU variando de 0,24 a 0,44 na raça Holandesa Australiana, ambos superiores ao valor relatado no presente estudo. Apesar dos valores mais baixos relatados no presente indicarem menor variação de origem genética aditiva, a pressão de seleção aplicada na raça Gir Leiteiro, não justifica uma perda dessa variabilidade tão grande em comparação às outras raças apresentadas. O fato dessas duas características terem mudado radicalmente as suas formas de coleta a partir de 2010, passando de escores de 1 a 5 para escores de 1 a 9, uma possível falta de conexão entre as novas e antigas medidas, mesmo com padronização dos dados, pode estar causando viés na estimativa final.

Os valores de herdabilidade relatados para CT (0,44) e DT (0,34) foram semelhantes aos valores descritos em Sorensen et al. (2010) usando escore de 1 a 9 para definir o fenótipo em Vermelho Dinamarques, Holandes e Jersey relatando tendo

reportado valores estimados de herdabilidades para CT de 0,40, 0,42, 0,47 e DT de 0,29, 0,33, 0,34 respectivamente. Corroborando com os resultados encontrados neste estudo e indicando que essas características apresentam variação genética aditiva consideradas de média a alta magnitude, mesmo se comparando raças inseridas em diferentes ambientes. Além disso, no caso da raça Gir Leiteiro, parece não haver pressão de seleção suficiente para que essa variação de origem genética tenha sido reduzida, uma vez que a medida fenotípica média de CT em animais Gir Leiteiros encontrados na Índia (7,28 cm reportado por Gaur et al. (2003) são semelhantes à média fenotípica da característica utilizada neste estudo (7,4 cm). Indicando que mesmo a raça sob seleção para melhorar a sua aptidão leiteira, não houve mudanças fenotípicas em relação à essa características quando se compara com o conjunto de animais que continuaram sob a sua seleção mais tradicional em território indiano.

IUA foi a única CCU onde não houve efeito significativo para o aumento de F sobre a sua expressão, pelo fato do intervalo de HPD passar por zero. Diferindo dos resultados apresentados em Mc Parland et al. (2007) e Biffani et al. (2002), onde houve efeito significativo e negativo para o aumento de F na expressão da característica. À primeira vista, pode se justificar que o número reduzido de informações disponíveis no presente estudo (1665) pode não ter sido suficiente para estimar efeitos significativos de impactos do aumento de F sobre IUA. Porém, também não foi reportado por Croquet et al. (2006) efeito significativo para o aumento de F sobre IUA, mesmo o autor ter a sua disposição número consideravelmente alto de informações de IUA, 64.498 medidas. Além disso, IUA foi a característica que apresentou menores perdas em vacas com F de 12,5% em vacas da raça Holandesa, em Smith et al. (1998). Portanto, entre as CCU, a expressão da IUA parece sofrer menos impactos com o aumento de F e o número de informações deste estudo parece ter sido suficiente para corroborar essa afirmação.

Apesar dos efeitos significativos observados para aumento de F em quatro das cinco características da estrutura do úbere consideradas no presente estudo, a magnitude desse efeito foi realmente baixa nas expressões fenotípicas dessas características consideradas (cerca de 0,0%). Este resultado indica que em geral, a conformação de úbere não é acentuadamente afetada pelo do F e consequente aumento da frequência de genótipos homozigotos em bovinos Gir Leiteiros.

Autores como Mrode et al. (1994) em Ayrshire; Samoré et al. (2010) em Pardo-Suiço Cattle e Harris et al. (1992) em Guernsey relataram correlações genéticas significativas variando de -0,54 a 0,50 entre a produção de leite, LUP e PU, o que sugere que os efeitos significativos de F nessas características podem afetar a produção de leite em bovinos Gir Leiteiros, devido à estreita relação entre os fenótipos. No entanto, vale ressaltar que a população Gir Leiteiro está sob forte seleção específica para a produção de leite, portanto, maiores ganhos genéticos nessa característica, podem de certa forma mascarar os impactos de F sobre a mesma. No entanto, a maior preocupação quando se considera o impacto significativo de F relatado no estudo para PU, se dá quando se leva em conta os resultados reportados por Caraviello et al. (2003), onde animais da raça Jersey que apresentaram conformações extremas de PU foram os mais propensos ao abate involuntário. Esse fenômeno provavelmente se deve à correlação genética observada entre PU e mastite clínica (RUPP et al., 1999 e BLOEMHOFF et al., 2009), onde muitas vezes não se justifica o tratamento para essa enfermidade, destinando os animais enfermos para o abate.

No presente estudo, foi detectado um impacto negativo para aumento de F sobre DT. A importância dessa característica para o gado Gir Leiteiro aumentou nos últimos anos, desde que foi adotado como padrão a ordenha mecânica por parte dos criadores. Apesar do efeito estimado ser realmente baixo na expressão da característica (representando cerca de 0,0001% da média fenotípica), o aspecto cumulativo desse aumento de F na população pode causar diminuição na expressão do fenótipo no futuro. Porém, a primeira vista, pode se imaginar que cruzamentos endogâmicos poderão auxiliar os criadores à produzirem animais mais adaptados à ordenha mecânica, pois a média da característica na raça Gir Leiteiro relatada neste estudo foi de 7,4 cm, 30% acima da média da raça Holandesa (5 cm) reportada em Heins et al. (2011) ainda que o autor considere somente animais acima de 3 lactações. Portanto, há uma real necessidade de adequação média desse fenótipo na raça Gir Leiteiro.

2.4.1.3 Características de conformação de pernas e pés (CCPP)

Os valores de herdabilidade de baixa magnitude relatados na literatura para a PPT foram semelhantes aos relatados no estudo (0,04), sendo reportado por Wright et al. (2013) na raça Pardo -Suíço, valor de herdabilidade de 0,06 e em Odegard et al. (2014) o valor de 0,09 em vacas vermelhas norueguesas. Isso indica que provavelmente se trata de uma característica em que sua expressão depende pouco da porção genética aditiva, portanto, além da seleção para o fenótipo levando em consideração o valor genético dos animais, é necessário manter apenas animais com boas conformações fenotípicas para essa característica no rebanho, para que haja uma maior frequência de genes favoráveis para a expressão da mesma, mesmo que os mesmos não atuem de forma aditiva.

A herdabilidade de 0,19 reportada no estudo para PPL foi semelhante aos valores reportados em Fatehi et al. (2010) de 0,21 e 0,20 em vacas holstein canadenses em sistemas intensivos e extensivos respectivamente; por Veerkamp et al. (1997), de 0,18 em bovinos da raça Frísio, e por e Berry et al. (2004), de 0,19 na raça Holandesa da Irlanda. Apesar dos valores de herdabilidade para PPL serem congruentes com os valores reportados na literatura quando se considera raças leiteiras européias, se esperava maior variação desse fenótipo na população da raça Gir Leiteiro, por uma seleção mais recente em comparação com as raças especializadas citadas. Esperando então, maiores valores de herdabilidade, bem como os valores reportados por Vargas et al. (2017) de 0,39, quando se considerou PPL como uma característica mensurada em 5 escores, em bovinos da raça Nelore, *Bos indicus indicus* com seleção natural de certa forma semelhante à raça Gir Leiteiro. Nesse caso então, a população com fenótipo coletado da raça Gir Leiteiro pode não estar cobrindo toda a dispersão dessa característica, reduzindo então a variabilidade da mesma e, portanto, sua herdabilidade.

Porém, não podemos deixar de considerar o fato de que pode ter ocorrido uma seleção primária na Índia, diferindo as raças Nelore e Gir leiteiro, devido as suas diferentes explorações comerciais (carne e leite), se fazendo necessário que, no caso do Gir Leiteiro, permaneçam nos rebanhos apenas animais com boas conformações de PPL, já diminuindo a variação do fenótipo antes que houvesse uma seleção com base nos valores genéticos. O mesmo pode ter ocorrido quando se considera o fenótipo AP, visto que a herdabilidade relatada no estudo de 0,06, foi inferior aos

valores reportados para a característica em Perez-Cabal et al. (2006) de 0,12 na raça Holandesa na Espanha; em Odegard et al. (2014) de 0,10 em vacas vermelhas norueguesas e por Berry et al. (2004) de 0,17 em vacas Holandesas da Irlanda.

Não foram relatados no presente estudo valores significativos para o aumento de F em CCPP (PPL, PPT e AP). Porém, valores negativos e significativos para o aumento de F em PPL foram reportados por Bjelland et al. (2003) e por Croquet et al. (2006) ambos considerando animais da raça Holandesa. Esse último autor também relatou valores negativos e significativos para o aumento de F sobre AP, assim como Miglior et al. (2008) reportou efeito significativo e negativo para aumento de F na característica em 6 das 7 raças estudadas. Ainda esse último autor reportando valores negativos e significativos para o aumento de F em PPL foram relatados em 4 das 7 raças analisadas. A natureza conflitante dos resultados apresentados nos estudos citados com os resultados do presente estudo, pode ser devido a uma possível fixação em homozigose dos genes responsáveis pela expressão de CCPP, na raça Gir Leiteiro, que pode ter sido submetida a uma intensa seleção natural, não sendo observado impactos do aumento de F sobre esse conjunto de característica.

2.5 CONCLUSÃO

A variação genética aditiva para algumas características de conformação foi menor nos bovinos Gir Leiteiro em comparação com os relatados em outras raças leiteiras.

O efeito de F relatado para essas características de conformação, mesmo de baixa magnitude, deve ser levado em consideração pelo efeito cumulativo e pelo provável aumento na média de F na população que, apesar de não ter sido demonstrada neste estudo, é esperado pela alta conexão a qual os animais da raça Gir Leiteiro estão sendo submetidos. Por esse motivo, planejamentos futuros devem ser feitos para não ocorrer depressão endogâmica, não apenas nas características de conformação, mas também nas características de produção e principalmente fertilidade. Os resultados do estudo mostram evidências de que a coleta de dados fenotípicos não está sendo capaz de cobrir uma amostra que represente toda a

diversidade genética presente na raça; essa falha em ampliar esse dimensionamento pode levar à redução da precisão dos valores genéticos e, conseqüentemente, ganhos genéticos no futuro.

2.6 REFERÊNCIAS

BALLOU JD, LACY RC. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations. - In: Ballou, J.D., Gilpin, N. & Foose, T.J. (Eds.); **Population management for survival and recovery**. New York, Columbia University Press, USA, pp. 273-294, 1995.

BARENDSE W, HARRISON BE, HAWKEN RJ, FERGUSON DM, THOMPSON JM. Epistasis between calpain 1 and its inhibitor calpastatin within breeds of cattle. **Genetics**, 176, 2601–2610, 2007.

BERRY DP, BUCKLEY F, DILLON P, EVANS RD, VEERKAMP RF. Genetic Relationships among Linear Type Traits, Milk Yield, Body Weight, Fertility and Somatic Cell Count in Primiparous Dairy Cows. **Irish Journal of Agricultural and Food Research**, 43, 161-176, 2004.

BIFFANI S, SAMORÉ AB, CANAVESI F. Inbreeding Depression For Production, Reproduction And Functional Traits In Italian Holstein Cattle. **7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, August 19-23, Montpellier, France, 2002.

BILAL G, CUE RI, HAYES JF. Genetic and phenotypic associations of type traits and body condition score with dry matter intake, milk yield, and number of breedings in first lactation Canadian Holstein cows. **Canadian Journal of Animal Science**, 96, 434 – 447, 2016.

BJELLAND DW, WEIGEL KA, VUKASINOVIC N, NKRUMAH JD. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. **Journal of Dairy Science**, 96, 4697–4706, 2013.

BLOEMHOF S, DE JONG G, DE HAAS Y. Genetic parameters for clinical mastitis in the first three lactations of Dutch Holstein cattle. **Veterinary Microbiology**, 134, 165–171, 2009.

BURROW HM. Importance of adaptation and genotype x environment interactions in tropical beef breeding systems. **Animal**, 6:5, 729–740, 2012.

CANADIAN DAIRY NETWORK-CDN. Heritability Estimates for Conformation Traits, CDN. https://www.cdn.ca/Articles/GEBOCT2011/10_hertiability.pdf, 2006.

CARAVIELLO DZ, WEIGEL KA, GIANOLA D. Analysis of the Relationship Between Type Traits, Inbreeding, and Functional Survival in Jersey Cattle Using a Weibull Proportional Hazards Model. **Journal of Dairy Science**, 86, 2984–2989, 2003.

CHAPINAL N, KOECK A, SEWALEM A, KELTON DF, MASON S, CRAMER G, MIGLIOR F (2013) Genetic parameters for hoof lesions and their relationship with feet and leg traits in Canadian Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, 96, 2596–2604, 2013.

COLLEAU JJ. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. **Genetics Selection Evolution**, 34, 409, 2002.

CÓRDOVA-IZQUIERDO A, VILLA-MANCERA A, OLIVARES JP, SÁNCHEZ-APARICIO P. Environmental Stress Effect on Animal Reproduction. **Open Journal of Animal Sciences**, 4, 79-84, 2014.

CROQUET C, MAYERES P, GILLON A, VANDERICK S, GENGLER N. Inbreeding Depression for Global and Partial Economic Indexes, Production, Type, and Functional Traits. **Journal of Dairy Science**, 89, 2257–2267, 2006.

DE HAAS Y, JANSS LLG, KADARMIDEEN HN. Genetic and phenotypic parameters for conformation and yield traits in three Swiss dairy cattle breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 124, 12–19, 2007.

DEGROOT BJ, KEOWN JF, VAN VLECK LD, MAROTZ EL. Genetic Parameters and Responses of Linear Type, Yield Traits, and Somatic Cell Scores to Divergent Selection for Predicted Transmitting Ability for Type in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 85, 1578–1585, 2002.

DICKERSON GE. Experimental evaluation of selection theory in poultry. In: **GENETICS TODAY, INT. CONGRESS OF GENETICS**, 11. The Hague, Holland, 9/1963. Proceedings 747-761, 1963.

DOBZHANSKY T. **Nature and origin of heterosis**. In: Gowen JW, editor. Heterosis. Ames, Iowa: Iowa State College Press, 1952.

EAGLEN SAE, COFFEY MP, WOOLLIAMS JA, WALL E (2013) Direct and maternal genetic relationships between calving ease, gestation length, milk production, fertility, type, and lifespan of Holstein-Friesian primiparous cows. **Journal of Dairy Science**, 96, 4015–4025.

FALCONER DS, MACKAY TFC. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Longman Scientific, New York, 1996.

FARIA FJC, FILHO AEV, MADALENA FE, JOSAHKIAN LA. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 126, 148–153, 2009.

FATEHI J, STELLA A, SHANNON JJ, BOETTCHER PJ. Genetic Parameters for Feet and Leg Traits Evaluated in Different Environments. **Journal of Dairy Science**, 86, 661–666, 2010.

FRANKHAM R. Genetics and Extinction. **Biological Conservation**, 126, 131-140, 2005.

GARCÍA-RUIZ A, COLE JB, VANRADEN PM, WIGGANS GR, RUIZ-LÓPEZ FJ, VAN TASSELL CP. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in

US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. **PNAS -Proceedings of the National Academy of Sciences**, 13(28), 3995-4004, 2016.

GAUR GK, KAUSHIK SN, GARG RC. The Gir cattle breed of India - characteristics and present status. **Animal Genetic Resources Information**, 33, 21-29, 2003.

GEWEKE J Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In **Bayesian statistics 4** (ed. JM Bernardo, JO Berger, AP Dawid and AFM Smith) 625–631. Clarendon, Oxford, 1992.

GIBSON KD, DECHOW CD. Genetic parameters for yield, fitness, and type traits in US Brown Swiss dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 101, 1251–1257, 2018.

GONZÁLEZ-RECIO O, COFFEY MP, PRYCE JE. On the value of the phenotypes in the genomic era. **Journal of Dairy Science**, 97, 7905–7915, 2014.

GONZÁLEZ-RECIO O, LÓPEZ DE MATURANA E, GUTIÉRREZ JP (2007) Inbreeding Depression on Female Fertility and Calving Ease in Spanish Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 90, 5744 –5752, 2007.

GUIMARÃES PHS, MADALENA FE, CEZAR IM. Comparative economics of Holstein/Gir F1 dairy female production and conventional beef cattle suckler herds – A simulation study. **Agricultural Systems**, 88, 111-124, 2006.

GUTIERREZ JP, ALTARRIBA J, DIAZ C, QUINTANILLA R, CAÑÓN J, PIEDRAFITA J (2003) Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetic Selection Evolution**, 35, 43–63, 2003.

HAILE-MARIAM M, PRYCE JE. Variances and correlations of milk production, fertility, longevity, and type traits over time in Australian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, 98, 7364–7379, 2015.

HARRIS BL, FREEMAN AE. Genetic and Phenotypic Parameters for Type and Production in Guernsey Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, 75, 1147-1153, 1992.

HEIDELBERGER P & WELCH PD. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. **Operations Research**, 31(6), 1109–144, 1983.

HEINS BJ, HANSEN LB, SEYKORA AJ, HAZEL AR, JOHNSON DG, LINN JG. Short communication: Jersey × Holstein crossbreds compared with pure Holsteins for production, mastitis, and body measurements during the first 3 lactations. **Journal of Dairy Science**, 94, 501–506, 2011.

HENDERSON CR (1976) A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, 32, 69 – 83, 1976.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Rio de Janeiro: IBGE. disponible in <https://www.ibge.gov.br/en/cities-and-states.html?view=municipio>., 2020.

KIMURA M, CROW JF. On the maximum avoidance of inbreeding. **Genetic Research**, 4, 399-415, 1963.

KRISTENSEN TN, SØRENSEN AC (2005) Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. **Animal Science**, 80, 121-133, 2005.

MANZANILLA-PECH CIV, DE HAAS Y, HAYES BJ, VEERKAMP RF, KHANSEFID M, DONOGHUE KA, ARTHUR PF, PRYCE JE. Genomewide association study of methane emissions in Angus beef cattle with validation in dairy cattle. **Journal of Animal Science**, 94, 4151–4166, 2016.

MARTINELLI LA, NAYLOR R, VITOUSEK PM, MOUTINHO P. Agriculture in Brazil: Impacts, costs, and opportunities for a sustainable future. **Current Opinion in Environmental Sustainability**, 2(5), 431-438, 2010.

MAZZA S, GUZZO N, SARTORI C, BERRY DP, MANTOVANI R. Genetic parameters for linear type traits in the Rendena dual-purpose breed. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, 1-9, 2013.

MC PARLAND S, KEARNEY JF, RATH M, BERRY DP. Inbreeding Effects on Milk Production, Calving Performance, Fertility, and Conformation in Irish Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, 90, 4411– 4419, 2007.

MIGLIOR F, VAN DOORMAAL BJ, KISTEMAKER G. Phenotypic analysis of inbreeding depression for traits measured in Canadian dairy cattle breeds. http://www.cdn.ca/Articles/GEBMAY2008/Industry_Session_Agenda-May2008.pdf, 2008.

MISZTAL I, LAWLOR TJ, GENGLER N. Relationships among estimates of inbreeding depression, dominance, and additive variance for linear traits in Holsteins. **Genetic Selection Evolution**, 29, 319-326, 1997.

MISZTAL I, TSURUTA S, STRABEL T, AUVRAY B, DRUET T, LEE D. BLUPF90 and related programs (BGF90) In: **7th World congress on Genetics applied to livestock production**, Montpellier, France. CD-ROM. Communication number 28-07, 2002.

MRODE RA, SWANSON GJT (1994) Genetic and phenotypic relationships between conformation and production traits in Ayrshire heifers. **Animal Science**, 58, 335-338, 1994.

ODEGARD C, SVENDSEN M, HERINGSTAD B. Genetic correlations between claw health and feet and leg conformation in Norwegian Red cows. **Journal of Dairy Science**, 97, 1–8, 2014.

PANETTO JCC, SILVA MVGB, VERNEQUE RS, MACHADO MA, FERNANDES AR, MARTINS MF, REIS DRL, ARBEX WA, DE OLIVEIRA JC, VENTURA HT, PEREIRA MA. National Breeding Program of Dairy Gir Cattle - Brazilian Summary of bulls - Progeny testing results – May 2020. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2020. 103 p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 244), 2020.

PEREIRA RJ, SANTANA JR ML, AYRES DR, BIGNARDI AB, VERCESI FILHO AE. Inbreeding depression in test-day milk yield of Gyr dairy cattle. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51, 751-758, 2016.

PEREIRA RJ, VERNEQUE RS, LOPES PS, SANTANA JR. ML, LAGROTTA MR, TORRES RA, VERCESI FILHO AE, MACHADO MA. Milk yield persistency in

Brazilian Gyr cattle based on a random regression model. **Genetic and Molecular Research**, 11 (2), 1599-1609, 2012.

PEREZ BC, BALIEIRO JCC, CARVALHEIRO R, TIRELO F, OLIVEIRA JUNIOR GA, DEMENTSHUK JM, ELER JP, FERRAZ JBS, VENTURA RVV. Accounting for population structure in selective cow genotyping strategies. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, 1–17, 2018.

PÉREZ-CABAL MA, GARCÍA C, GONZÁLEZ-RECIO O, ALENDA R. Genetic and Phenotypic Relationships Among Locomotion Type Traits, Profit, Production, Longevity, and Fertility in Spanish Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, 89, 1776–1783, 2006.

PÉREZ-CABAL MA, GARCIA C, GOZÁLEZ-RECIO O, ALENDA R. Genetic and Phenotypic Relationships Among Locomotion Type Traits, Profit, Production, Longevity, and Fertility in Spanish Dairy Cows. **Journal of Dairy Science**, 89, 1776–1783, 2006.

PLUMMER M, BEST N, COWLES K, VINES K. CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. **R News**, 6(1), :7–11.6-33, 2006.

PORTO-NETO LR, REVERTER A, PRAYAGA KC, CHAN EKF, JOHNSTON DJ, HAWKEN RJ, FORDYCE G, GARCIA JF, SONSTEGARD TS, BOLORMAA S, GODDARD ME, BURROW HM, HENSHALL JM, LEHNERT SA, BARENDSE W. The Genetic Architecture of Climatic Adaptation of Tropical Cattle. **PLoS ONE**, 9(11), 2014

PRYCE JE, HAYES BJ, GODDARD ME. Novel strategies to minimize progeny inbreeding while maximizing genetic gain using genomic information. **Journal of Dairy Science**, 95, 377–388, 2012.

PSZCZOLA M, MULDER HA, CALUS MPL. Effect of enlarging the reference population with (un)genotyped animals on the accuracy of genomic selection in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 94, 431–441, 2011.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>, 2009.

REIS FILHO JC, VERNEQUE RS, TORRES RA, LOPES PS, RAIDAN FSS, TORAL FLB. Inbreeding on productive and reproductive traits of dairy Gyr cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 44(5), 174-179, 2015.

ROKOU EI M, VAEZ TORSHIZI R, MORADI SHAHRBABAK M, SARGOLZAEI M, SØRENSEN AC (2010) Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. **Journal of Dairy Science**, 93, 3294–3302, 2010.

RUPP R, BOICHARD D. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell score, production, udder type traits, and milking ease in first lactation Holsteins. **Journal of Dairy Science**, 82, 2198–2204, 1999.

SAMORÉ AB, RIZZI R, ROSSONI A, BAGNATO A. Genetic parameters for functional longevity, type traits, somatic cell scores, milk flow and production in the Italian Brown Swiss. **Italian Journal of Animal Science**. 9, 145-152, 2010.

SAMORÉ AB, RIZZI R, ROSSONI A, BAGNATO A. Genetic Parameters for Functional Longevity, Type Traits, Somatic Cell Scores, Milk Flow and Production in the Italian Brown Swiss. Italian **Italian Journal of Animal Science**. 9, 145-152, 2010.

SANTANA JR ML, PEREIRA RJ, BIGNARDI AB, EL FARO L, TONHATI H, ALBUQUERQUE LG (2014) History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, 163, 26-33, 2014.

SANTANA JR. ML, PEREIRA RJ, BIGNARDI AB, EL FARO L, TONHATI H, ALBUQUERQUE LG. History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, 163, 2014.

SARGOLZAEI M, IWAISAKI H, COLLEAU JJ (2006) CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. **8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication** 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug, 13-18, 2006.

SARGOLZAEI M, IWAISAKI H, COLLEAU JJ. A fast algorithm for computing inbreeding coefficients in large populations. **Journal of Animal Breeding and Genetic**, 122, 325–331, 2005.

SEWALEM A, KISTEMAKER GJ, MIGLIOR F, VAN DOORMAAL BJ. Analysis of Inbreeding and Its Relationship with Functional Longevity in Canadian Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 89, 2210–2216, 2006.

SEWALEM A, KISTEMAKER GJ, VAN DOORMAAL BJ. Relationship between type traits and longevity in Canadian Jerseys and Ayrshires using a Weibull proportional hazards model. **Journal of Dairy Science**, 88, 1552–1560, 2005.

SMITH LA, CASSELL BG, PEARSON RE (1998) The Effects of Inbreeding on the Lifetime Performance of Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, 81, 2729–2737, 1998.

SØRENSEN MK, JENSEN J, CHRISTENSEN LG. Udder Conformation and Mastitis Resistance in Danish First-lactation Cows: Heritabilities, Genetic and Environmental Correlations. **Acta Agriculturae Scandinavica**, 50, 72–82, 2010.

VARGAS G, NEVES HHR, CARDOSO V, MUNARI DP, CARVALHEIRO R. Genetic analysis of feet and leg conformation traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, 95, 2379–2384, 2017.

VEERKAMP RF, BROTHERSTONE S. Genetic correlations between linear type traits, food intake, live weight and condition score in Holstein Friesian dairy cattle. **Animal Science**, 64, 385–392, 1997.

WALL E, WHITE MS, COFFEY MP, BROTHERSTONE S. The Relationship Between Fertility, Rump Angle, and Selected Type Information in Holstein-Friesian Cows. **Journal of Dairy Science**, 88, 1521–1528, 2005.

WIGGANS GR, GENGLER N, WRIGHT JR. Type trait (co)variance components for five dairy breeds. **Journal of Dairy Science**, 87, 2324–2330, 2004.

WRIGHT JR, WIGGANS GR, MUENZENBERGER CJ, NEITZEL RR. Short communication: Genetic evaluation of mobility for Brown Swiss dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 96, 2657–2660, 2013.

WU X, FANG M, LIU L, WANG S, LIU J, DING X, ZHANG S, ZHANG Q, ZHANG Y, QIAO L, LUND MS, SU G, SUN D. Genome wide association studies for body conformation traits in the Chinese Holstein cattle population. **BMC Genomics**, 14, 897- 907, 2013.

3. CAPÍTULO 2. ANÁLISE GENÉTICA DE PRODUÇÃO *IN VITRO* EMBRIÕES EM BOVINOS GIR LEITEIROS.

Rafael Guimarães Vizoná¹; Bruno da Costa Perez²; Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto³; Joao Henrique Viana⁴; Ricardo Vieira Ventura¹; Aníbal Eugenio Vercesi Filho⁵; Julio Cesar de Carvalho Balieiro¹

¹*Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brazil.*

²*Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brazil.*

³*Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brazil.*

⁴*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brazil*

⁵*Instituto de Zootecnia (IZ), CAPTA Bovinos de Leite, Nova Odessa, SP, Brazil.*

RESUMO: O desempenho de fêmeas bovinas como doadoras de oócitos pode ser um critério de seleção para programas de melhoramento animal, como também um fator involuntário do processo. Em ambos os casos, é importante determinar os componentes genéticos que influenciam o resultado da produção *in vitro* de embriões (PIVE). O objetivo do presente estudo foi realizar uma análise genética detalhada das características de produção de embriões *in vitro* em vacas da raça Gir leiteiro. Um conjunto de dados contendo 11,450 registros de procedimentos de coleta de óvulos (OPU) e fertilização *in vitro* (IVF) de 2,684 doadores da raça Gir Leiteiro foi avaliado. As características analisadas foram número (N_{OV}) e porcentagem (P_{OV}) de oócitos viáveis; número (N_{GI}) e porcentagem (P_{GI}) de oócitos grau I; número (N_{EMB}) e porcentagem (P_{EMB}) de embriões viáveis. Todas as análises foram realizadas utilizando modelos de animais através de inferência bayesiana. As estimativas de herdabilidade variam de 0,16 até 0,32 para características de contagem e de 0,01 a 0,06 para características percentuais. A proporção da variação total representada pelo efeito genético aditivo do touro (sêmen usado na FIV) para N_{EMB} e P_{EMB} foi 7% e 5% respectivamente. As associações entre os valores genéticos de touros do teste de progênie para características de PIVE, produção de leite, idade no primeiro parto e características de conformação foram principalmente baixas ou próximas de zero. Os resultados indicam que é possível que se realize a seleção para características de PIVE e que o progresso genético para características já consideradas como critério

de seleção não seria prejudicado. Nov parece ser uma característica alvo promissora. Além disso, um índice de seleção poderia ajudar a evitar o uso de touros com mérito genético negativo para características percentuais, minimizando a possível deterioração a longo prazo

Palavras Chave: *Inferência bayesiana, biotecnologia, fertilidade, parâmetro genético, coleta de óvulos, gado zebu*

ABSTRACT: The potential of dams as oocyte donors can be a selection criterion for animal breeding programs, but also an involuntary driver of the process. In both cases, it is important to determine genetic components influencing the outcome of in vitro embryo production (IVEP). The objective of the present study was to perform a detailed genetic analysis for in vitro embryo production traits in Dairy Gir cows. A dataset containing 11,450 records of ovum pick-up (OPU) and in vitro fertilization (IVF) procedures from 2,684 Dairy Gir donors was evaluated. Analyzed traits were number (NOV) and percentage (POV) of viable oocytes; number (NGI) and percentage (PGI) of grade I oocytes; number (NEMB) and percentage (PEMB) of viable embryos. All analyzes were performed using animal models by a Bayesian framework. Heritability estimates varied from 0.16 to 0.32 for count traits and from 0.01 to 0.06 for percentage traits. The proportion of the total variation represented by the additive genetic effect of sire (semen used in IVF) for NEMB and PEMB was 7% and 5% respectively. Associations between estimated breeding values from progeny tested bulls for IVEP traits, milk production, age at first calving and conformation traits were mainly low or close to zero. Results indicate that selection for IVEP traits is possible in Dairy Gir cattle and would not impair genetic progress for traits already considered as selection criteria. The NOV seems to be a promising target trait. However, a selection index could help to avoid the use of sires with negative genetic merit for percentage traits, minimizing possible deterioration in the long term

Keywords: *Bayesian Inference, biotechnology, fertility, genetic parameter, ovum pick-up, zebu cattle*

3.1 INTRODUÇÃO

O uso de tecnologias de reprodução assistida (TRA) em animais domésticos é uma ferramenta importante para promover aumentos na produção animal, permitindo a multiplicação de indivíduos de alto mérito genético (NICHOLAS et al.,

1983; SMITH et al., 1988; PEREZ et al., 2019). A produção in vitro de embriões (PIVE) é uma TARV usada comercialmente em bovinos desde a década de 90 (BALDASSARRE et al., 1994), mas seu uso em gado leiteiro aumentou significativamente com o desenvolvimento da tecnologia de sexagem de sêmen na última década (VIANA et al., 2017). Quando usado adequadamente, a PIVE pode ocasionar impactos positivos diretos nos ganhos genéticos e, ao mesmo tempo, manter a taxa de endogamia baixa (LOHUIS, 1995). No Brasil, 180.475 embriões de raças leiteiras foram produzidos pela técnica em 2017, o que corresponde a 12,1% do total de embriões produzidos no mundo (1.487.343) no mesmo período (VIANA, 2018). O desenvolvimento inicial da PIVE em todo o país foi fundamentado usando essa tecnologia em raças zebuínas de corte. As doadoras *Bos indicus* têm em média um número maior de folículos crescendo por onda folicular do que as vacas *Bos taurus* e, conseqüentemente, produzem mais oócitos por sessão de aspiração (OPU) (SILVA-SANTOS et al., 2011), sendo esse o ponto crítico para a eficiência da PIVE. A maior contagem de folículos antrais (AFC) e consequente produção de oócitos em raças zebuínas, reduzem também uma necessidade de tratamento com hormônio folículo-estimulante (FSH), que é uma vantagem potencial da PIVE, quando comparado à transferência de embriões via ovulação múltipla (MOET) (STROUD et al., 2006).

A PIVE tornou-se uma alternativa para a produção em larga escala de novilhas de reposição em fazendas leiteiras comerciais (PONTES et al., 2011). Isso aumentou a demanda de PIVE na raça Gir, que é a principal raça zebuína usada na produção de leite, e também é usada como a raça mãe do Girolando, um composto Holandês x Gir capaz de manter altos níveis de desempenho em ambiente tropical (CANAZA-CAYO et al., 2019). O Girolando é responsável por 80% da produção brasileira de leite (GUIMARAES et al., 2006, CANAZA-CAYO et al., 2019) e é amplamente utilizado em sistemas baseados em pastagens (MADALENA, 2012; PEIXOTO et al., 2004). Além disso, a PIVE permite a manutenção da heterose em rebanhos mestiços sem a necessidade de manter os touros *Bos taurus* em condições tropicais, o que prejudicaria seu desempenho reprodutivo (SARTORI et al., 2010). Isso resulta em uma logística mais eficiente nos esquemas de cruzamento, melhorando indiretamente o gerenciamento e a produção nos países tropicais.

Os componentes genéticos para o desempenho em reprodução artificial foram relatados na literatura, em que as estimativas de herdabilidade variaram entre 0,03 a 0,31 (PEIXOTO et al., 2004, MERTON et al., 2009; JATON et al., 2016; CORNELISSEN et al., 2017; PEREZ et al., 2017). Em geral, a herdabilidade observada para características percentuais (porcentagem de oócitos viáveis ou embriões produzidos) foi menor do que a observada para características contáveis (número de embriões ou oócitos) (PEREZ et al., 2016, MERTON et al., 2009). Os resultados obtidos nos estudos mencionados acima sugerem variância genética aditiva suficiente para justificar a seleção para melhor desempenho nas características relacionadas à PIVE. Considerando a importância já mencionada do gado Gir Leiteiro no Brasil, essas características são de grande relevância, pois o número de bezerros produzidos por vaca afeta fortemente a renda monetária do criador.

O objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros genéticos para características de produção de oócitos e embriões em bovinos Gir Leiteiro.

3.2 MATERIAIS E MÉTODOS

3.2.1 Descrição de dados

O conjunto de dados analisado continha 11.450 registros de procedimentos de coleta de óvulos (OPU) e produção de embriões in vitro (PIVE) de 2.684 doadoras da raça Gir Leiteiro. As sessões de OPU ocorreram entre janeiro de 2006 e dezembro de 2017 em 117 rebanhos localizados na região sudeste do Brasil. A idade da doadora no procedimento de OPU variou de menos de 1 a 21 anos e a idade média no primeiro procedimento OPU foi de 72,22 meses. O número médio de sessões de OPU por vaca doadora foi de 13, variando de 1 a 57 quando todas as vacas foram consideradas.

O arquivo de pedigree usado para estimar as conexões genéticas entre as 2.684 vacas com registros no conjunto de dados incluiu 9.652 indivíduos. Esse arquivo foi construído com a subconjunto de animais das oito últimas gerações (iniciando) das vacas com registros em um arquivo de pedigree maior (contendo cerca de 80.000 animais). As vacas no conjunto de dados fenotípicos eram filhas de 336 touros e 1.612 vacas. O arquivo final de pedigree considerado para as análises continha 3.073 pais

e 22.547 mães. De todas as vacas com registro, 2.674 tinham ambos os pais conhecidos, 3 tinham apenas um dos pais conhecidos e 9 tinham ambos os pais desconhecidos. Um total de 140 touros Gir Leiteiros foram utilizados para os procedimentos de fertilização *in vitro* (FIV), todos estes contidos no arquivo de pedigree com informação de ambos os pais.

3.2.2 Coleta de óvulos e produção de embriões *in vitro*

A recuperação de oócitos e a produção de embriões foram realizadas por uma empresa comercial de PIVE, localizada em Minas Gerais, Brasil. Os principais procedimentos utilizados para OPU e PIVE foram descritos em Perez et al. (2016), com adaptações. Resumidamente, a aspiração folicular guiada por ultrassom transvaginal foi realizada usando um dispositivo portátil de ultrassom equipado com uma sonda de 7,5 MHz e um guia de agulha de biópsia, agulhas descartáveis de 19 ou 20 G e uma pressão de vácuo de 60 a 80 mm / hg. Os complexos cumulus-oócitos recuperados foram avaliados morfológicamente de acordo com o número de camadas de células do cumulus (COC) e aspecto do citoplasma, e os classificados e viáveis foram transportados para o laboratório nos meios de transporte e em uma incubadora portátil. A maturação *in vitro* foi realizada por 24 h, em meio de maturação a 39°C e atmosfera de CO₂ a 5%. O COC expandido foi parcialmente desnudado e co-incubado com espermatozóides por 18 h, e os zigotos presuntivos foram transferidos para o meio de cultura do embrião. A produção embrionária foi avaliada 7 dias após a fertilização *in vitro*.

3.2.3 Características analisadas

As características consideradas neste estudo foram: número (N_{OV}) e porcentagem (P_{OV}) de oócitos viáveis; número (N_{GI}) e porcentagem (P_{GI}) de oócitos grau I; número (N_{EMB}) e porcentagem (P_{EMB}) de embriões viáveis. As características percentuais foram calculadas como $P_{GI} = N_{GI} / N_{TOT}$, $P_{OV} = N_{OV} / N_{TOT}$ and $P_{EMB} = N_{EMB} / N_{TOT}$, onde N_{TOT} corresponde ao número total de oócitos coletados (incluindo viáveis e inviáveis) na sessão de OPU.

3.2.4 Transformação de dados

As características de percentuais (P_{OV} , P_{GI} e P_{EMB}) são limitadas entre 0 e 1, portanto, não seguindo uma distribuição gaussiana. Para evitar quebrar as premissas do modelo misto linear, uma transformação de arco-seno foi aplicada para essas características antes da análise. Os registros foram, portanto, transformados da seguinte maneira:

Porcentagem de oócitos de grau I:

$$P_{GIAS} = \arcsin(P_{GI})$$

Porcentagem de oócitos viáveis:

$$P_{OVAS} = \arcsin(P_{OV})$$

Porcentagem de embriões viáveis:

$$P_{EMBAS} = \arcsin(P_{EMB})$$

Para fins de simplificação, a partir deste ponto em diante, neste documento, as abreviações P_{GI} , P_{OV} and P_{EMB} serão usados ao se referir à P_{GIAS} , P_{OVAS} , P_{EMBAS} , respectivamente.

3.2.5 Análises estatísticas

Existem evidências na literatura de que o ajuste de um termo residual em um modelo de Poisson permite capturar sobredispersão, uma característica comum que pode ocorrer nos dados de contagem quando a média e a variância não são semelhantes (VAZQUEZ et al., 2009). Isso também foi sugerido para características de produção de embriões *in vitro* por Perez et al. (2017). Tais modelos apresentam melhor desempenho do que o modelo padrão de Poisson sem esse modelo residual ou linear (NAYA et al., 2008, PENAGARICANO et al., 2010).

Dado o que foi exposto, aqui analisamos as características de contagem (N_{GI} , N_{OV} and N_{EMB}) considerando uma distribuição de Poisson e características percentuais

(P_{GI} , P_{OV} , P_{EMB}) considerando uma distribuição Gaussiana (transformação pós arco senoidal) para variável dependente.

O seguinte modelo foi usado para características de produção de oócitos (N_{GI} , N_{OV} , P_{GI} and P_{OV}):

$$\eta_{ijklm} = \beta_0 + HYS_i + tech_j + \beta age^1 + \beta age^2 + u_k + pe_l + e_{ijklm}, [1]$$

Onde η_{ijklm} é o valor esperado para a característica; β_0 o intercepto; HYS_i o efeito fixo de rebanho-ano-estação do processo de OPU ($i = 445$ níveis); $tech_j$ efeito fixo do técnico responsável pela técnica de OPU ($j = 64$ níveis); βage^1 e βage^2 são os coeficientes da covariável para os componentes lineares e quadráticos da idade da vaca na OPU (em meses), respectivamente; u_k o efeito genético aditivo aleatório do animal ($k = 9,652$ níveis); pe_l o efeito aleatório de ambiente permanente do animal ($l = 2,684$ níveis); and e_{ijklm} the random residual terms os efeitos residuais aleatórios.

Sob notação matricial, o modelo em (1) é dado por:

$$\eta = Xb + Z_1u + Z_2pe + e,$$

Onde η é uma função do valor esperado para a característica; b o vetor de efeitos sistemáticos; u o vetor de efeitos genéticos aditivos da doadora; p o vetor de efeitos aleatórios permanentes no ambiente; e o vetor de efeitos residuais e X , Z_1 e Z_2 as matrizes de incidência que relacionam registros a efeitos sistemáticos e aleatórios.

É assumido que:

$$var \begin{bmatrix} u \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_u^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Onde u é a variância genética aditiva, A é a matriz de relacionamento do numerador (com ordem $9,652 \times 9,652$), pe é a variação dos efeitos permanentes da

doadora para a qual $\mathbf{I}$ é a matriz de identidade com a ordem 2.684 e $\mathbf{e}$ é a variação residual.

Para características de produção de embriões (N_{EMB} and P_{EMB}) o seguinte modelo foi proposto:

$$\eta_{ijklmno} = \beta_0 + HYS_i + tech_j + semen_k + \beta age^1 + \beta age^2 + u_l + s_m + pe_n + e_{ijklmno}, [2]$$

Onde $semen_k$ é o efeito fixo do tipo de sêmen usado na fertilização *in vitro* (classificado por sexo ou não, $k=1$ ou 2) s_m é o efeito dos touros que o sêmen foi usado na fertilização *in vitro* (pai dos embriões) ($m = 140$ levels), e todos os outros efeitos são idênticos ao modelo (1).

Sob notação matricial, o modelo em (2) é dado por:

$$\eta = \mathbf{Xb} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_3\mathbf{s} + \mathbf{Z}_2\mathbf{pe} + \mathbf{e}$$

Onde $\mathbf{s}$ é o efeito do touro em que o sêmen foi usado na fertilização *in vitro*; e outros elementos são idênticos a (1)

$$var \begin{bmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{s} \\ \mathbf{pe} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_u^2 & A\sigma_{s,u} & 0 & 0 \\ A\sigma_{u,s} & A\sigma_s^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Onde $\mathbf{s}$ é a variação genética aditiva do touro em que o sêmen foi usado na fertilização *in vitro*.

3.2.6 Inferência e implementação

Todos os modelos foram implementados em uma estrutura bayesiana, usando o pacote MCMCglmm R (HADFIELD et al., 2010). Seguindo a regra de Bayes, a densidade à posteriori de um conjunto de parâmetros (θ) é dada por $p(\theta|y) \propto p(y|\theta)p(\theta)$, onde $p(y|\theta)$ é a função de probabilidade dos dados $p(\theta)$ é o conjunto de

distribuições a priori para os parâmetros a serem estimados. Essas distribuições a priori permitem a inclusão de informações prévias sobre os parâmetros de interesse (ABDOLLAHI-ARPANAHI et al.,2013). A coleta de parâmetros de modelo desconhecidos para características de oócitos (modelo 1) foi: $\theta = \{\beta_0, \dots, \mathbf{u}, \mathbf{pe}, \sigma_u^2, \sigma_{pe}^2, \sigma_e^2\}$ e para as características de produção embrionária (modelo 2) foi: $\theta = \{\beta_0, \dots, \mathbf{u}, \mathbf{pe}, \mathbf{s}, \sigma_u^2, \sigma_{pe}^2, \sigma_s^2, \sigma_e^2\}$. Distribuições de probabilidade não informativas foram usadas para β_0 e para todos os efeitos sistemáticos, indicando que o conhecimento prévio desses parâmetros não era significativo. Assim, a definição de distribuição prévia conjunta para todos os parâmetros para características de produção de oócitos foi:

$$p(\theta) \propto p(\mathbf{u}|\sigma_u^2)p(\mathbf{pe}|\sigma_{pe}^2)p(\sigma_u^2)p(\sigma_{pe}^2)p(\sigma_e^2), i. e :$$

$$p(\theta)N(\mathbf{u}|0, \mathbf{A}\sigma_u^2)N(\mathbf{pe}|0, \mathbf{I}\sigma_{pe}^2)\chi^{-2}(\sigma_u^2|df_u, S_u)\chi^{-2}(\sigma_{pe}^2|df_{pe}, S_{pe})\chi^{-2}(\sigma_e^2|df_e, S_e)$$

Com inclusão adicional de $p(\mathbf{s}|\sigma_s^2)p(\sigma_s^2)$ na primeira parte e, portanto, elementos $N(\mathbf{s}|0, \mathbf{A}\sigma_s^2)$ e $\chi^{-2}(\sigma_s^2|df_s, S_s)$ quando as características de produção do embrião foram analisadas, onde $\chi^{-2}(.|df, S)$ são uma distribuição inversa $\chi^{-2}-2$ em escala com graus de liberdade df e parâmetro S .

Para as análises univariadas propostas, foi gerada uma cadeia de Markov Monte Carlo contendo 1.000.000 de amostras, considerando um *burn in* de 400.000 amostras e um intervalo de thinning de 200. Para a análise bivariada, dada a maior interdependência entre os parâmetros, uma cadeia de 2.000.000 amostras foi gerada, considerando um *burn in* de 800.000 e intervalos de thinning de 400. Portanto, em todos os casos, as inferências foram baseadas no pós-processamento das 3.000 amostras restantes. A análise de convergência foi avaliada pelos critérios propostos por Heidelberger e Welch (1983), Geweke (1992) e Raftery e Lewis (1992). A inspeção visual de trace-plots e a autocorrelação entre e dentro das cadeias foram usadas para orientar as decisões sobre o tamanho das cadeias, tamanho do burn in e os intervalos de thinning. Todas as análises de convergência foram realizadas usando o pacote

coda (PLUMMER et al., 2006) disponível na linguagem de programação R (R CORE TEAM R, 2008).

3.2.7 Estimativas de parâmetros genéticos

A distribuição posterior marginal para a herdabilidade (h^2) e repetibilidade (r^2) para as características de produção de oócitos e embrião foi estimada da seguinte forma:

$$h_{oct}^{2(i)} = \frac{\sigma_u^{2(i)}}{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)} + \sigma_e^{2(i)}}; r_{oct}^{2(i)} = \frac{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)}}{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)} + \sigma_e^{2(i)}}.$$

$$h_{emb}^{2(i)} = \frac{\sigma_u^{2(i)}}{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)} + \sigma_s^{2(i)} + \sigma_e^{2(i)}}; r_{emb}^{2(i)} = \frac{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)}}{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)} + \sigma_s^{2(i)} + \sigma_e^{2(i)}}.$$

Onde u^2 , pe^2 , s^2 , e e^2 são os valores estimados de variância genética aditiva, ambiente permanente, touro usado na IVF (para características de produção de embriões) e residuais, respectivamente, onde i representa cada iteração do MCMC (após o burn in e considerando os intervalos de thinning). As inferências foram baseadas em médias à posteriori para cada parâmetro.

A proporção da variância fenotípica total contabilizada pelo touro, o qual o sêmen foi usado na fertilização in vitro (h_s^2) foi calculada para N_{EMB} e P_{EMB} da seguinte forma:

$$h_s^{2(i)} = \frac{\sigma_s^{2(i)}}{\sigma_u^{2(i)} + \sigma_{pe}^{2(i)} + \sigma_s^{2(i)} + \sigma_e^{2(i)}}.$$

Os componentes de covariância entre as características de PIVE foram estimados via análise bivariável. A distribuição à posteriori para a correlação genética

entre as características foi estimada $\rho_{t1,t2}^{(i)} = \frac{\sigma_{t1,t2}^{(i)}}{\sigma_{u(t1)}^{(i)} * \sigma_{u(t2)}^{(i)}}$ onde $\sigma_{t1,t2}^{(i)}$ é a covariância genética e $\sigma_{u(t2)}^{(i)}$ a variação genética aditiva padrão estimada entre um determinado par de características em cada i-ésima iteração do MCMC. Devido às limitações do pacote MCMCglmm, as covariâncias genéticas entre os efeitos genéticos do touro e o efeito genético direto não puderam ser estimadas e, portanto, foram definidas como zero.

É importante enfatizar que, devido às limitações impostas pelo pacote *MCMCglmm* R, quando duas características de contagem foram analisadas em um modelo bivariado, a segunda característica foi considerada uma variável gaussiana.

3.2.8 Associação entre os valores estimados de criação de touros para o PIVE e outras características

Investigamos possíveis evidências de associações genéticas lineares entre características de PIVE e outras características comumente avaliadas na raça Gir Leiteiro: produção de leite em 305 dias de lactação, idade no primeiro parto e 10 características de conformação incluídas no Programa Nacional de Melhoramento da Raça Gir Leiteiro (PANETTO et al., 2019). Para alcançar o proposto, o coeficiente de correlação de Pearson foi calculado entre os valores genéticos estimados (VGE) das características de PIVE e demais características, dos touros Gir Leiteiro em teste de progênie. O VGE para as características de PIVE foi estimado a partir das análises realizadas no presente estudo, enquanto para outras características, os valores considerados foram extraídos do último sumário anual de touro publicado pelo Programa Nacional de Melhoramento da raça Gir Leiteiro (PANETTO et al., 2019).

As acurácias aproximadas de VGE para características de PIVE foram calculadas em uma abordagem bayesiana como $acc_i = \sqrt{1 - \sigma(u_i)^2 / \bar{x}(\sigma_u^2)}$ onde σ é desvio padrão, $\bar{x}$ é média, u_i é a distribuição à posteriori da i-ésima solução animal e u^2 é a distribuição à posteriori da variância genética aditiva. Foi considerado $(u_i)^2$ como equivalente à variância do erro de predição (PEV) comumente usada na abordagem freqüentista. Somente touros em teste de progênie com acurácia de VGE igual ou superior a 50% para todas as características ($N_{bulls} = 173$) foram considerados para a análise. Espera-se que as correlações entre os VGEs dos touros para qualquer

par de características tenham o mesmo sinal de uma correlação genética entre essas mesmas características, mas com magnitude menor por causa do encolhimento do VGE em direção à média (CALO et al., 1973; WOLC et al., 2012)

3.2.9 Tendências genéticas

Avaliamos as tendências genéticas das características estudadas, ajustando uma análise de regressão linear entre o VGE do animal (com acurácia maior que 40%) para cada característica (N_{GI} , N_{OV} , N_{EMB} , P_{GI} , P_{OV} e P_{EMB}) e seu ano de nascimento, como segue:

$$y = \beta_0 + Xb,$$

Onde y é o VGE do animal, β_0 é o intercepto, b é o ano de nascimento do animal e X o coeficiente de regressão a ser estimado. Apenas indivíduos nascidos entre os anos de 1990 e 2014 foram considerados para esta análise.

3.3 RESULTADOS

3.3.4 Estatísticas descritivas

A estatística descritiva do conjunto de dados utilizado nas análises é mostrada na Tabela 2.1. No geral, as características analisadas apresentaram altos coeficientes de variação (CV). N_{GI} e P_{GI} apresentaram os maiores CV entre as características de contagens e percentuais, respectivamente, enquanto a menor variação entre as características estudadas foi observada em P_{OV} .

Tabela 2.1. Número de informações, Mediana, Média, Desvio-Padrão (DP), Coeficiente de Variação (CV), Dispersão e número de zeros das características analisadas.

Característica	No. de informação	Mediana	Média	DP	CV (%)	Dispersão	No. de zeros
N _{GI}	11450	1	1,71	2,14	125,11	0-20	4766
N _{OV}	11450	10	12,39	10,04	81,04	0-120	140
N _{EMB}	11450	3	4,59	4,64	101,09	0-61	1707
P _{GI}	11345	5,88	9,67	12,68	131,17	0-100	4670
P _{GI_AS}	11345	0,24	0,23	0,23	100,3	0-1.57	4670
P _{OV}	11354	62,5	63,5	19,73	31,07	0-100	44
P _{OV_AS}	11354	0,91	0,95	0,26	27,73	0-1.57	44
P _{EMB}	11346	22,22	24,49	19,15	78,19	0-100	1697
P _{EMB_AS}	11346	0,49	0,46	0,27	59,05	0-1.57	1697

N_{GI}= Número de oócitos Grau I; N_{OV}= Numero de oócitos viáveis; N_{EMB}= Numero de embriões viáveis; P_{GI}= Porcentagem de oócitos grau I; P_{GI_AS}= Transformação em arco seno de P_{GI}; P_{OV}= Porcentagem de oócitos viáveis; P_{OV_AS}= Transformação em arco seno de P_{OV}; P_{EMB}= Porcentagem de embriões viáveis; P_{EMB_AS}= Transformação em arco seno de P_{EMB}; DP= Desvio Padrão; CV= Coeficiente de Variação.

Quando comparadas às variações observadas entre as características de contagem (N_{GI}, N_{OV} e N_{EMB}), as diferenças entre os valores médios e medianos sugerem que essas características assumiram uma distribuição não gaussiana com valores muito extremos, como confirmado pela inspeção visual da distribuição fenotípica das características (Figura 2.1). Após realizar a transformação proposta de arco-seno, as características percentuais (P_{GI_AS}, P_{OV_AS} e P_{EMB_AS}) mostraram uma diminuição no CV, assumindo uma distribuição mais semelhante à gaussiana, como pode ser visto na Figura 2.1.

Figura 2.1: Histograma mostrando a frequência de oócitos grau I (A), número de oócitos viáveis (B) e embriões viáveis (C); e a distribuição para porcentagens de oócitos grau I (D), porcentagens de oócitos viáveis (E) e porcentagem de embriões viáveis (F) observados no banco de dados analisado.

A frequência das sessões de OPU por doadora é mostrada na Figura 2.2. A maioria das doadoras tiveram apenas uma aspiração (39,7%), seguida por 2 (20,26%) e 3 (8,30%) OPU por doadora.

Figura 2.2: Frequencia de sessão de aspiração por doadora.

A frequência de OPU e doadoras pela frequência de OPU é apresentada na Figura 2.3. Houve apenas um número baixo de doadoras sendo submetidos a OPU na faixa etária I (até 24 meses de idade). A maioria das vacas do conjunto de dados foi submetida à OPU entre 24 e 144 meses de idade (classes de idade II a V).

Apesar do declínio na frequência de fêmeas mais velhas (acima de 144 meses) submetidas à PIVE, não houve tendência de queda observada para o número médio de sessões de OPU no mesmo período. Pode-se observar uma redução no número de doadoras distintas submetidas à OPU para as classes de idade VI e VII, juntamente com um aumento no número total de sessões de OPU quando comparado à classe de idade IV.

Figura 2.3: Número de sessão de aspiração e frequência de doadoras submetidas à aspiração em diferentes classes de idades das doadoras. I = abaixo de 24 meses; II = 24 até 48 meses; III = 48 até 72 meses; IV = 72 até 96 meses; V = 96 até 120 meses; VI = 120 até 144 meses e VII = acima de 144 meses.

As médias fenotípicas das características analisadas de acordo com a faixa etária das vacas, são mostradas na Figura 2.4. A média observada para o N_{GI} não apresentou diferenças claras em doadoras de diferentes faixas etárias, embora isso

não fosse verdade para o NOV, para o qual foi observado um declínio à medida que a idade da doadora aumentava. A média de NEMB apresentou baixa variação em vacas de até 144 meses, diminuindo em doadores acima dessa faixa etária. Não foram observadas diferenças entre as características percentuais para doadoras de diferentes faixas etárias.

Figura 2.4: Médias Fenotípicas observadas em características de contagem (A) e de porcentagem (B) em diferentes grupos de idades das doadoras ao momento da aspiração.

Os coeficientes de correlação linear entre VGE de touros Gir Leiteiro em teste progênie para produção de leite, idade do primeiro parto e características morfológicas; e as características PIVE estão presentes na Figura 2.5. Os valores observados variaram de -0,38, entre o valor genético para a produção de proteína e NEMB, e 0,37, entre o mesmo fenótipo e PGI.

A associação linear observada entre as características de PIVE e de produção (produção de leite, gordura e proteína) foi predominantemente desfavorável de baixa a média magnitude. A única exceção foi observada em PGI, para a qual a correlação genética variou entre 0,33 e 0,37 entre as características de produção. Foi detectada uma ligeira correlação ligeiramente baixa entre VGE de a idade do primeiro parto e

características de contagem (N_{GI} , N_{OV} and N_{EMB}). Entretanto, coeficientes de correlação favoráveis foram observados ao se considerar as características percentuais (P_{GI} , P_{OV} and P_{EMB}), variando de -0,12 a -0,22.

Os coeficientes de correlação de Pearson entre o VGE do touro para características morfológicas e PIVE foram principalmente de baixa magnitude ou quase zero. A única exceção ocorreu entre o ângulo da garupa e N_{GI} , que exibiu um valor negativo mais alto (-0,34), e entre o P_{OV} e o ângulo de cascos (-0,28).

Figura 2.5: Coeficiente de correlação de Pearson calculado entre os valores genéticos estimados para a produção de embriões in vitro e características produção de leite, gordura e proteína, idade ao primeiro parto e características de conformação incluídos no programa de melhoramento nacional do Gir Leiteiro. N_{GI} = número de oócitos de grau I; N_{OV} = número de oócitos viáveis; N_{EMB} = Número de embriões viáveis, P_{GI} = porcentagem de oócitos de grau I; P_{OV} = Porcentagem de oócitos viáveis; P_{EMB} = Percentual de embriões viáveis.

3.3.5 Análise de convergência

O *burn in* proposto parecia adequado e superior ao comprimento mínimo sugerido pelo teste de Raftery e Lewis (1992). Da mesma forma, todos os parâmetros passaram no teste estacionário Heidelberger-Welch (1983). Os escores Z do teste de Geweke para quase todos os parâmetros dos modelos variaram entre -1,5 e 1,5,

exceto pe^2 para N_{EMB} (-1,54), pe^2 para P_{GI} (-1,98), s^2 para P_{EMB} (-1,71). Embora esses valores não sejam extremos, isso pode indicar que um burn in mais alto poderia ajudar a obter melhores indicações de convergência. No entanto, isso dificilmente afetaria as estimativas de qualquer parâmetro.

3.3.6 Parâmetros genéticos

Como os componentes de variância estimados com modelos Poisson e lineares não são diretamente comparáveis (Perez et al., 2017; Penagaricano et al., 2010; Abdollahi-Arpanahi et al., 2013) toda a inferência neste documento foi baseada em parâmetros genéticos (h^2 e r^2).

As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos a partir da análise univariada de PIVE são apresentadas na Tabela 2.2. Em geral, a h^2 foi maior nas características de contagem do que nas características percentuais e o mesmo foi observado para a quantidade de variação proveniente do componente permanente do ambiente. A característica N_{OV} apresentou as maiores h^2 (0,32) e r (0,63) entre todas as características estudadas, seguida pela N_{EMB} ($h^2 = 0,27$ e $r = 0,56$) e N_{GI} ($h^2 = 0,16$ e $r = 0,33$). As estimativas de herdabilidade para P_{GI} , P_{OV} e P_{EMB} foram de 0,01, 0,03 e 0,06, respectivamente. A proporção da variação total representada por h^2 para N_{EMB} e P_{EMB} foi de 7% e 5%, sendo menor que o respectivo h^2 para N_{EMB} , mas superior à estimada para P_{EMB} .

Tabela 2.2: Média, mediana, intervalo de HPD, teste de geweke e correlação lag 200 para a distribuição à posteriori da variação genética aditiva (σ^2_a), variância de ambiente permanente (σ^2_{pe}), variância residual (σ^2_e), variância de efeito de touro (semen usado na IVEP) (σ^2_s), herdabilidade direta (h^2), repetibilidade (r^2) e herdabilidade de touro (h^2_s) para as variáveis estudadas.

Item	Média	Mediana	Intervalo de HPD (95%)		Geweke	Lag200
N _{GI}						
σ ² _a	0.1227	0.1196	0.0650	0.1911	0.4558	0.0571
σ ² _{pe}	0.1238	0.1237	0.0712	0.1772	0.1390	0.0493
σ ² _e	0.4855	0.4851	0.4446	0.5213	0.7122	-0.0073
σ ² _s	-	-	-	-	-	-
h ²	0.1670	0.1642	0.0891	0.2496	0.3722	0.0587
r ²	0.3364	0.3358	0.2901	0.3854	0.5372	0.0047

NOV

σ^2_a	0.1457	0.1449	0.1022		0.1927	0.1773	0.0584
σ^2_{pe}	0.1396	0.1395	0.1045		0.1719	-0.0327	0.0383
σ^2_e	0.1642	0.1641	0.1550		0.1722	1.2240	0.0183
σ^2_s	-	-	-		-	-	-
h^2	0.3233	0.3225	0.2364		0.4140	0.0988	0.0555
r^2	0.6344	0.6346	0.6083		0.6633	-0.2366	0.0388

NEMB

σ^2_a	0.2027	0.2008	0.1292		0.2817	-0.5618	0.0226
σ^2_{pe}	0.2085	0.2083	0.1480		0.2627	-1.5420	0.0340
σ^2_e	0.3192	0.3189	0.3004		0.3399	0.9293	-0.0101
σ^2_s	0.0590	0.0569	0.0302		0.0916	-0.2415	0.0591
h^2	0.2766	0.2761	0.1824		0.3678	-0.8765	0.0246
r^2	0.5625	0.5622	0.5281		0.5963	0.4069	0.0202
h^2_s	0.0744	0.0724	0.0400		0.1123	-0.4133	0.0534

PGI

σ^2_a	0.0007	0.0006	0.0000		0.0012	0.7810	0.0156
σ^2_{pe}	0.0003	0.0003	0.0000		0.0009	-1.9810	-0.0132
σ^2_e	0.0449	0.0449	0.0437		0.0462	0.3147	-0.0193
σ^2_s	-	-	-		-	-	-
h^2	0.0153	0.0151	0.0000		0.0276	0.7644	0.0142
r^2	0.0231	0.0228	0.0122		0.0336	-1.2490	-0.0292

POV

σ^2_a	0.0011	0.0011	0.0004		0.0019	-0.3932	-0.0027
σ^2_{pe}	0.0007	0.0007	0.0000		0.0012	1.2020	-0.0275
σ^2_e	0.0403	0.0403	0.0393		0.0415	-0.6233	0.0112
σ^2_s	-	-	-		-	-	-
h^2	0.0279	0.0270	0.0102		0.047	-0.3778	-0.0037
r^2	0.0445	0.0440	0.0310		0.0592	0.6568	0.0369

PEMB

σ^2_a	0.0046	0.0045	0.0015		0.0078	0.8489	0.0107
σ^2_{pe}	0.0048	0.0048	0.0023		0.0073	-1.0900	0.0191
σ^2_e	0.0627	0.0627	0.0610		0.0645	-0.5489	0.0472
σ^2_s	0.0045	0.0044	0.0022		0.0070	-1.7110	-0.0112
h^2	0.0645	0.0633	0.0215		0.1072	0.9159	0.0123
r^2	0.1313	0.1310	0.1091		0.1559	0.1179	0.0277
h^2_s	0.0593	0.0581	0.0304		0.0902	-1.694	-0.0105

NGI= Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis.

A média à posteriori das correlações genéticas entre características de produção de oócitos e embriões é apresentada na Figura 2.6. As estimativas médias a posteriori mais altas e mais baixas foram 0,75 entre N_{OV} e N_{GI} e -0,25 entre P_{OV} e P_{EMB} . Em geral, as correlações genéticas entre as características de produção de oócitos (N_{GI} , N_{OV} , P_{GI} e P_{OV}) foram altas entre si, uma variação acentuada foi observada entre as correlações genéticas da produção de embriões e entre ambas variando de 0,41 entre N_{EMB} e P_{EMB} , a -0,19 entre N_{OV} e P_{GI} . A média à posteriori para as correlações genéticas estimadas entre duas características de contagem não foi afetada significativamente ao tratar a primeira ou a segunda característica como gaussiana.

Figura 2.6: Médias à posteriori para estimativas de correlação genética entre cada uma das características de produção de embriões in vitro analisadas. Cores dentro os quadrados indicam a magnitude e direção das associações. N_{GI} = Número de oócitos Grau I; N_{OV} = Numero de oócitos viáveis; N_{EMB} = Numero de embriões viáveis; P_{GI} = Porcentagem de oócitos grau I; P_{OV} = Porcentagem de oócitos viáveis; P_{EMB} = Porcentagem de embriões viáveis.

As tendências genéticas anuais estimadas para as características estudadas, considerando os animais nascidos entre 1990 e 2014, são apresentadas na Figura 2.7. Somente o VGE de animais com acurácia acima de 40% foi considerado. Os valores para o coeficiente de regressão foram -0,0098 (N_{GI}), -0,0083 (N_{OV}), -0,0112 (N_{EMB}), -0,019% (P_{GI}), + 0,013% (P_{OV}) e -0,083% (P_{EMB}). Os coeficientes de regressão observados foram principalmente negativos de baixa magnitude quando comparados às suas respectivas médias fenotípicas, exceto para P_{OV} , que mostrou tendências genéticas baixas e positivas. Ao considerar o período entre 2006 e 2014, pode-se observar uma queda drástica no VGE médio anual do P_{EMB} , o que também pode ser observado em uma magnitude menor para o N_{EMB} . Nesse mesmo período, o inverso é observado para as médias anuais de VGE para P_{OV} , mostrando um aumento acentuado a partir de 2006.

Figura 2.7: Tendências genéticas estimadas para características de produção in vitro na raça Gir Leiteiro. N_{GI} = Número de oócitos Grau I; N_{OV} = Numero de oócitos viáveis; N_{EMB} = Numero de embriões viáveis; P_{GI} = Porcentagem de oócitos grau I; P_{OV} = Porcentagem de oócitos viáveis; P_{EMB} = Porcentagem de embriões viáveis.

3.4 DISCUSSÃO

3.4.1 Estatística descritiva

Os resultados apresentados na literatura sobre o desempenho de vacas *Bos indicus* e *Bos taurus* sob a tecnologia PIVE sugerem diferenças claras entre os grupos genéticos. Cornelissen et al. (2017) e Pontes et al. (2011) observaram médias de $7,71 \pm 5,28$ e $8,00 \pm 2,70$ para o número de oócitos viáveis em doadores da raça Holandesa. Em vacas zebuínas, Perez et al. (2017) relataram uma média de $15,6 \pm 12,71$ oócitos viáveis em vacas Guzerá e Pontes et al. (2010) encontraram uma média de $23,35 \pm 0,72$ para a mesma característica em fêmeas Nelore submetidas à OPU. No presente estudo, o número médio de oócitos viáveis (Nov) foi de $12,32 \pm 10,04$, o que está de acordo com os resultados de zebuínos. Pode-se observar uma superioridade do gado zebu na produção de oócitos viáveis, quando comparado às raças taurinas. Não há explicação biológica aparente para esse maior número de oócitos recuperados em *Bos indicus* (PONTES et al., 2011). Os autores sugeriram que o maior número de células germinais na fase fetal ou o maior período de mitose durante a formação de oogonia nas fêmeas *Bos indicus* justificariam a superioridade observada. Na prática, é possível supor que a melhora na produção de oócitos pelo gado zebu foi um dos fatores que favoreceu a disseminação da técnica da OPU em todo o território nacional. A proporção de doadores submetidos a apenas uma sessão de OPU de vacas da raça Holandesa canadense (JATON et al., 2016) foi de 13,3%, valor superior ao observado no presente estudo (Figura 2.2). Os autores também relataram uma porcentagem maior de doadores submetidos de 1 a 5 sessões de OPU (90% vs 78% no presente estudo).

O gado Gir Leiteiro está sendo selecionado para produção de leite por um programa nacional de melhoramento genético (teste de progênie) desde 1993 (PANETTO et al., 2019). Ao considerar a frequência de OPU por doadora observou-se uma predileção pelos criadores em usar vacas mais velhas com maior frequência, conforme ilustrado na Figura 2.3. A partir dessas informações, é possível inferir que os criadores provavelmente estão escolhendo fêmeas para serem submetidas à OPU / PIVE somente após ter acesso a seus registros fenotípicos (principalmente produção de leite) ou valores genéticos (ou do pai). O uso de um teste de progênie pode contribuir para manter o longo intervalo de geração (LOHUIS, 1995; WEIGEL, 2001) e o intervalo de 9 anos observado em bovinos Gir Leiteiro (SANTANA JR et al., 2014) coabita com a hipótese.

Ao considerar o desempenho de vacas à PIVE em diferentes idades, pode-se observar na Figura 2.4 (A) que o uso de animais de classes mais velhas (VII) proporcionou uma diminuição de 32,98% e 45,07% no número total médio de embriões e oócitos viáveis, respectivamente, quando comparados às classes de idades anteriores. Donaldson (1984) já havia observado um declínio no número de embriões produzidos a partir de PIVE de vacas mais velhas. Ao considerar a possibilidade de estar sendo realizado uma pré-seleção entre as vacas dessa faixa etária que produzem mais embriões e oócitos, é possível que o efeito real da idade seja ainda mais forte do que o observado no presente estudo. Portanto, o sucesso e a viabilidade de um programa de transferência de embriões a partir do uso de PIVE pode ser comprometido quando proporções mais altas de doadoras mais velhas são submetidas à OPU.

3.4.2 Análises genéticas

Os componentes genéticos mais baixos relatados para características percentuais (P_{OV} , P_{GI} e P_{EMB}) em comparação com as características de contagem (N_{OV} , N_{GI} e N_{EMB}) sugerem que a seleção para altas porcentagens de oócitos e / ou embriões viáveis pode não ser tão bem-sucedida quanto a seleção direta para o número total de estruturas produzidas.

As estimativas de repetibilidade para características de contagem (N_{OV} , N_{GI} and N_{EMB}), especialmente para N_{OV} (0,63), foram médias a altas e sugerem que não há necessidade de coletar um alto número de observações de informações por vaca para realizar uma seleção razoavelmente confiável. Por outro lado, o mesmo não se aplica às características percentuais (P_{OV} , P_{GI} e P_{EMB}), pois a repetibilidade para essas características foi acentuadamente menor. Os resultados observados em nosso estudo foram concordantes com Perez et al. (2017) que utilizaram os mesmos modelos para contagem de caracteres para investigar componentes genéticos da PIVE em bovinos Guzerá. Além disso, dada a magnitude da repetibilidade encontrada para características de contagem de oócitos e embriões, seria possível usá-las como indicadores para categorizar doadores após o primeiro procedimento OPU/PIVE. Especialmente ao punccionar fêmeas jovens (e mesmo pré-púberes), esse procedimento deve fornecer boas indicações do potencial de vida desses animais.

Apesar de ser de baixa magnitude, a herdabilidade observada para o touro (que foi usado na fertilização *in vitro* - h_s^2) de 7% e 5% para N_{EMB} e P_{EMB} , respectivamente. Resultados semelhantes foram encontrados no gado Guzerá brasileiro (PEREZ et al., 2016), uma raça *Bos indicus* de dupla finalidade, na qual as estimativas de herdabilidade do componente touro, foram de 4% e 9% para N_{EMB} e P_{EMB} , respectivamente. Isso indica que há uma quantidade relevante de variação genética aditiva do sêmen usado sobre o resultado da PIVE.

Foi relatada uma magnitude consideravelmente menor para a variação genética do touro ao analisar dados da resposta à superovulação em bovinos da raça Holandesa (JATON et al., 2016; König et al., 2007), nos quais esse componente variou de 0,6% a 1,4% da variação fenotípica total. Esses achados sugerem que o componente genético do touro do qual o sêmen é usado pode ser muito maior na PIVE do que na ovulação múltipla. Ao contrário dos ambientes oviduto e uterino, o ambiente *in vitro* é geralmente um sistema estático no qual as concentrações são fixadas ou alteradas apenas pelo metabolismo dos oócitos ou embriões cultivados (WAGTENDONK-de LEEUW et al., 2000). A partir disso, é possível supor que haja maior pressão ambiental dentro do útero do que dentro do processo *in vitro*. Esse fato pode impor desafios mais fortes ao espermatozóide e pode ser o fator crucial para o efeito genético reduzido observado para o touro em comparação com os resultados observados na produção *in vivo* de embriões (JATON et al., 2016; WAGTENDONK-de LEEUW et al., 2000)

Na literatura, as estimativas de herdabilidade para características de qualidade do sêmen em touros da raça Holandesa variaram de 0,09 a 0,59 (DRUET et al., 2009). Isso indica a presença de uma quantidade considerável de variância genética aditiva que controla a qualidade do sêmen, o que coincide com a forte influência observada para o componente genético do touro (h_s^2) sobre o resultado das características de produção de embriões no presente estudo. Estudos que investigam a magnitude e a direção da associação entre a qualidade do sêmen e as características da PIVE podem apoiar a confirmação das hipóteses.

Foi reportada uma maior herdabilidade para características percentuais em vacas da raça Frísio-Holandesa, variando de 0,05 e 0,12 para P_{GI} e P_{EMB} , respectivamente (MERTON et al., 2009). Quando comparados aos resultados

relatados no presente estudo, esses valores mais altos de herdabilidade podem estar associados ao fato de os autores terem utilizado modelos de touros, que costumam superestimar a variação genética aditiva em alguns casos. Perez et al. (2016) relataram estimativas de herdabilidade para características percentuais de 0,03, 0,04 e 0,07 para P_{GI} , P_{OV} e P_{EMB} , respectivamente. Os resultados mencionados sugerem que a seleção direta para eficiência de vacas na biotecnologia PIVE resultaria em ganhos genéticos anuais reduzidos. Na prática, a inclusão de características percentuais relacionadas à PIVE em um "índice de reprodução artificial" poderia ajudar a evitar a utilização de indivíduos com valores negativos de mérito genético e, portanto, minimizar a possível deterioração dos resultados da PIVE de vacas Gir Leiteiras a longo prazo.

Quando comparadas às observadas no presente estudo, estimativas de herdabilidade mais baixas foram relatadas para características de contagem relacionadas à reprodução artificial [MERTON et al., 2009, JATON et al., 2016, PEREZ et al., 2016]. Um fator decisivo para as diferenças observadas na herdabilidade entre o presente estudo e outros é que aqui usamos um modelo de Poisson Bayesiano para analisar características de contagem. Em estudos anteriores, os autores concluíram que essa estratégia é capaz de detectar maior variação genética aditiva, menor erro de predição e viés do que ao transformar dados de contagem ou analisar contagens sem nenhuma transformação de dados usando modelos gaussianos tradicionais [PEREZ et al., 2019].

Quando comparado aos resultados encontrados por Merton et al. [2009], diferenças nas estimativas de herdabilidade para características de contagem também podem ocorrer devido ao fato de o conjunto de dados, usado no estudo mencionado, ser originário de um programa de melhoramento em núcleos fechados, que provavelmente havia sofrido pré-seleção de vacas mais eficientes. Esse processo resulta em menor variação da amostra e pode gerar uma herdabilidade subestimada. O mesmo pode ser considerado ao comparar a menor herdabilidade relatada por Perez et al. [2017] de 0,16, 0,25 e 0,20 para N_{GI} , N_{OV} e N_{EMB} , respectivamente, usando registros de um núcleo de transferência de embriões para vacas Guzará.

Os valores de tendência genética negativas mostradas na Figura 2.7 (em média) estão de acordo com características que nunca foram selecionadas para essa

população e estão um pouco, mas negativamente, associadas à produção de leite, característica pela qual os criadores realizaram esforços de seleção mais fortes nas últimas décadas. Perez et al. (2019) também observaram tendências genéticas muito baixas para as mesmas características na população da raça Guzerá. No entanto, os autores observaram uma tendência levemente positiva para N_{EMB} e P_{EMB} , o que não foi observado para os bovinos Gir Leiteiro neste estudo. A raça de gado Guzerá está sob seleção em um programa de melhoramento baseado em testes de progênie e um núcleo MOET (PEIXOTO et al., 2010) por quase duas décadas. É possível que, como o desempenho (a PIVE) de vacas no núcleo tenha sido um fator importante para o sucesso dessa estratégia de seleção a longo prazo, alguma seleção indireta para melhorar a produção embrionária possa ter ocorrido nessa raça.

Apesar da crescente relevância que o desempenho das vacas na PIVE tem na manutenção do Gir Leiteiro como raça e no cumprimento de seu principal objetivo econômico (como mãe dos animais Girolando), a ausência de uma avaliação genética e, portanto, estimativas do mérito genético dos animais Gir Leiteiro para características relacionadas à PIVE impede que os criadores selecionem vacas mais produtivas e eficientes. A implementação de uma avaliação genética das características da PIVE ajudaria os criadores a identificar os melhores touros e vacas e, portanto, permitiria alocar melhor os recursos referentes à produção de embriões na fazenda. Também pode ser interpretado como uma ferramenta para monitorar e impedir novas reduções genéticas na produção de embriões no futuro pela associação de criadores.

O principal objetivo da PIVE é produzir a quantidade de embriões necessária para atender às necessidades dos criadores ou programas de melhoramento. Se a seleção genética se destina a tais características, a seleção direta para o N_{EMB} pode ser útil, considerando a herdabilidade moderada (0,27) estimada. Portanto, uma melhoria no número de embriões produzidos pode ser alcançada ao selecionar essa característica. Também é esperado um aumento no P_{EMB} se a seleção for realizada para o N_{EMB} , dada a correlação genética positiva entre as duas características (0,41). Essa correlação positiva entre características de contagem e porcentagem é contra-intuitiva, mas o mesmo comportamento de associação genética entre essas duas características também foi relatado por Perez et al. (2016) e Merton et al. (2009) para populações da raça Guzerá e Holandesa. Esses resultados reforçam que é possível

obter não apenas melhorias quantitativas, mas qualitativas, no desempenho da vaca Gir Leiteira em relação à seleção de características de PIVE a longo prazo.

Entretanto, quando sob a rotina de programas de melhoramento animal, nos quais o tempo e os recursos para a coleta de dados devem ser bem aplicados, o objetivo focado numa seleção para N_{EMB} pode representar um problema. O tempo necessário para o registro dos dados sobre essa característica inclui os processos de coleta de óvulos, fertilização *in vitro* e cultivo dos embriões. Nessas ocasiões, a seleção para N_{OV} pode ser uma opção mais valiosa, pois requer apenas o procedimento OPU para coleta de dados e mostrou herdabilidade moderada a alta. Além disso, o N_{OV} teve repetibilidade relativamente alta, permitindo a pré-seleção ou categorização de doadoras dentro do programa de melhoramento. Por fim, a associação entre N_{OV} e N_{EMB} também é alta, o que indica que a seleção para N_{OV} pode gerar ganhos genéticos indiretos para N_{EMB} .

A única desvantagem aparente de realizar a seleção direta para N_{OV} é a correlação genética estimada entre essa característica e P_{EMB} (-0.11), o que novamente foi observado nas raças *Bos indicus* e *Bos taurus* por Perez et al. [2016] e Merton et al. (2009), respectivamente. Portanto, a seleção intensiva para N_{OV} pode causar um prejuízo na eficiência da vaca em relação à PIVE a longo prazo. Uma consequência de tal comprometimento seria uma eventual incapacidade das vacas de produzir um número mínimo de embriões em um período determinado, causando um aumento nos custos relativos dos esquemas de criação e questões logísticas para os criadores no futuro. Uma maneira de evitar isso seria considerar o mérito genético de P_{EMB} como um ponto de corte na escolha de touros a serem usados em acasalamentos. Na figura 2.8 é apresentado um gráfico de dispersão contrastando os escores Z para VGE de touros Gir Leiteiro em teste de progênie para P_{EMB} e N_{OV} . Os valores do escore-Z foram obtidos considerando VGEs para todos os animais no arquivo de pedigree e extraindo apenas os touros em teste de progênie. Apesar da correlação genética negativa estimada no presente estudo, existem touros na população com alto VGE para ambas as características. Esses touros podem ser o alvo da seleção se as características da PIVE forem consideradas como critério de seleção. Evitar touros com mérito genético negativo para o P_{EMB} ajudaria a minimizar a possível deterioração da eficiência da vaca Gir Leiteira no PIVE no futuro.

Figura 2.8: Dispersão dos escores Z para o mérito genético para NOV e PEMB de touros Gir Leiteiro em teste de progênie. Touros com VGE acima de 0,5 desvios padrão acima da média para ambas as características são coloridas em preto. NOV= Numero de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis.

Para fins práticos, qualquer análise genética exige alguma validação, no sentido de que, ao escolher os melhores touros como pais da próxima geração deve resultar em melhor progênie. Na Figura 2.9, é mostrada a diferença observada no desempenho médio das filhas em relação às características de PIVE para dois grupos de touros em teste de progênie, sendo os melhores 10% VGE e menores 10% VGE. Isso ilustra a variação entre filhas de diferentes touros e a superioridade dos melhores touros nas características da PIVE. Como esperado, a diferença relativa no desempenho médio foi diretamente influenciada pela herdabilidade da característica. Para todas as características estudadas, o desempenho médio das filhas sempre foi maior para os 10% melhores grupos de touros VGE, o que sugere que o modelo proposto foi capaz de detectar indivíduos com melhor desempenho e alocar adequadamente a variação no componente genético aditivo. Esse achado apóia a implementação de tais modelos para análise genética da produção embrionária *in vitro* em bovinos Gir Leiteiros.

Figura 2.9: Boxplot do desempenho médio em características de produção in vitro das filhas dos grupos de touros de 10 % maior mérito genético (azul) e 10 % piores méritos genéticos (vermelho). NGI= Número de oócitos Grau I; NOV= Numero de oócitos viáveis; NEMB= Numero de embriões viáveis; PGI= Porcentagem de oócitos grau I; POV= Porcentagem de oócitos viáveis; PEMB= Porcentagem de embriões viáveis. O número médio de filhas com fenótipos por touro foi 12.

3.4.3 Associação entre características de reprodução artificial e outras características comumente avaliadas

Neste estudo, pretendemos estimar empiricamente a associação genética entre as características, calculando o coeficiente de correlação de Pearson dos VGE de touros Gir Leiteiro sob teste de progênie para características de PIVE e características produtivas, reprodutivas e de conformação já incluídas como critério de seleção para esta raça. Os resultados obtidos usando essa abordagem devem ser interpretados com cautela, pois não representam a correlação genética real obtida a partir de modelos animais considerando duas características, mas sim uma indicação dessa associação.

O coeficiente de correlação desfavorável de baixa magnitude encontrado entre VGE das características da contagem de PIVE (NOV, NGI and NEMB) e produção de leite (Figura 2.5) sugere que a seleção concomitante de ambas as características precisa de atenção para se evitar impactos negativos no futuro. Valores negativos da correlação genética também foram relatados por Jatón et al. (2016) entre

características produtivas e contagem de embriões produzidos *in vivo*. Esse resultado sugere que a seleção intensa e direta para um número maior de oócitos/embriões por sessão em vacas Gir Leiteiras pode implicar em alto risco de deterioração genética das características de produção a longo prazo. O uso de um índice de seleção pode ajudar a fazer o melhor uso das informações em acasalamento quando houver interesse em incluir as características da PIVE como critério de seleção. Merton et al. (2009) e Perez et al. (2017) detectaram correlação linear desfavorável, mas notavelmente baixa, entre VGE de características reprodutivas e PIVE em vacas da raça Holandesa e Guzerá, respectivamente. As diferenças observadas nas estimativas da correlação do VGE são altamente afetadas pela intensidade de seleção para produção de leite, número de touros e estrutura de pedigree. Portanto, espera-se que os resultados variem em magnitude entre as populações, mas a direção da associação é mantida.

Existe algum interesse claro na literatura para avaliar a magnitude e a direção das correlações genéticas entre as características de reprodução naturais e artificiais [MERTON et al., 2009; JATON et al., 2016; PEREZ et al., 2017], pois o último poderia ser um indicador de fertilidade da vaca. Associações entre VGE para idade no primeiro parto e características de contagem (Nov, N_{GI} e N_{EMB}) indicam impactos desfavoráveis na idade no primeiro parto quando a seleção é realizada para o número absoluto de oócitos ou embriões. Jatón et al. (2016) observaram correlação favorável entre as características de fertilidade da vaca e o número de embriões produzidos *in vivo* em bovinos da raça Holandesa. Os autores analisaram dados de procedimentos de superovulação, nos quais sugeriram preferências dos criadores para escolher apenas as fêmeas com mais eficiência reprodutiva para se submeterem a técnicas de reprodução artificial (MAPLETOFT, 2006). Essa pré-seleção de vacas provavelmente influenciou a correlação favorável relatada pelos autores, o que não foi detectado no presente estudo. Existe, é claro, a possibilidade de que o número de embriões produzidos *in vivo* possa compartilhar um *background* genético mais forte da fertilidade natural do que em procedimentos *in vitro*.

Oliveira Junior et al. (2017) reportaram uma correlação genética desfavorável entre o número de folículos antrais e precocidade da fêmea em bovinos Nelore usando dados genotípicos. No contexto deste estudo, Nov pode ser entendido como fortemente relacionado ao número de folículos antrais, pois representa uma medida

de folículos no ovário da vaca. A correlação linear positiva entre VGE para a idade do primeiro parto e as características de contagem de PIVE observadas no presente estudo está na mesma direção e também sugere que o número de oócitos / folículos no ovário da vaca e a precocidade da vaca têm um fundo genético antagonista.

A correlação entre o VGE das características percentuais (P_{OV} , P_{GI} e P_{EMB}) e a idade do primeiro parto foi favorável, embora de baixa magnitude. Isso indica que a seleção dessas características percentuais pode resultar em resposta indireta favorável à eficiência reprodutiva natural em vacas Gir Leiteiro. A associação entre a eficiência da vaca sobre a PIVE e a idade do primeiro parto também pode representar uma oportunidade para novos estudos e até para o desenvolvimento de esquemas de seleção otimizados para melhorar a fertilidade da vaca. É possível supor que, em um futuro próximo, os dados de PIVE provenientes de empresas parceiras possam apoiar a análise genética da idade no primeiro parto como uma nova fonte de informação, ajudando a aumentar a precisão do VGE das vacas e touros Gir Leiteiro. Mais estudos são necessários para avaliar com maior precisão a associação genética subjacente entre reprodução artificial e natural.

3.5 CONCLUSÕES

É possível A seleção para um melhor desempenho da produção embrionária *in vitro* por vacas Gir Leiteiro devido à quantidade razoável de variação genética detectada. A inclusão do número de oócitos como um novo critério de seleção poderia aumentar o retorno econômico de criadores de Gir Leiteiro. Um índice de seleção ajudaria evitar a deterioração da eficiência da vaca à PIVE a longo prazo. A associação entre as características de PIVE e a idade do primeiro parto ou a produção de leite foi principalmente baixa e desfavorável, exceto pela porcentagem de produção de oócitos grau I. Há indicações de que o touro usado para o procedimento de fertilização *in vitro* influencia tanto a quantidade quanto a qualidade dos embriões produzidos e, portanto, deve ser considerado nas avaliações genéticas.

3.6 REFERENCIAS

ABDOLLAHI-ARPANAHI R, PENAGARICANO F, ALILOO H, GHIASI H, URIOSTE JI. Comparison of Poisson, probit and linear models for genetic analysis of number of inseminations to conception and success at first insemination in Iranian Holstein cows. **Livestock Science**, 153(1-3), 20-26, 2013.

BALDASSARRE H, DE MATOS DG, FURNUS CC, CASTRO TE, CABRERA FISCHER EI. Technique for efficient recovery of sheep oocytes by laparoscopic folliculogenesis. **Animal Reproduction Science** 35, 145-150, 1994.

CALO LL, MCDOWELL RE, VANVLECK LD, MILLER PD. Genetic aspects of beef production among Holstein-Friesians pedigree select for milk production. **Journal of Animal Science** 1973, 37, 676-682, 1973

CANAZA-CAYO AW, COBUCI JA, LOPES PS, TORRES RA, MARTINS MF, DALTRO DS, SILVA MVGB. Genetic trend estimates for milk yield production and fertility traits of the Girolando cattle in Brazil. **Livestock Science**, 190, 113-122, 2019.

CORNELISSEN MAMC, MULLAART E, VAN DER LINDE C, MULDER HA. Estimating variance components and breeding values for number of oocytes and number of embryos in dairy cattle using single-step genomic evaluation. **Journal of Dairy Science**, 100, 1-8, 2017.

DONALDSON LE. Embryo production in superovulated cows; transferable embryos correlated with total embryos. **Theriogenology**, 21, 51, 1984.

DRUET T, Fritz S, SELLEM E, BASSO B, GERARD O, SALAS-CORTES S, HUMBLLOT P, DRUART X, EGGEN A. Estimation of genetic parameters and genome scan for 15 semen characteristics traits of Holstein bulls. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 126, 269- 277, 2009

GEWEKE J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: Bernardo JM, Berger JO, Dawid AP, Smith AFM, editors. **Bayesian statistics** 4, vols. 625-631. Oxford: Clarendon; 1992.

GUIMARAES PHS, MADALENA FE, CEZAR IM. Comparative economics of Holstein/Gir F1 dairy female production and conventional beef cattle suckler herds e a simulation study. **Agriculture System**, 88, 111-124, 2006.

HADFIELD JD. MCMC methods for multi-response generalized linear mixed models:

the MCMCglmm R package. *Journal of Statistics Software*, 33(2),1- 22, 2010.

HEIDELBERGER P & WELCH PD. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. **Operations Research**, 31(6), 1109–144, 1983.

JATON C, KOECK A, SARGOLZAEI M, MALCHIODI F, PRICE CA, SCHENKEL FS, MIGLIOR F. Genetic analysis of superovulatory response of Holstein cows in Canada. **Journal of Dairy Science**, 99,1-12, 2016.

KONIG S, BOSSELMANN F, VON BORSTEL UU, SIMIANER H. Genetic analysis of traits, affecting the success of embryo transfer in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 90, 3945 3954, 2007.

LOHUIS MM. Potential benefits of bovine embryo-manipulation technologies to genetic improvement programs. **Theriogenology**, 43, 51-60, 1995.

MADALENA FE. Animal breeding and development e south American perspective. **Journal of Animal Breeding and Genetic**,129, 171-182, 2012.

MAPLETOFT RJ. Bovine embryo transfer. In: I.V.I.S., editor. **IVIS reviews in veterinary medicine**. Ithaca NY: International Veterinary Information Service; 2006.

MERTON JS, ASK B, ONKUNDI DC, MULLAART E, COLENBRANDER B, NIELEN M. Genetic parameters for oocyte number and embryo production within a bovine ovum pick-up-in vitro production embryo-production program. **Theriogenology**, 72, 885-893, 2009.

NAYA H, URIOSTE JI, CHANG YM, RODRIGUEZ-MOTTA M, KREMER R, GIANOLA D. A comparison between Poisson and zero-inflated Poisson regression models with and application to number of black spots in Corriedale sheep. **Genetic Selection Evolution**, 40, 379-394, 2008.

NICHOLAS FW, SMITH C. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. **Animal Production Science**, 36, 341-353, 1983.

OLIVEIRA JÚNIOR GA, PEREZ BC, COLE JB, SANTANA MHA, SILVEIRA J, MAZZONI G, VENTURA RV, SANTANA JÚNIOR ML, KADARMIDEEN HN, GARRICK DJ, FERRAZ JBS. Genomic study and Medical Subject Headings enrichment analysis

of early pregnancy rate and antral follicle numbers in Nelore heifers. **Journal of Animal Science**, 95,4796-4812, 2017

PANETTO JCC, SILVA MVGB, VERNEQUE RS, MACHADO MA, FERNANDES AR, MARTINS MF, REIS DRL, ARBEX WA, DE OLIVEIRA JC, VENTURA HT, PEREIRA MA. National breeding program of dairy Gir cattle - Brazilian summary of bulls - progeny testing results e April 2019. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite; 2019. p. 98 (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 235).

PEIXOTO MGCD, PEREIRA CS, BERGMANN JAG, PENNA VM, FONSECA CG. Genetic parameters of multiple ovulation traits in Nellore females. **Theriogenology**, 62, 1459-1464, 2004.

PEIXOTO MGCD, POGGIAN CF, VERNEQUE RS, EGITO AA, CARVALHO MRS, PENNA VM, BERGMANN JAG, VICCINI LF, MACHADO MA. Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**,131(2-3),168-174, 2010

PENAGARICANO F, URIOSTE J, NAYA H, DE LOS CAMPOS G, GIANOLA D. Assessment of Poisson, Probit and linear models for genetic analysis of presence and number of black spots in Corriedale sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 128(2),105-113, 2010.

PEREZ BC, BALIEIRO JCC, JUNIOR GAO, ANDRIETTA LT, VIZONA RG, VENTURA RV, BRUNELI FAT, PEIXOTO MGCD. State of inbreeding and genetic trends for estimated breeding values in IVF embryos and oocyte donors in the Brazilian Guzera cattle. **Theriogenology**, 125,71-78, 2019.

PEREZ BC, PEIXOTO MGDC, BRUNELI FAT, RAMOS PVB, BALIEIRO JCC. Genetic analysis of oocyte and embryo production traits in Guzera breed donors and their association with age a first calving. **Genetic Molecular Resource**,15(2),1-9, 2016.

PEREZ BC, SILVA FF, VENTURA RV, BRUNELI FAT, BALIEIRO JCC, PEIXOTO MGDC. Count Bayesian models for genetic analysis of in vitro embryo production traits in Guzera cattle. **Animal**, 11, 1440-1448, 2017.

PLUMMER M, BEST N, COWLES K, VINES K. CODA: convergence diagnosis and output analysis for MCMC. **R News**, 6(1):7-11, 2006.

PONTES JHF, MELO STERZA FA, BASSO AC, FERREIRA CR, SANCHES BV, RUBIN KCP, Seneda MM. Ovum pick up, in vitro embryo production, and pregnancy rates from a large-scale commercial program using Nelore cattle (*Bos indicus*) donors. **Theriogenology**, 75,1640-1646, 2011.

PONTES JHF, SILVA KCF, BASSO AC, RIGO AG, FERREIRA CR, SANTOS GMG, SANCHES BV, PORCIONATO JPF, VIEIRA PHS, FAIFER FS, STERZA FAM, SCHENK JL, SENEDA MM. Large-scale in vitro embryo production and pregnancy rates from *cos taurus*, *Bos indicus*, and *indicus-taurus* dairy cows using sexed sperm. **Theriogenology**, 74,1349-1355, 2010.

R CORE TEAM R. A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing; 2008.

RAFTERY AE, LEWIS LM. Comment: one long run with diagnostics: implementation strategies for Markov chain Monte Carlo. **Statistics Science**, 7, 493-7, 1992.

SANTANA jr ML, PEREIRA RJ, BIGNARDI AB, EL FARO L, TONHATI H, ALBUQUERQUE LG. History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, 163,26-33, 2014.

SARTORI R, BASTOS MR, BARUSELLI PS, GIMENES LU, ERENO RL, BARROS CM. Physiological differences and implications to reproductive management of *Bos Taurus* and *Bos indicus* cattle in a tropical environment. **Society of Reproduction and Fertility**, 67, 357-375, 2010.

SILVA-SANTOS KC, SANTOS GMG, SILOTO LS, HERTEL MF, ANDRADE ER, RUBIN MIB, STURION L, MELO-STERZA FA, SENEDA MM. Estimate of the population of preantral follicles in the ovaries of *Bos taurus indicus* and *Bos taurus taurus* cattle. **Theriogenology**,76,1051-1057, 2011.

SMITH C. Applications of embryo transfer in animal breeding. **Theriogenology**, 29, 203-212, 1988.

STROUD B, Hasler JF. Dissecting why superovulation and embryo transfer usually work on some farms but not on others. **Theriogenology**, 65, 65-76, 2006.

VAZQUEZ AI, GIANOLA D, BATES D, WEIGEL KA, HERINGSTAD B. Assessment of Poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. **Journal of Dairy Science**, 92, 739-748, 2009.

VIANA JHM, FIGUEIREDO ACS, SIQUEIRA LGB. Brazilian embryo industry in context: pitfalls, lessons, and expectations for the future. **Animal Reproduction**, 14, 476-481, 2017.

VIANA JHM. Statistics of embryo production and transfer in domestic farm animals: is it a turning point? In 2017 more in vitro-produced than in vivoderived embryos were transferred worldwide. **Embryo Transfer Newsletter**, 2017, 36, 8-25, 2018.

WAGTENDONK-DE LEEUW AM, MULLAAR E, DE ROOS APW, MERTON JS, DE DAAS JHG, KEMP B, DE RUIGH L. Effects of different reproduction techniques: AI, MOET or IVP, on health and welfare of bovine offspring. **Theriogenology**, 53, 575-597, 2000.

WEIGEL KA. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, 84, 177-184, 2001.

WOLC A, ARANGO J, SETTAR NP, O'SULLIVAN NPO, OLORI E, WHITE IMS, HILL WG, Dekkers JCM. Genetic parameters of egg defects and egg quality in layer chickens. **Poultry Science**, 91, 1292-1298, 2012.

ANEXO A – Correlação Genética entre as Características Morfológicas da raça Gir Leiteiro.

Figura A-1: Valores da estimativa de correlação genética entre as características morfológicas estudadas.

AG=Altura de Garupa; PT= Perímetro Torácico; CC= Comprimento Corporal; CG= Comprimento da Garupa; LIS= Largura entre Ísquios; LG= Largura de Garupa; ANG= Ângulo de Garupa; IUA= Inserção Anterior de Úbere; LUP= Largura Posterior de Úbere; PU= Profundidade de Úbere; CT= Comprimento de Tetos; DT= Diâmetro de Tetos; AP= Ângulo de Pés; PPL= Posição Lateral de Pernas; PPT= Posição Traseira de Pernas.