UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

CAROLINE ASSIS ALMEIDA

Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore

Pirassununga
2022

CAROLINE ASSIS ALMEIDA

Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore

“Versão Corrigida”

Dissertação apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestre em Ciências do programa de pós-graduação em Biociência Animal.

Área de Concentração: Melhoramento Genético Animal.

Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz

Co-orientador: Profª. Dra. Rachel dos Santos Bueno Carvalho

Pirassununga

2022

Ficha catalográfica elaborada pelo
Serviço de Biblioteca e Informação, FZEA/USP,
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

Almeida, Caroline Assis
A447i Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos ... / Caroline Assis Almeida ; orientador José Bento Sterman Ferraz ; coorientadora Rachel dos Santos Bueno Carvalho. -- Pirassununga, 2022.
85 f.

Dissertação (Mestrado - Programa de Pós-Graduação em Biociência Animal) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

1. Melhoramento genético animal. 2. Componentes de variância. 3. Inferência Bayesiana. 4. Pseudo-fenótipos. 5. Bovinos de corte . I. Ferraz, José Bento Sterman, orient. II. Carvalho, Rachel dos Santos Bueno, coorient. III. Título.

Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte - o autor

CAROLINE ASSIS ALMEIDA

Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore

Dissertação apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para a obtenção do título de Mestra em Ciências do programa de pós-graduação em Biociência Animal.

Área de Concentração: Melhoramento Genético Animal.

Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz

Co-orientador: Profª. Dra. Rachel dos Santos Bueno Carvalho

Data de aprovação: __/__/____

Banca examinadora

Prof. Dr.
Instituição:

Prof. Dr.
Instituição:

Prof. Dr.
Instituição:

AGRADECIMENTOS

Com a finalização dessa etapa não posso deixar de agradecer a algumas pessoas que, direta ou indiretamente, me ajudaram nesta caminhada tão importante da minha vida pessoal e profissional, que foi o curso de metrado.

Agradeço à minha família, principalmente a minha mãe e meu pai, sem eles dificilmente conseguiria chegar até aqui. Por estarem sempre lá para me amparar, criticar, congratular fazendo-me sentir uma pessoa melhor e por acreditarem no meu potencial.

Ao meu namorado Ramon dos Santos Alves, por todo o apoio que sempre me deu, o incentivo que me fornecia quando nem eu mesmo acreditava em mim. Obrigada pelo carinho e por me aturar meus choros quando eu surtava com as análises que não davam certo.

Ao professor Dr. José Bento Ferraz, por me auxiliar na escolha da área de melhoramento genético no final da minha graduação e por me dar a oportunidade de continuar nessa área. Obrigada pelos ensinamentos, orientação, apoio e incentivo durante esses anos.

À professora Dra. Rachel dos Santos Bueno, minha co-orientadora, a quem eu agradeço muito por aceitar me ajudar nessa etapa, pela paciência e carinho nos ensinamentos e por fim pela amizade e por não se irritar com os meus áudios gigantescos.

Ao professor Dr. Joanir Perreira Eler, por todos os ensinamentos desde a graduação com as aulas e apostilas de melhoramento genético animal.

À MSc. Elisângela Chicaroni Mattos, que me acolheu tão bem no GMBA, que me ajudou muito e ainda me ajuda, que é bondosa e cheia de luz.

À Dra. Barbara da Conceição Abreu Silva, a quem eu considero uma amiga para a vida toda, obrigada por ter falado comigo e me tirado do casulo, obrigada pelos ensinamentos, risadas, comidas e conversas infinitas.

Ao Dr. Fernando Oliveira Bussiman, pela amizade, cumplicidade, paciência e pelos ensinamentos. Você é uma pessoa que admiro, além do que você me inspira a ser melhor.

Aos amigos/família do GMAB (Alysson, Fernanda e Felipe) que fiz nessa jornada, obrigada pela paciência, ensinamentos, risadas, comidas e apoio durante o meu período de aprendizado.

Ao professor Dr. Miguel Henrique de Almeida Santana e a Agro-pecuária CFM Ltda., pelos bancos de dados cedidos.

À Universidade de São Paulo, aos professores e funcionários da instituição, pela oportunidade da realização do curso de mestrado.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

"I hear and I forget. I see and I remember. I do and I understand."

Confucius

RESUMO

ALMEIDA, C. A. **Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.** 2022. 85 f. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2022.

O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos entre as características reprodutivas e de eficiência alimentar, além de avaliar o impacto da utilização de diferentes pseudo-fenótipos na predição dessas caracteristicas. O trabalho foi desenvolvido no Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo em parceria com a Agro-Pecuária CFM. O banco de dados continha informações fenotípicas de 2.058 animais Nelore de características de eficiência alimentar, como o consumo alimentar residual (CAR), ganho de peso residual (GPR), consumo e ganho residual (CGR) e informações fenotípicas de 192.005 fêmeas Nelore de características reprodutivas, como a probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), capacidade de permanência no rebanho (STAY) e a produtividade anual média da vaca (PRODAM). Os componentes de (co)variância foram estimados em uma análise multi-característica via inferência bayesiana. Para a predição dos valores genéticos foram utilizadas as metodologias BLUP e ssGBLUP, considerando quatro cenários de predição com diferentes variáveis respostas (fenótipo original, fenótipo ajustado para efeitos fixos, valor genético e valor genético desregredido). A fim de avaliar o impacto das predições, a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos e genômicos e a correlação de Spearman foram calculadas. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade encontrados foram: 0,38 ± 0,03 para PP14, 0,10 ± 0,01 para STAY, 0,09 ± 0,01 para PRODAM, 0,22 ± 0,07 para CAR, 0,28 ± 0,09 para GPR e 0,23 ± 0,07 para CGR. As estimativas dos coeficientes de correlação genéticas entre as características de eficiência alimentar e a PP14 foram antagônicas e de magnitude moderada a baixa, sendo, 0,19 (CAR e PP14), -0,33 (GPR e PP14) e -0,24 (CGR e PP14), indicando que a seleção para essas características de eficiência alimentar podem ser prejudiciais para probabilidade de prenhez de novilhas precoces. Os coeficientes de correlação de Pearson entre os valores genéticos e genômicos preditos e a correlação de rank apresentaram-se de maneira similar quando utilizado a metodologia BLUP e ssGBLUP, no qual as maiores magnitudes dos coeficientes de correlações foram encontradas quando utilizado o valor genético desregredido como pseudo-fenótipo , além de apresentar uma menor dispersão de predição. Desse modo, os resultados

indicam que o valor genético desregredido pode ser usado como uma variável de resposta alternativa para predição genômica.

Palavras-chave: bovinos de corte, desregressão, inferência bayesiana, precocidade sexual, pseudo-fenótipos, ssBLUP.

ABSTRACT

ALMEIDA, C. **Inclusion of genomic information in the prediction of additive genetic values for feed and reproductive efficiency traits in Nellore cattle.** 2022. 85 f. Thesis (Master) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2022.

The aim of this study was to estimate the genetic parameters between reproductive and feed efficiency traits and to evaluate the impact of using different pseudo-phenotypes in the prediction of breeding values. It was developed at the Group of Animal Breeding and Biotechnology of the College of Animal Science and Food Engineering at the University of São Paulo in partnership with Agro-Pecuária CFM. The database contained phenotypic data from 194,063 Nellore animals and pedigree information from 802,057 animals. The evaluated traits were probability of pregnancy at 14 months (PP14), stayability (STAY), cumulative annual productivity (PRODAM), residual feed intake (RFI), residual body weight gain (RG), and residual intake and gain (RIG). The variance components and genetic parameters were estimated under a multi-trait analysis via Bayesian inference. We used BLUP and ssGBLUP for breeding value prediction, in which we considered four prediction scenarios with different response variables (original phenotype, phenotype adjusted for fixed effects, genetic breeding values, and deregressed breeding values). To assess the impact of the predictions, the estimate of Pearson's correlation coefficient between the genetic and genomic values and Spearman's correlation were examined. The heritability estimates were: 0.38 ± 0.03 for PP14, 0.10 ± 0.01 for STAY, 0.09 ± 0.01 for PRODAM, 0.22 ± 0.07 for RFI, 0 .28 ± 0.09 for RG and 0.23 ± 0.07 for RIG, indicating moderate response to selection for the trait PP14. Estimates of genetic correlation coefficients between feed efficiency traits and PP14 were unfavorable for selection, 0.19 (RFI and PP14), -0.33 (RG and PP14), and -0.24 (RIG and PP14) indicating that selection for these feed efficiency traits can be detrimental to the probability of pregnancy of early heifers. Pearson's correlation coefficients between the predicted breeding values and the rank correlation were similar when we used BLUP or ssGBLUP methods, in which the highest magnitudes of the correlation coefficients were found when we used the deregressed breeding values and show a lower prediction bias. Thus, the results indicate that the deregressed breeding values can be used as an alternative response variable for genomic prediction.

Keywords: beef cattle, deregression, Bayesian inference, sexual precocity, pseudo-phenotypes, ssGBLUP.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO 16
1.1 Hipótese 18
1.2 Objetivos 18
1.2.1 Objetivo geral 18
1.2.2 Objetivos específicos 18
Referências 19
2. REVISÃO DE LITERATURA 21
2.1 Melhoramento Genético Animal 21
2.2 Parâmetros Genéticos 22
2.3 Predição dos valores genéticos aditivos 24
2.4 Predição dos valores genômicos 26
Referências 30
3. ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR E REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA NELORE ATRAVÉS DE MODELOS MULTI-CARACTERÍSTICAS BAYESIANOS 35
3.1 Introdução 38
3.2 Material e Métodos 39
3.2.1 Dados 39
3.2.2 Características 40
3.2.3 Modelos de Análise 42
3.2.5 Estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos ... 43
3.3 Resultados e Discussões 43
3.4 Conclusões 51
Referências 53
4. USO DOS PSEUDO-FENÓTIPOS DESREGREDIDOS PARA A PREDIÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS ADITIVOS EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR E REPRODUTIVAS EM BOVINOS NELORE 59
4.1 Introdução 62
4.2 Material e Métodos 63
4.2.1 Banco de dados 63
4.2.2 Predição dos valores genéticos e dos pseudo-fenótipos 64
4.2.3 Análises de correlação 65
4.3 Resultados e Discussões 66

4.4 Conclusões 82
Referências 83
5. CONCLUSÃO GERAL 85

LISTA DE TABELAS

Tabelas do Capítulo 3

Tabela 3. 1 - Número de animais dentro de cada categoria para diferentes critérios para as características categóricas e a estatística descritiva para características reprodutivas e de eficiência alimentar em bovinos Nelore. 40

Tabela 3. 2 - Estimativas dos componentes de variância e do coeficiente de herdabilidade das características de eficiência alimentar e das reprodutivas, sob análise multi-característica via inferência Bayesiana. 45

Tabela 3. 3 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética [intervalo] acima da diagonal e estimativas dos coeficientes de correlação residual [intervalo] abaixo da diagonal das características avaliadas, sob análise multi-característica via inferência Bayesiana.47

Tabelas do Capítulo 4

Tabela 4. 1 – Correlações de Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal), nos diferentes cenários avaliados para as características em estudo. 66

Tabela 4. 2 – Coeficiente angular da reta de regressão dos EBVs sobre os EBVs preditos a partir das variáveis respostas (EBV_{YADJ}, EBV_{EBV} e EBV_{G}). 68

Tabela 4. 3 – Correlações, Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal), entre valores genômicos preditos para as características avaliadas. 70

Tabela 4. 4 – Correlações de Spearman para a característica CAR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 78

Tabela 4. 5 – Correlações de Spearman para a característica GPR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 79

Tabela 4. 6 – Correlações de Spearman para a característica CGR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 79

Tabela 4. 7 – Correlações de Spearman para a característica PP14, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 80

Tabela 4. 8 – Correlações de Spearman para a característica STAY, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 80

Tabela 4. 9 – Correlações de Spearman para a característica PRODAM, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados. 81

LISTA DE FIGURAS

Figura 4. 1 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão do EBV_Y sobre o EBV_G para as características estudadas. 69
Figura 4. 2 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o consumo alimentar residual..... 72
Figura 4. 3– Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o ganho de peso residual. 73
Figura 4. 4 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o consumo e ganho residual. 74
Figura 4. 5 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a probabilidade de prenhez aos 14 meses. 75
Figura 4. 6 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a stayability. 76
Figura 4. 7 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a produtividade anual média da vaca. 77

DECLARAÇÃO COMITÊ DE ÉTICA

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos
Comissão de Ética no Uso de Animais

DISPENSA DE ANÁLISE ÉTICA

Comunicamos que o projeto de pesquisa abaixo identificado **está dispensado da análise ética** por utilizar animais oriundos de coleções biológicas formadas anteriormente ao ano de 2008, ano da promulgação da Lei nº 11.794/2008 – lei que estabelece procedimentos para o uso científico de animais.

Ressaltamos que atividades realizadas na vigência da referida lei, ou que resulte em incremento do acervo biológico, devem ser submetidas à análise desta CEUA conforme disposto pelo *Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal* (CONCEA).

Projeto: Inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos aditivos para características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.

Finalidade: Pesquisa Acadêmica - Dissertação de Mestrado

Pesquisador: Caroline Assis Almeida

Pesquisador responsável: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz (Dep. ZMV)

Instituição: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos

Informações adicionais: fonte dos dados: banco de dados gerado a partir de projeto de avaliação genética.

Pirassununga, 18 de agosto de 2020.

Profa. Dra. CRISTIANE GONÇALVES TITTO
Presidente da Comissão de Ética no Uso de Animais

Profa. Dra. DANIELE DOS SANTOS MARTINS
Vice-Presidente da Comissão de Ética no Uso de Animais

Av. Duque de Caxias Norte, 225 - 13635-900 – Pirassununga, SP
Fone: (19) 3565-6759 -- E-mail: cepfzea@usp.br

1. INTRODUÇÃO

O Brasil se destaca na produção pecuária mundial, possuindo o maior rebanho comercial de bovinos, com 187,55 milhões de cabeças; sendo o maior exportador de carne bovina (2,69 milhões de toneladas de carne) e, o segundo maior produtor com aproximadamente 41,5 milhões de cabeças abatidas em 2020 (ABIEC, 2021).

Cerca de 80% dos rebanhos de cria são formados por genética zebuína, principalmente de animais da raça Nelore, provando a relevância desse grupo genético na atividade pecuária brasileira (ABCZ, 2017). Contudo, os índices produtivos e econômicos da bovinocultura de corte ainda são muito inferiores do que o esperado, fazendo necessária a utilização de tecnologias voltadas para o progresso produtivo da pecuária de corte.

Além do baixo índice produtivo, a pecuária nacional tem que encarar o aumento dos custos de produção. Deste modo, a decisão a se tomar é o aumento da eficiência dos sistemas de produção, por meio do ambiente, do manejo, da nutrição e da genética dos rebanhos. Para incrementar a qualidade genética é necessário estabelecer objetivos de seleção que priorizem todas as características que influenciam a produtividade e a lucratividade. Na escolha dos animais melhoradores deve-se levar em consideração tanto questões genéticas quanto econômicas.

O principal fator econômico que influencia a produção e rentabilidade da pecuária de corte é a alimentação. Além disso, dadas as mudanças climáticas, redução das áreas de pastagem e aumento da produção de carne, a seleção pela eficiência alimentar pode trazer benefícios a longo prazo. Desta forma, a seleção genética tornou-se atraente para melhorar a sustentabilidade econômica e ambiental dos sistemas industriais (KENNY et al., 2018).

Segundo Brumatti et al. (2011) a ordem de importância em termos econômicos das características, é tida como: aproveitamento de carcaça; características reprodutivas (destacando a fertilidade, precocidade sexual e habilidade de permanência); características ponderais (como ganho de peso e pesos ao longo da vida produtiva) e, por último, as características de mortalidade. Expondo que as características reprodutivas possuem uma alta relevância econômica, fazendo jus a inclusão dessas características nos índices de seleção.

É importante entender a relação entre eficiência alimentar e fertilidade, em bovinos de corte visto que as informações são limitadas sobre o impacto da seleção para eficiência alimentar na reprodução. Em bovinos de corte, a seleção para consumo alimentar residual (CAR) não teve efeito significativo sobre a taxa de prenhez, taxa de parto (ARTHUR et al., 2005; BASARAB et al., 2007), crescimento ou maturação do útero e ovários, nas medidas do trato reprodutivo e a idade do primeiro parto (FERREIRA JÚNIOR et al., 2018). No entanto,

houve diferenças significativas nas datas de parto, em que fêmeas eficientes para CAR conceberam seus bezerros mais tarde do que fêmeas ineficientes para CAR (ARTHUR et al., 2005; BASARAB et al., 2007; DONOGHUE et al., 2011; RANDEL; WELSH, 2013), e outros autores relataram uma associação desfavorável entre idade a puberdade e o CAR (SHAFFER 2010; CROWLEY et al., 2011).

Em touros jovens, foi encontrado uma relação inversa entre medidas que relacionam fertilidade e eficiência alimentar, em que foi verificado menor motilidade espermática (WANG, 2012; AWDA et al., 2013) e diminuição da qualidade do sêmen (HAFLA et al., 2012; FONTOURA et al., 2016) em touros eficientes para o CAR.

As características mensuradas diretamente nas fêmeas, como probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), capacidade de permanência no rebanho ou *stayability* (STAY) e produtividade anual média da vaca (PRODAM), podem acelerar a eficiência reprodutiva do rebanho se incluídas nos programas de melhoramento genético e seleção. Faz-se necessário então, compreender o relacionamento genético dessas características reprodutivas com as de eficiência alimentar a fim de aumentar a produtividade do rebanho. Na raça Nelore, as relações entre essas características, apesar da grande especulação a respeito, são praticamente desconhecidas e de difícil mensuração conjunta.

Atualmente, nos programas de melhoramento, se faz uso da matriz de parentesco genômico (**G**) ou da matriz que agrega as relações genéticas entre animais genotipados e não genotipados, a matriz **H** (LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009; AGUILAR et al., 2010). Além disso, o uso de pseudo-fenótipos pode ampliar de maneira significativa o tamanho amostral, visto que é produzido uma pontuação fenotípica para cada indivíduo genotipado; essa prática tem sido utilizada correntemente para estudo de parâmetros genéticos e componentes de variância (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009; NEVES et al., 2014).

1.1 Hipótese

Existem correlações genéticas entre características ligadas à eficiência alimentar e características reprodutivas mensuradas diretamente nas fêmeas da raça Nelore.

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo geral

- Estimar as correlações genéticas e genômicas entre características de eficiência alimentar e características reprodutivas de fêmeas em bovinos da raça Nelore, bem como, avaliar a utilização dos pseudo-fenótipos e seu impacto na predição dos valores genéticos aditivos.

1.2.2 Objetivos específicos

- Estimar os componentes de (co)variância, herdabilidades e correlações genéticas e genômicas para as características em estudo;
- Avaliar diferentes estruturas de parentesco, como a matriz **A** (HENDERSON, 1975) e a matriz **H** (AGUILAR et al., 2010; LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009) na predição de valores genéticos para as características estudadas;
- Obter os pseudo-fenótipos por meio do método de desregressão (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009);
- Estimar o coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos e o coeficiente de correlação de Spearman a fim de verificar se há alteração no ranqueamento dos animais pelos métodos estudados.

Referências

ABCZ – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU. Estatísticas da Pecuária Brasileira. O mapa do Zebu no Brasil nos últimos 20 anos: dados estatísticos. 2017. Uberaba, Minas Gerais. Disponível em: < http://www.zebu.org.br/Home/Conteudo/15527-O-mapa-do-Zebu-no-Brasil-nos-ultimos-20-anos-dados-estatisticos>. Acesso em 14 de janeiro de 2020.

ABIEC - ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE. São Paulo: Beef Report, Perfil da Pecuária Brasileira 2021. Disponível em < http://abiec.com.br/>. Acessado em: 16 de janeiro de 2022.

AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743–752, 2010.

ARTHUR, P. F.; HERD, R. M.; WILKINS, J.; ARCHER, J. A. Maternal productivity of Angus cows divergently selected for post-weaning residual feed intake. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 45, n. 7–8, p. 985–993, 2005.

AWDA, B. J. et al. The relationship between feed efficiency traits and fertility in young beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 93, n. 2, p. 185–192, 2013.

BASARAB, J. et al. Relationships between progeny residual feed intake and dam productivity traits. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 87, n. 4, p. 489-502, 2007.

BRUMATTI, R. C.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; FORMIGONNI, I. B. Desenvolvimento de índice de seleção em gado corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, v. 60, n. 230, p. 205–213, 2011.

CROWLEY, J. J. et al. Genetic relationships between feed efficiency in growing males and beef cow performance. **Journal of Animal Science**, v. 89, n. 11, p. 3372–3381, 2011.

DONOGHUE, K. A. et al. Onset of puberty and early-life reproduction in Angus females divergently selected for post-weaning residual feed intake. **Animal Production Science**, n. 51, p. 183–190, 2011.

FERREIRA JÚNIOR, R. J. et al. Evidence of negative relationship between female fertility and feed efficiency in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 10, p. 4035–4044, 2018.

FONTOURA, A. B. P. et al. Associations between feed efficiency, sexual maturity and fertility-related measures in young beef bulls. **Animal**, v. 10, n. 1, p. 96–105, 2016.

GARRICK, D. J.; TAYLOR, J. F.; FERNANDO, R. L. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 55, 2009.

HAFLA, A. N. et al. Relationships between feed efficiency, scrotal circumference, and semen quality traits in yearling bulls. **Journal of Animal Science**, v. 90, n. 11, p. 3937–3944, 2012.

HENDERSON, C. R. Use of Relationships Among Sires to Increase Accuracy of Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 58, n. 11, p. 1731–1738, 1975.

KENNY, D. A. et al. Invited review: Improving feed efficiency of beef cattle - The current state of the art and future challenges. **Animal**, v. 12, n. 9, p. 1815–1826, 2018.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656–4663, 2009.

NEVES, H. H. R. et al. Accuracy of genomic predictions in Bos indicus (Nellore) cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, p. 17, 2014.

RANDEL, R. D.; WELSH, J. H. Joint Alpharma-beef Species Symposium: Interactions of feed efficiency with beef heifer reproductive development. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 3, p. 1323–1328, mar. 2013.

SHAFFER, K. S. **Residual feed intake, body composition and fertility in yearling Residual feed intake, body composition and fertility in yearling beef heifers beef heifers**. 2010. Davis College of Agriculture, Natural Resources and Designat West Virginia University, Morgantown, West Virginia, 2010. Disponível em: <https://researchrepository.wvu.edu/etd>.

WANG, Z.; COLAZO, M. G.; BASARAB, J. A.; GOONEWARDENE, L. A.; AMBROSE, D. J.; MARQUES, E.; PLASTOW, G.; MILLER, S. P.; MOORE, S. S. Impact of selection for residual feed intake on breeding soundness and reproductive performance of bulls on pasture-based multi-sire mating. Journal of Animal Science, v. 90, p. 2963–2969, 2012.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Melhoramento Genético Animal

Melhoramento genético animal é o conjunto de processos seletivos que visam o aumento da frequência dos alelos desejáveis na população e a consequente diminuição dos indesejáveis (ELER, 2017). É uma tarefa continua que envolve os processos de produção (alimentação, manejo e sanidade), de seleção e de sistemas de acasalamento dos indivíduos escolhidos, com a finalidade de obter melhores níveis no sistema de produção, lucratividade e qualidade do produto atendendo as exigências do mercado.

Na produção deve-se possibilitar condições ambientais e de manejo adequadas para que os animais possam expressar de forma eficaz o seu potencial genético, uma vez que, a produção de cada indivíduo é resultado da ação dos seus genes e das forças que agem sobre ele, ou seja, fenótipo (valor observado da característica medida em um indivíduo) = genótipo (conjunto de genes que cada indivíduo em particular possui) + ambiente (toda circunstância não genética que influencie o valor fenotípico) + interação do genótipo com o ambiente.

A seleção implica na escolha dos melhores animais para serem acasalados entre si e na determinação da intensidade do uso dos mesmos na reprodução, acarretando na alteração das frequências alélicas, com a finalidade de aumentar a frequência dos alelos favoráveis para o objetivo de seleção em uma determinada população. Os critérios de seleção são as características com base nas quais os animais são escolhidos, podem ser constituídos por uma única característica ou por uma associação de características (GARNERO et al., 2002).

Os índices de seleção foram propostos por Hazel e Lush (1942) para a seleção de múltiplas características, pois combinam características desejáveis no animal e sumarizar em apenas um número por animal. É um procedimento que visa obter as ponderações adequadas para as informações de desempenho do animal e de seus parentes, na predição do valor genético (ELER, 2017), de modo que a seleção seja baseada em um agregado genotípico relacionando o mérito genético e o valor econômico de cada característica (SILVA, 2016), contribuindo para uma maior eficiência econômica dos processos de avaliação genética, aumentando a eficiência produtiva e econômica da pecuária (VAN VLECK, 1993; AMER; EMMANS; SIMM, 2001; JORGE; CARDOSO; ALBUQUERQUE, 2007).

Deve-se destacar que, na escolha das características que irão compor o índice de seleção não se deve considerar somente a importância econômica e o quanto a característica poderá ser transmitida a descendências, mas também a sua capacidade de correlação com outras características de importância econômica (SILVA, 2016). Visto que se pode obter ganhos

genéticos significativos a partir da seleção direta ou indireta para as características dos objetivos de seleção.

No momento presente, as características utilizadas como critérios de seleção em bovinos de corte são, em sua maioria, contínuas, representando dados quantitativos, de natureza contínua e distribuição normal (LOBO et al., 2004). Entretanto, algumas outras características de importância econômica têm sua distribuição descontínua, tendo sua expressão fenotípica em poucas categorias e nesse caso a metodologia aplicada às características que apresentam distribuição contínua não é a mais indicada (FERREIRA, 2008).

Um dos métodos de estimação dos componentes (co)variância para as características contínuas é a máxima verossimilhança restrita (REML) (PATTERSON; THOMPSON, 1971; HARVILLE, 1977). Para as características categóricas pode-se fazer o uso da inferência Bayesiana (GEMAN; GEMAN, 1984; GELFAND; SMITH, 1990).

Para a eleição e utilização dos critérios de seleção, é fundamental a estimação dos parâmetros genéticos, valores específicos de cada população ou rebanho, sendo alterados em consequência de seleção genética, do ambiente, do manejo e até métodos e modelos de estimação (BOURDON, 2000; YOKOO et al., 2007).

2.2 Parâmetros Genéticos

A predição do valor genético é realizada por meio da estimação dos efeitos genéticos aditivos, não-aditivos e ambientais de caráter temporário ou permanente, que formam os componentes de (co)variância (BRUNES, 2017). A determinação desses fatores leva a estimativas acuradas tanto dos parâmetros quanto dos valores genéticos, permitindo identificar o potencial de transmissão das características para as gerações futuras (MUCARI; OLIVEIRA, 2003).

Os valores dos componentes de (co)variância são utilizados para estimar os coeficientes de herdabilidade (h^2), correlação genética (r_g) e repetibilidade (R) das características avaliadas (ELER, 2017). Esses valores permitem predizer a resposta à seleção, tanto direta quanto indireta (LIRA; ROSA; GARNERO, 2008; PEREIRA, 2008).

A herdabilidade é o parâmetro que indica a consistência (confiabilidade) da utilização do desempenho fenotípico para definir o valor genético para determinada característica em uma população. Também mede o grau de semelhança entre o desempenho fenotípico dos filhos em relação ao mesmo desempenho dos pais (ELER, 2017). O coeficiente de herdabilidade avalia a capacidade de transmissão de uma característica para a sua progênie, expressando quanto da variabilidade de uma característica é de origem genética e, assim, permite a obtenção de

resposta à seleção (BRUNES, 2017).

O coeficiente de herdabilidade é a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica ($\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_A / \hat{\sigma}_P$) (FALCONER; MACKAY, 1996; ELER, 2017), que pode variar de 0 a 1. Podemos classificar os coeficientes de herdabilidade em baixa, moderada e alta magnitude, usualmente características com $h^2 < 0{,}20$ são consideradas de baixa herdabilidade, características com h^2 entre 0,20 e 0,40 são consideradas de moderadas herdabilidade e características com $h^2 > 0{,}40$ são consideras de alta herdabilidade (BOURDON, 2000). Os coeficientes são dependentes da frequência gênica e da variabilidade ambiental e variam de acordo com a população estudada.

Quando os coeficientes são altos significam que as diferenças entres os animais são devidas, especialmente, ao componente genético, indicando que o ganho genético pode ser alcançado através da seleção. Além disso, deduz-se que em herdabilidades de alta magnitude há uma alta correlação entre o genótipo e o fenótipo do indivíduo, por outro lado nos valores baixos de h^2 faz-se necessário o uso de outros métodos de avaliação associada ao valor fenotípico, com a finalidade de identificar os melhores genótipos (FALCONER; MACKAY, 1996; PEREIRA, 2008).

Como o processo de seleção genética inclui diversas características como critério de seleção, é essencial conhecer as interdependências genéticas, fenotípicas ou ambientais entre as características utilizadas com a finalidade de direcionar o processo de seleção de forma mais adequada e controlar os efeitos da seleção de uma característica sobre as outras. Essas interdependências podem ser analisadas pelo coeficiente de correlação (r), que mede o grau e a direção da associação linear entre duas características (FERRIANI, 2006).

O coeficiente de correlação varia de -1 a 1. Se o valor do coefiente é zero significa que as características avaliadas não apresentam associação e a seleção de uma característica não interfere na outra. Se o coeficiente é positivo a seleção de uma característica resultará no aumento da outra, já se o coeficiente de correlação é negativo a seleção de uma característica resultará na redução da outra. Destacando que, as correlações podem ser favoráveis ou desfavoráveis, independentes da magnitude e da direção (PEREIRA, 2008).

O valor da associação total entre duas características é chamado de correlação fenotípica (r_p), no qual pode ser analisada nos itens genéticos e ambientais (FERRIANI, 2006). A correlação fenotípica é o coeficiente de correlação entre os valores fenotípicos dos indivíduos para as duas características (CRUZ; REGAZZI, 1997; FERRIANI, 2006; ELER, 2017). O coeficiente de correlação ambiental (r_e) não representa exatamente a correlação dos efeitos

ambientais, e sim uma correlação residual compreendendo fatores ambientais, efeitos de dominância, da epistasia e da interação genótipo x ambiente quando não incluídos no modelo.

Objetivando a seleção genética, é essencial separar as causas de correlação entre as características, visto que somente o componente genético apresenta um caráter herdável. A correlação genética (r_g) é dada pela razão da covariância entre os valores genéticos aditivos das duas características e a raiz quadrada do produto das duas variâncias $\left(r_g = \hat{\sigma}_{xy} / \sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \cdot \hat{\sigma}_y^2}\right)$. Esse coeficiente expressa a intensidade pela qual as duas características avaliadas são influenciadas pelos mesmos genes, sendo principalmente causadas por pleiotropia ou por ligação gênica (ELER, 2017).

A partir do estudo da correlação é viável a seleção indireta, pela resposta correlacionada, para características de difícil realização, seja em virtude de dificuldade de mensuração, baixa herdabilidade, expressão da característica de forma tardia ou restrita a um gênero (FALCONER; MACKAY, 1996; CRUZ; REGAZZI, 1997; CRUZ, 2005).

2.3 Predição dos valores genéticos aditivos

A identificação dos animais superiores para as características de importância econômica é possível por meio da predição dos valores genéticos dos animais, obtidos com base nos componentes de (co)variância. O modelo utilizado para estimar os componentes de (co)variância deve refletir o comportamento biológico das características avaliadas. Esses componentes são um importante fator na obtenção dos valores genéticos dos indivíduos, no qual é preciso ter alta acurácia, para que as diferenças entre o valor genético real e o predito sejam minimizados (FARIA et al., 2008).

Várias metodologias foram propostas para a estimação dos valores genéticos, no qual a mais utilizada atualmente é a teoria dos modelos mistos (HENDERSON, 1973, 1975). Os modelos mistos apresentam como propriedades: as equações de cada indivíduo avaliado e de cada grupo contemporâneo; as equações que tem como solução as estimativas de efeitos fixos; valores genético e progresso genético para cada critério de seleção; as equações para os grupos contemporâneos que julga as diferenças não genéticas entre os grupos, gerando equações mais acuradas; e a composição de uma matriz de parentesco que relaciona os grupos contemporâneos por meio dos genes comuns entre os reprodutores, possibilitando a comparação de indivíduos de diferentes gerações (LOBO et al., 2004).

A metodologia de modelos mistos permite modelar os efeitos fixos, como grupo de manejo e sexo, os efeitos aleatórios, como o valor genético aditivo do animal e maternal, e o

erro experimental. Sendo assim os valores genéticos são preditos obtendo o melhor preditor linear não viesada, em conjunto com à estimação dos efeitos fixos (JIANG, 2007). A solução de modelos mistos é realizada, principalmente, pela metodologia BLUP ("*Best Linear Unbiased Prediction*") (HENDERSON, 1975), que tem a finalidade de maximizar a correlação entre o valor genético verdadeiro (u) e o predito (û) ou minimizar a variação do erro de previsão (PEV) (ELER, 2017). O BLUP possibilita a predição dos valores genéticos de um animal, de forma acurada, através da utilização de toda a informação disponível (LOBO et al., 2004), e não viciada, pela consideração da correlação entre os valores genéticos na estimação dos efeitos fixos (RESENDE; PERREZ, 1999).

Para a predição dos valores genéticos através do BLUP é necessário associar a um modelo animal que de forma geral pode ser descrito, em notação matricial, conforme Henderson (1984), como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}, \tag{2.1}$$

Em que: $\mathbf{y}$ é o vetor dos dados de desempenho (variável fenotípica) nos indivíduos, $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos classificatórios e de covariáveis, $\mathbf{u}$ é o vetor dos valores genéticos dos indivíduos ou o efeito aleatório genético aditivo direto, $\mathbf{e}$ é o vetor de efeitos ambientais não genéticos ou erros aleatórios, e $\mathbf{X}$ e $\mathbf{Z}$ são as matrizes de incidência, que associam as observações ($\mathbf{y}$) aos efeitos fixos ($\boldsymbol{\beta}$) e os valores genéticos dos animais ($\mathbf{u}$).

Os valores genéticos dos indivíduos podem ser preditos resolvendo o seguinte sistema de equações de modelos mistos:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X'y} \\ \mathbf{Z'y} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X'X} & \mathbf{X'Z} \\ \mathbf{Z'X} & \mathbf{Z'Z} + \mathbf{A^{-1}}\boldsymbol{\alpha} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \widehat{\boldsymbol{\beta}} \\ \widehat{\mathbf{u}} \end{bmatrix}, \tag{2.2}$$

em que, $\mathbf{A^{-1}}$ trata-se da matriz inversa de parentesco aditivo entre os animais, obtida da base genealogia dos animais, a fim de permitir a obtenção de um resultado mais acurado; $\boldsymbol{\alpha}$ é igual a $\sigma_e^2/\sigma_u^2 = (1 - h^2)/h^2$, sendo σ_e^2 a variância residual, σ_u^2 a variância genética aditiva e h^2 a herdabilidade da característica; $\hat{u}$ é o valor genético predito ou EBV ("*Estimated Breeding Value*") (RESENDE; PERREZ, 1999).

Na maior parte dos casos, os valores genéticos preditos (û) não são iguais aos valores genéticos verdadeiros (u) e a associação desses valores pode ser obtida com base na estatística, através da correlação entre esses valores ($r_{\hat{u}u}$), nomeada de acurácia (VAN VLECK; POLLAK; OLTENACU, 1987), em que, maior a acurácia maior a confiança na avaliação dos animais e no EBV. Também vale ressaltar que a variância do erro da predição (PEV), fornece uma medida da precisão na avaliação dos indivíduos, possibilitando o cálculo do desvio (erro) padrão e o

intervalo de confiança dos valores genéticos preditos, dada por $\mathrm{PEV} = \mathrm{var}(\hat{u} - u) = \left(1 - r_{\hat{u}u}^2\right)\sigma_u^2$ (RESENDE; PERREZ, 1999).

2.4 Predição dos valores genômicos

A rápida evolução das tecnologias de genética molecular nos últimos anos permitiu o acesso e a manipulação do genoma, e consequentemente, o conhecimento começou a ser utilizado na área de melhoramento genético animal, com a intenção de aumentar a acurácia das avaliações genéticas. A seleção genômica é definida como a seleção simultânea de centenas ou milhares de marcadores que abrangem o genoma de forma densa, fazendo com que os genes estejam em desequilíbrio de ligação com pelo menos uma parte dos marcadores (SNP, "*Single Nucleotide Polymorphism*") empregados (VANRADEN, 2008).

É uma metodologia que usa a informação genômica para predizer os valores genéticos e para selecionar os candidatos a reprodução nos programas de melhoramento (CLARK et al., 2012). Especialmente importante para características de difícil mensuração, como fertilidade, longevidade, eficiência alimentar e características de carcaça, exibindo uma grande vantagem em termos de eficiência comparado à seleção tradicional, pois geralmente são características de alto custo de medição, expressas em apenas um sexo ou necessita de informações do pedigree para alcançar a estimativa do animal (BOLORMAA et al., 2013).

Segundo Meuwissen, Hayes e Goddard (2001), a seleção genômica pretende através de informações fenotípicas, genotípicas e de pedigree prever os valores genéticos genômicos (GEBV, "*Genomic Estimated Breeding Value*") numa determinada população. Para a implementação da seleção genômica deve-se ter, praticamente, três populações definidas: população de estimação, de validação e a de seleção.

Na população de estimação, também conhecida como população de referência, treinamento ou descoberta, abrange um grande número de marcadores avaliados em um número moderado de indivíduos, que possuem seu fenótipo avaliado para diversas características de interesse, a fim de constatar os marcadores que controlam as características e como são estimados os efeitos dos marcadores (RESENDE et al., 2012). A população de validação, quando distinta da população de estimação, possui um conjunto de dados menor e abrange indivíduos avaliados para os marcadores de SNPs e para as características de interesse, com o intuito de testar as equações de predição de valores genéticos genômicos por meio da análise de correlação com os valores fenotípicos observados (RESENDE et al., 2012).

A população de seleção, abrange apenas os marcadores avaliados nos candidatos a seleção, utilizando apenas as informações genômicas, não sendo necessário o fenótipo avaliado.

As equações de predições vindas da população de estimação são aplicadas para estimar os GEBVs ou fenótipos futuros dos candidatos (RESENDE et al., 2012).

A avaliação genômica apresenta como vantagem a alta acurácia seletiva por diversas gerações sem a repetição de fenótipo, reduzindo o intervalo de gerações e menores custos (HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007; MUIR, 2007). Porém, deve-se reestimar os efeitos dos marcadores com o passar das gerações, dado que pode ocorrer o desequilíbrio de ligação entre os SNPs e os genes de interesse, devido às mutações, epistasias, dominâncias e recombinações genéticas (DEKKERS, 2007), ocasionando a diminuição da acurácia das estimativas e do ganho genético.

Para predizer os GEBVs e os efeitos dos marcadores, variados métodos são usados, como estimação através dos mínimos quadrados, GBLUP ("*Genomic Best Unbiased Linear Prediction*"), Bayesiana (método BayesA e BayesB) (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001), Lasso Bayesiano (TIBSHIRANI, 1996; PARK; CASELLA 2008; DE LOS CAMPOS et al., 2009), Bayes Cπ (HABIER et at., 2011) IBLASSO (LEGARRA et al., 2011) entre outros.

A predição dos GEBVs a partir do método GBLUP é definida pela utilização das equações de Henderson (1984), no entanto o vetor de efeitos aleatórios será o vetor dos efeitos dos marcadores e a matriz de parentesco obtida pelos coeficientes de Wright será substituída pela matriz de parentesco genômica (matriz **G**), com isso obtém-se valores genéticos genômicos mais acurados, pois as relações de parentesco baseado em marcadores (observado) é mais preciso que o parentesco baseado em genealogia (médio), pois usa os desvios devido a amostragem mendeliana (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001).

O GBLUP pode ser realizado em múltiplos passos ("*multi-step*") (VANRADEN, 2008; HAYES et al., 2009) ou em um único passo ("*single-step*") (MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009). No método single-step, todas as informações fenotípicas, genômicas e de pedigree são integradas em um único passo para predizer os valores genômicos (MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009). A matriz de relacionamento genômico (**G**) é integrada a matriz de pedigree aditivo (**A**) obtendo uma única matriz **H**, que utiliza simultaneamente informações de indivíduos genotipados e não genotipados (LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009).

A matriz de parentesco combinada (matriz **H**) pode ser demonstrada segundo Legarra, Aguilar e Misztal (2009):

$$\mathbf{H} = \begin{bmatrix} \mathbf{A_{11}} + \mathbf{A_{12}}\,\mathbf{A_{22}^{-1}}\,(\mathbf{G} - \mathbf{A_{22}})\,\mathbf{A_{22}^{-1}}\,\mathbf{A_{21}} & \mathbf{A_{12}}\mathbf{A_{22}^{-1}}\,\mathbf{G} \\ \mathbf{G}\,\mathbf{A_{22}^{-1}}\,\mathbf{A_{21}} & \mathbf{G} \end{bmatrix}, \qquad (2.3)$$

em que $\mathbf{A_{11}}$ é a partição da matriz de parentesco tradicional para animais não genotipados, $\mathbf{A_{22}}$ corresponde aos animais genotipados, $\mathbf{A_{12}}$ e $\mathbf{A_{21}}$ representam a parte da matriz **A** que mostra

os coeficientes de parentesco entre os animais sem genótipo e com genótipo respectivamente, e $\mathbf{G}$ é a matriz genômica. Aguilar et al. (2010), Christensen e Lund (2010) demostraram que o inverso da matriz $\mathbf{H}$ permite cálculos mais simples:

$$\mathbf{H^{-1}} = \mathbf{A^{-1}} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G^{-1}} - \mathbf{A_{22}^{-1}} \end{bmatrix}, \quad (2.4)$$

O método ssGBLUP ("*Single-step Genomic Best Unbiased Linear Prediction*") melhora a acurácia e reduz o viés das predições genômicas (SU et al., 2012), é de fácil execução e aplicação para modelos mais complicados, como no caso de modelos multi-característica, comparado ao método multi-step (MISZTAL et al., 2013).

Em tese de Oliveira Bussiman (2021) foi apresentado uma revisão mais aprofundada sobre a evolução dos métodos de estimação de valores genéticos e modelos mistos, no qual recomenda-se a leitura da secção 2.

2.5 Desregressão

São utilizados diferentes pseudo-fenótipos, como variáveis respostas nas predições genéticas e genômicas, quando o valor genético real (TBV, "*True Breeding Value*") é desconhecido. O valor genético tradicional (EBV), o desvio de produção das filhas (DYD, "*Daughter Yield Deviations*"), provas desregressadas (DRP, "*Deregression Proofs*"), o valor genético tradicional desregredido (dEBV, "*Deregression Estimated Breeding Value*") e o fenótipo corrigido para os efeitos fixos (YADJ) são algumas das variáveis respostas para prever os valores genômicos (VANRADEN; WIGGANS, 1991; JAIRATH et al., 1998; GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009; GUO et al., 2010; GAO et al., 2013). A escolha de qual pseudo-fenótipo aplicar interfere na predição, uma vez que cada pseudo-fenótipo possui diferentes vieses de natureza genética, que devem ser considerados na interpretação dos resultados dos modelos de predição (DAETWYLER et al., 2013).

A desregressão é comumente utilizada nas avaliações genéticas internacionais da INTERBULL ("*International Bull Evaluation Service*") na prova de reprodutores leiteiros, através da metodologia MACE ("*Multiple Across Country Evaluation*") (SCHAEFFER, 1994). Os fenótipos são coletados e avaliados nacionalmente e os valores genéticos estimados são desregressados, retirando as informações dos pais e da progênie, para posterior combinação em uma análise ponderada com a finalidade de fornecer valores genéticos estimados internacionais numa mesma base (VANRADEN; SULLIVAN, 2010).

O uso dos pseudo-fenótipos é necessário no caso de animais genotipados que não possuem fenótipos, que possuem fenótipos pouco explicativo ou que possuem informações de

fontes pouco confiáveis como um único registro do indivíduo (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009), fenótipos expressos tardiamente na vida do animal ou expressos em apenas um dos sexos. O uso dos pseudo-fenótipos expande de maneira significativa os tamanhos amostrais, uma vez que se realiza um pré-processamento dos dados fenotípicos de maneira que uma pontuação fenotípica é produzida para cada um dos indivíduos genotipados (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009; DE LOS CAMPOS et al., 2013; NEVES et al., 2014).

Segundo Garrick, Taylor e Fernando (2009) uma forma de obter os pseudo-fenótipos para as análises genômicas é por meio da pós manipulação das avaliações genéticas e genômicas, baseada nos valores genéticos preditos ponderado pela acurácia no qual, retira-se o efeito médio dos pais do EBV. Nas avaliações de modelo animal pelo BLUP usando a matriz inversa de relacionamento, as informações individuais e de progênie são reduzidas em relação ao EBV médio dos pais, portanto faz sentido remover o efeito médio dos pais no processo de desregressão, porque alguns animais podem ter o EBV sem informações individuais e de progênie, não contribuindo para a previsão genômica. Além disso, a ponderação de informações desregressadas não são a variação da confiabilidade nem a variação do erro de previsão, mas a razão de $wi = (1 - h^2) / [(c + (1 - r_i^2) / r_i^2) h^2]$, onde $c > 0$ é a fração de variação genética não explicada pelos marcadores, h^2 é a herdabilidade e r_i^2 é a confiabilidade.

Referências

AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743–752, 2010

AMER, P. R.; EMMANS, G. C.; SIMM, G. Breeding objectives for beef cattle in Ireland. **Livestock Production Science**, v. 67, p. 223-239, 2001.

BOLORMAA, S. et al. Detection of quantitative trait loci in Bos indicus and Bos taurus cattle using genome- wide association studies. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n.43, 2013.

BOURDON, R. M. **Understanding Animal Breeding**. 2nd ed. London: Pearson Education, 2000.

BRUNES, L. C. **Estudo genético-quantitativo de características de crescimento, reprodução, carcaça e escores visuais Em Um Rebanho Nelore Sob Seleção Para Precocidade Sexual**. 2017. 190 f. Dissertação (Mestrado). Escola de Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goias, 2017.

CHRISTENSEN, O. F.; LUND, M. S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, n. 2, 2010.

CLARK, S. A. et al. The importance of information on relatives for the prediction of genomic breeding values and the implications for the makeup of reference data sets in livestock breeding schemes, **Genetics Selection Evolution**, v. 44, n. 4, p. 1-9, 2012.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, p. 394, 2005.

CRUZ, C. D; REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, p. 668, 1997.

DAETWYLER, H. D. et al. Genomic Prediction in Animals and Plants: Simulation of Data, Validation, Reporting, and Benchmarking. **Genetics**, v. 193, p. 347–365, 2013.

DE LOS CAMPOS, G. et al. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers. **Genetics**, v.182, p.375-385, 2009.

DE OLIVEIRA BUSSIMAN, F. **Avaliação genéticas de cavalos Campolina: do pedigree à possibilidade de seleção genômica**.2021. 233 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, 2021.

DEKKERS, J. C. M. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, n. 6, p. 331–341, 2007.

ELER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: bases do melhoramento genético animal**. Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimento, Universidade de São Paulo, p. 239, 2017.
Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

FALCONER, D. S; MACKAY, T. F. C. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman Scientific & Technical, 1996.

FARIA, C. U. et al. Abordagem bayesiana e frequentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 3, p. 598-607, 2008.

FERREIRA, W. J. Avaliação genética de animais para características categóricas: uma revisão. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, v. 11, n. 2, p. 121-128, 2008.

FERRIANI, L. **Estimativas de herdabilidade das características de carcaça e crescimento e de suas correlações genéticas em animais da raça Nelore**. 2006. 57 f. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade

GAO, H. et al. Accuracy of genomic prediction using different models and response variables in the Nordic Red cattle population. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v. 130, p. 333-340, 2013.

GARNERO, A. DEL V. et al. Influência da Incorporação de dados de Progênies na Classificação de Touros da Raça Nelore. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 31, n.2, p. 918-923, 2002.

GARRICK, D. J.; TAYLOR, J. F.; FERNANDO, R. L. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 55, 2009.

GELFAND, A. E.; SMITH, A. F. M. Sampling-based approaches to calculating marginal densities. **Journal of the American Statistical Association**, v. 85, p. 398-409, 1990.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, Gibbs distribution and the bayesian restoration of imagens. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v. 6, p. 721-741, 1984.

GUO, G. et al. Comparison between genomic predictions using daughter yield deviation and conventional estimated breeding value as response variables. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n. 6, p. 423–432, 2010.

HABIER, D. et al. Extension of the bayesian alphabet for genomic selection. **BMC Bioinformatics**, v. 12, 2011.

HABIER, D.; FERNANDO, R. L.; DEKKERS, J. C. M. The Impact of Genetic Relationship Information on Genome-Assisted Breeding Values. **Genetics**, v. 177, n. 4, p. 2389–2397, 2007.

HARVILLE, D.A. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. **Journal of the American Statistics Association**, v.72, p.320-328, 1977.

HAYES, B. J. et al. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges**. Journal of Dairy Science**, v. 92, p. 433-443, 2009.

HAZEL, L. N.; LUSH, J. L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity**, v. 33, n. 11, p.393-399,1942.

HENDERSON, C. R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: University of Guelph, Canadá, p. 462, 1984.

HENDERSON, C. R. Sire evaluation and genetic trends. **Journal Animal Science**, p. 10–41, 1973.

HENDERSON, C. R. Use of Relationships Among Sires to Increase Accuracy of Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 58, n. 11, p. 1731–1738, 1975.

JAIRATH, L. et al. Genetic evaluation for herd life in Canada. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 550–562, 1998.

JIANG J. **Linear and generalized linear mixed models and their applications**. 1. ed. New York: Springe-Verlag New York, p. 257, 2007.

JORGE, J.; CARDOSO, V. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Objetivos de seleção e valores econômicos em sistemas de produção de gado de corte no Brasil. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 36, p. 1549-1558, 2007.

LEGARRA, A. et al. Improved Lasso for genomic selection. **Genetics Research**, v. 93, p. 77-87, 2011.

LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656–4663, 2009.

LIRA, T.; ROSA, E. M., GARNERO, A. DEL V. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 1, p. 1–22, 2008.

LOBO, R. B. et al. Avaliação Genética de touros e matrizes da raça Nelore: Sumário 2004. Ribeirão Preto: GEMAC - Departamento de Genética - FMRP – USP, 2004.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, p. 1819–1829, 2001.

MISZTAL, I. et al. Methods to approximate reliabilities in single-step genomic evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 96, p. 647-654, 2013.

MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, p. 4648-4655, 2009.

MUCARI, T. B.; OLIVEIRA, J. A. Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1604-1613, 2003.

MUIR, W. M. Comparison of genomic and traditional BLUP estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 124, p. 342-355, 2007.

NEVES, H. H. R. et al. Accuracy of genomic predictions in Bos indicus (Nellore) cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, p. 17, 2014.

PARK, T.; CASELLA, G. The Bayesian LASSO. **Journal of the American Statistical Association**, v.103, p.681-686, 2008.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, p. 545-554, 1971.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, p. 617, 2008.

RESENDE, M. D. V. DE; PERREZ, J. R. H. R. Melhoramento Animal: Predição De Valores Genéticos Pelo Modelo Animal-Blup Em Bovinos De Leite, Bovinos De Corte, Ovinos E Suínos. **Archives of Veterinary Science**, v. 4, n. 1, p. 17–29, 1999.

RESENDE, M. D. V. et al. **Seleção genômica ampla (GWS) via modelos mistos (REML/BLUP), inferência bayesiana (MCMC), regressão aleatória multivariada e estatística espacial**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística, p. 291, 2012.

SCHAEFFER, L. R. Multiple-Country Comparison of Dairy Sires. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 9, p. 2671–2678, 1994.

SILVA, B. DA C. A. **Associação genética entre o peso adulto e algumas características produtivas e reprodutivas em bovinos da raça Nelore**. 2016. 47 f. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassunuga, 2016.

SU, G. et al. Genomic prediction for Nordic Red Cattle using one-step and selection index blending. **Journal of Dairy Science**, v. 95, n. 2, p. 909–917, 2012.

TIBSHIRANI, R. Regression shrinkage and selection via the LASSO. **Journal Royal Statistical Society**, v. 58, p. 267-288, 1996.

VAN VLECK, L.D. **Selection index and introduction to mixed model methods**. Florida: C.R.C. Press, Boca Raton, p. 481, 1993.

VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, E. A. B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W. H. Freeman & CO, p. 391, 1987.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, p. 4414–4423, 2008.

VANRADEN, P. M.; SULLIVAN, P. G. International genomic evaluation methods for dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, n. 1, p. 7, 2010.

VANRADEN, P. M.; WIGGANS, G. R. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 8, p. 2737–2746, 1991.

YOKOO, M. J. T. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1761-1768, 2007.

3. ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR E REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA NELORE ATRAVÉS DE MODELOS MULTI-CARACTERÍSTICAS BAYESIANOS

Caroline Assis Almeida[1]; Bárbara da Conceição Abreu Silva[2]; Fernando de Oliveira Bussiman[3]; Rachel Santos Bueno Carvalho[4]; Elisângela Chicaroni de Mattos[1]; Joanir Pereira Eler[2]; Miguel Henrique de Almeida Santana[2], José Bento Sterman Ferraz[1]

[1] *Departamento de Medicina Veterinária; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*
[2] *Departamento de Zootecnia; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*
[3] *Departamento de Nutrição e Produção Animal; Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, FMVZ/USP – Universidade de São Paulo, Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil*
[4] *Departamento de Ciências Básicas; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*

Resumo: O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos entre as características reprodutivas e de eficiência alimentar. O mesmo foi desenvolvido no Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo em parceria com a Agro-Pecuária CFM. O banco de dados continha informações fenotípicas de 194.063 animais Nelore e 218.474 animais na matriz de pedigree. As características avaliadas foram: consumo alimentar residual (CAR), ganho de peso residual (GPR), consumo e ganho residual (CGR), probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *stayability* ou capacidade de permanência no rebanho (STAY) e produtividade anual média da vaca (PRODAM). Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados sob uma análise multi-característica usando um modelo de linear-limiar sob procedimentos Bayesianos. Para a inferência foi gerada cadeia única com 1.000.000 amostras, sendo descartadas as primeiras 500.000 amostras (*burn-in*) e as amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100 amostras. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade encontrados foram: 0,38 ± 0,03 para PP14, 0,10 ± 0,01 para STAY, 0,09 ± 0,01 para PRODAM, 0,22 ± 0,07 para CAR, 0,28 ± 0,09 para GPR e 0,23 ± 0,07 para CGR, indicando moderada resposta à seleção para a característica PP14. As estimativas dos coeficientes de correlação genéticas entre as características de eficiência alimentar e a PP14 foram antagônicas e de magnitude moderada

a baixa, 0,19 (CAR e PP14), -0,33 (GPR e PP14) e -0,24 (CGR e PP14), indicando que a seleção para essas características de eficiência alimentar podem ser prejudiciais para probabilidade de prenhez de novilhas precoces. Estimou-se um coeficiente de correlação positivo e de moderada magnitude entre GPR e STAY (0,38), mostrando que animais eficientes para ganho de peso residual podem apresentam maior capacidade da fêmea permanecer produtivas no rebanho até 6 anos.

Palavras-chave: associação genética, bovino de corte, modelo de linear-limiar, precocidade sexual.

GENETIC PARAMETERS ESTIMATION FOR SOME FEED EFFICIENCY AND REPRODUCTIVE TRAITS IN NELLORE CATTLE THROUGH BAYESIAN MULTITRAIT MODELS

Abstract: The aim of this study was to estimate the genetic parameters between reproductive and feed efficiency traits. It used phenotypic information from 194,063 Nellore animals and a pedigree file containing 218,474 animals. The evaluated traits were residual feed intake (RFI), residual body weight gain (RG), residual intake and gain (RIG), probability of pregnancy at 14 months (PP14), *stayability* (STAY), and cumulative annual productivity (PRODAM). Variance components were estimated through a multitrait Bayesian linear-threshold model combination. A single chain totaling 1,000,000 samples was generated, with the first 500,000 discarded as *burn-in*, and the remaining samples were saved every 100 rounds. The heritability estimates were: 0.38 ± 0.03 for PP14, 0.10 ± 0.01 for STAY, 0.09 ± 0.01 for PRODAM, 0.22 ± 0.07 for RFI, 0.28 ± 0.09 for RG and 0.23 ± 0.07 for RIG, indicating moderate response to selection for the trait PP14. Estimates of genetic correlation coefficients between feed efficiency traits and PP14 were unfavorable for selection, 0.19 (RFI and PP14), -0.33 (RG and PP14), and -0.24 (RIG and PP14) indicating that selection for these feed efficiency traits could reduce the probability of pregnancy of early heifers. The estimate of genetic correlation was positive and moderate magnitude between RG and STAY (0.38), showing that animals that are efficient for residual body weight gain may have a higher ability to stay in the herd.

Keywords: genetic association, beef cattle, linear-threshold model, sexual precocity.

3.1 Introdução

O aumento da eficiência dos sistemas de produção deve ser o objetivo de qualquer programa de melhoramento. Sabe-se que esse aumento da eficiência é alcançado por meio do ambiente, do manejo, da nutrição e da genética dos rebanhos. Para incrementar os atributos genéticos é necessário estabelecer um objetivo de seleção que priorize todas as características que influenciam a produtividade e a lucratividade, ou seja, deve-se levar em consideração tanto *questões genéticas* quanto econômicas.

As eficiências alimentares e reprodutivas são características que estão diretamente ligadas as questões econômicas. A alimentação é o principal fator econômico que influencia a produção e a lucratividade da pecuária de corte. Além disso, dadas as mudanças climáticas, áreas de pastagem reduzidas e maior produção de carne, a seleção pela eficiência alimentar pode fornecer vantagens a longo prazo. Como resultado, a seleção genética torna atraente para melhorar a sustentabilidade econômica e ambiental dos sistemas industriais (KENNY et al., 2018).

Nas características reprodutivas pode-se destacar a precocidade sexual e fertilidade da vaca como fatores que influenciam na produção e lucratividade. A seleção para a precocidade sexual da novilha ajuda a antecipar a vida produtiva da fêmea, permitindo um maior número de progênies durante sua vida, níveis mais altos de intensidade de seleção e um menor intervalo de gerações (MARÍTN NIETO et al., 2003).

A fim de melhorar o desempenho nas características de importância econômica deve-se pensar no uso efetivo da variação genética. Para tal, é necessário ter o conhecimento das relações genéticas e do ambiente. Como as informações são limitadas, é necessário estimar componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos, visto que podemos ter associações antagônicas entre as características estudas.

De acordo com Randel e Welsh (2013), a seleção por animais eficientes para consumo alimentar residual pode resultar na seleção de novilhas de maturação tardia, no qual as novilhas concebem mais tarde no primeiro parto e nos partos subsequentes. Também tem sido relatado na literatura que existe uma relação inversa entre medidas que relacionam fertilidade de touros jovens e eficiência alimentar, como menor motilidade espermática (WANG et al., 2012; AWDA et al., 2013) e diminuição da qualidade do sêmen (HAFLA et al., 2012; FONTOURA et al., 2016) em touros eficientes para característica de eficiência alimentar.

Para aquelas características que não seguem a distribuição Gaussiana (como variáveis binárias ou categóricas, por exemplo), procedimentos contínuos não são adequados para análise, pois geram estimativas baixas de parâmetros genéticos e, consequentemente, uma

expectativa errônea de progresso genético (MARCONDES et al., 2005). Deste modo, recomenda-se o uso de modelos de limiar por apresentarem maior habilidade para detecção da variabilidade genética (LUO et al., 2002) e são mais apropriados para quantificar a natureza discreta dos dados categóricos (MARCONDES et al., 2005). Assim, a Inferência Bayesiana faz-se uma metodologia estatística flexível para ajustar a complexidade dos dados (SORENSEN; GIANOLA, 2002).

O objetivo deste estudo foi estimar componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos utilizando análise bayesiana multi-característica sob modelo linear-limiar para as características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.

3.2 Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Nelore dos arquivos da Agro-Pecuária CFM Ltda., criados em fazendas localizadas na região sudeste e centro-oeste do Brasil e de arquivos pertencentes a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP). As análises foram realizadas no Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da FZEA/USP.

3.2.1 Dados

O banco de dados foi proveniente de diferentes fontes. Para as características de eficiência alimentar, leia o desenho experimental de Santana (2013). As características reprodutivas foram fornecidas pela Agropecuária CFM Ltda. O banco de dados continha os registros de 194.063 animais, mensurados para características de eficiência alimentar (N = 2.058) e reprodutivas (N = 192.005). O arquivo de pedigree continha um total de 218.474 animais, incluindo 3.192 touros e 99.586 matrizes, 102.778 indivíduos com progênie e 115.696 indivíduos sem progênie.

Foram avaliadas características de eficiência alimentar: consumo alimentar residual (CAR), ganho de peso residual (GPR) e consumo e ganho residual (CGR), e as características reprodutivas em novilhas e vacas, a saber: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14), *stayability* ou capacidade de permanência no rebanho (STAY) e produtividade anual média da vaca (PRODAM). A estatística descritiva das características de eficiência alimentar e reprodutivas é apresentada na Tabela 3.1.

Tabela 3. 1 - Número de animais dentro de cada categoria para diferentes critérios para as características categóricas e a estatística descritiva para características reprodutivas e de eficiência alimentar em bovinos Nelore.

Característica	N	Min	Máx	NGC	Média ± DP	Categorias*	
						0	1
CAR (kg/dia)	2.058	-3,48	3,91	32	0,00 ± 0,99	-	-
GPR (kg/dia)	2.058	-1,04	1,25	32	0,00 ± 0,28	-	-
CGR	2.058	-4,47	4,48	32	0,00 ± 1,20	-	-
PRODAM (kg)	159.320	50,00	260,20	334	127,08 ± 30,20	-	-
PP14	35.533	0,00	1,00	94	-	29.069	6.464
STAY	127.398	0,00	1,00	546	-	90.960	36.438

N: Número de indivíduos; Min: Mínimo; Máx: Máximo; NGC: Número de Grupo Contemporâneo; DP: Desvio padrão; CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; e PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca. *Dados apresentados como contagem do número de animais por categoria: 0 (fracasso) e 1 (sucesso). Fonte: Própria autoria.

3.2.2 Características

3.2.2.1 Ingestão De Matéria Seca Diária (IMS) e Ganho Médio Diário (GMD)

Uma das características propostas para avaliar a eficiência alimentar é a ingestão de matéria seca (massa de alimentos subtraídos pela massa de água) por dia. Porém na cadeia produtiva de bovinos de corte a mensuração de IMS individualmente é onerosa, por isso também se faz o uso de outras características para avaliar a eficiência alimentar (SANTANA, 2013; SANTANA et al., 2014). Neste estudo, a IMS foi mensurada por meio da subtração entre a quantidade fornecida de alimento e as respectivas sobras alimentares.

O ganho de peso médio diário (GMD) corresponde ao ganho de peso vivo obtido durante o período de confinamento dos animais. Foi calculado como sendo o coeficiente angular da regressão linear dos pesos vivos obtidos em diferentes pesagens durante o experimento (SANTANA, 2013; ALEXANDRE, 2015).

3.2.2.2 Consumo Alimentar Residual (CAR)

O consumo alimentar residual, inicialmente proposto por Koch et al. (1963) é calculado pela diferença entre o consumo alimentar observado e predito: $\mathrm{CAR} = \mathrm{IMS}^{\mathrm{obs}} - \mathrm{IMS}^{\mathrm{pred}}$. O IMS predito foi calculado da seguinte forma:

$$\mathrm{IMS}^{\mathrm{pred}} = \mu + \beta_1 \mathrm{GMD} + \beta_2 \mathrm{PVMM}^{0.75} + \varepsilon_{1i}, \qquad (3.1)$$

em que: GMD é o ganho de peso médio diário, $\mathrm{PVMM}^{0.75}$ corresponde ao peso vivo metabólico médio, e ε_1 é o iésimo erro. O PVMM reflete o consumo de alimento para a mantença e o GMD para a produção, sobrando a porção residual que estaria relacionada com a verdadeira eficiência metabólica (CREWS JR, 2005).

3.2.2.3 Ganho de Peso Residual (GPR)

O ganho de peso residual mede a diferença entre a taxa de crescimento observado e a predita com base na ingestão e no peso vivo metabólico (KOCH et al., 1963), podendo ser calculado como: $\mathrm{GPR} = \mathrm{GMD}^{\mathrm{obs}} - \mathrm{GMD}^{\mathrm{pred}}$. O GMD predito foi calculado da seguinte forma:

$$\mathrm{GMD}^{\mathrm{pred}} = \mu + \beta_1 \mathrm{IMS} + \beta_2 \mathrm{PVMM}^{0.75} + \varepsilon_{2i}, \quad (3.2)$$

em que: IMS é a ingestão de matéria seca, $\mathrm{PVMM}^{0.75}$ corresponde ao peso vivo metabólico médio, e ε_2 é o iésimo erro.

3.2.2.4 Consumo e Ganho Residual (CGR)

Berry e Crowley (2012) propuseram a medida de eficiência alimentar, chamada de consumo e ganho residuais (CGR), que relaciona o CAR e o GPR para gerar um parâmetro que apresenta uma correlação mais favorável com o consumo e o ganho de peso. Os mesmos autores destacaram que os animais selecionados para o CGR apresentam um desempenho superior para o ganho de peso do que os animais selecionados pelo CAR. O CGR foi calculado como a soma do CAR (multiplicado por -1) e GPR.

3.2.2.5 Probabilidade De Prenhez Aos 14 Meses (PP14)

É uma característica indicativa de precocidade sexual, no qual se mede a probabilidade da novilha ficar prenha, em que as fêmeas são desafiadas (expostas ao touro) entre os 12 e 16 meses de idade, e após é realizado o exame de diagnóstico de gestação. É uma característica binária, de modo que novilhas apresentando diagnóstico positivo recebem o valor 1 (um) e novilhas que não emprenham recebem o valor 0 (zero) (ELER et al., 2002).

3.2.2.6 Stayability ou Capacidade De Permanência No Rebanho (STAY)

É uma característica relacionada à fertilidade da fêmea adulta, pois se trata da capacidade da fêmea permanecer no rebanho produzindo um bezerro por ano até *aos* 6 anos ou mais de idade (SILVA et al., 2003, 2006). É uma caraterística binária, no qual vacas que permanecem produtivas no rebanho até 6 anos obtém o valor 1 (um) e vacas que são descartadas antes dos seis anos de idade recebem o valor 0 (zero).

3.2.2.7 Produtividade Anual Média da Vaca (PRODAM)

É uma característica que estima a produção média anual de cada vaca em kg de bezerros desmamados. O fenótipo da vaca é resultado de ajuste dos pesos à desmama dos filhos para os efeitos fixos e efeito genético do pai de cada bezerro (ELER et al., 2008).

3.2.3 Modelos de Análise

Os modelos que foram utilizados neste estudo para a determinação dos componentes de (co)variâncias podem ser descritos, em notação escalar, declarando todos os efeitos, como:

$$y_{ij} = \mu + CG_i + \beta_1 Idade_j + u_j + e_{ij}, \quad (3.3)$$

$$y_{ijk} = \mu + CG_i + \beta_1 Dtjn_j + u_j + Gmand_k + e_{ijk}, \quad (3.4)$$

$$y_{ij} = \mu + CG_i + u_j + e_{ij}, \quad (3.5)$$

em que: y_{ij} na equação (3.3) representa a informação fenotípica para características de eficiência alimentar (CAR, GPR e CGR); y_{ijk} (na equação 3.4) representa a informação fenotípica para PP14; e y_{ij} na equação (3.5) representa a informação fenotípica para STAY ou PRODAM; μ em todos os modelos representa apenas uma constante. CG_i representa o efeito sistemático do l-ésimo grupo contemporâneo (definido posteriormente); β_1 é o coeficiente de regressão da Idade no início do experimento para característica de eficiência alimentar do j-ésimo animal no modelo (3.3), e no modelo (3.4) representa o coeficiente de regressão da Data juliana de nascimento (Dtjn) do j-ésimo animal ; u_j em todos os modelos representa o efeito aleatório aditivo do j-ésimo animal; $Gmand_k$ no modelo (3.4) representa o efeito aleatório não correlacionado do k-ésimo grupo de manejo no desmame. e_{ij} e e_{ijk} representam os termos aleatórios residuais.

Para as características de eficiência alimentar, os efeitos ambientais sistemáticos a serem incluídos nos grupos contemporâneos (GC) foram escolhidos com base no nível de significância ($P < 0{,}001$) de um modelo misto usando o procedimento PROC MIXED do SAS. O GC foi composto por fazenda, ano do experimento, condição sexual (inteiro, castrado ou fêmea), dias de confinamento e instalação (baias individuais, sistemas Calan-gate ou GrowSafe). Para as características reprodutivas o GC foi composto por fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo e sexo.

Sob notação matricial os modelos podem ser representados por:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{g} + \mathbf{e}, \quad (3.6)$$

em que: $\mathbf{y}$ é o vetor de observações fenotípicas (CAR, GPR, CGR, PP14, STAY e PRODAM), ordenado por animal e por característica; $\boldsymbol{\beta}$ representa o vetor de efeitos sistemáticos, ordenado por característica; $\mathbf{u}$ representa o vetor do efeito genético aditivo direto de animal; $\mathbf{g}$ representa o vetor do efeito aleatório de GMAND (apenas para PP14); $\mathbf{e}$ representa o vetor de termos aleatórios residuais; $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}_1$ e $\mathbf{Z}_2$ são as matrizes de incidência dos efeitos sistemáticos, genético aditivo e de GMAND, respectivamente.

Assumindo efeitos aleatórios como multivariados normalmente distribuídos, a matriz de (co)variância para eles foi assumida como a seguir:

$$\mathrm{Var}\begin{bmatrix}\mathbf{u}\\ \mathbf{g}\\ \mathbf{e}\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}\mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} & \mathbf{0}\\ \mathbf{0} & \mathbf{G}_1 \otimes \mathbf{I} & \mathbf{0}\\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}\end{bmatrix}, \tag{3.7}$$

em que: $\mathbf{u}$, $\mathbf{g}$ e $\mathbf{e}$ foram definidos acima; $\mathbf{G_0}$ é uma matriz 6 por 6 de (co)variâncias genéticas aditivas para as características estudadas; $\mathbf{G_1}$ é uma matriz de 6 por 6 com todos os elementos zero, exceto um que corresponde ao componente de variância Gmand para PP14, e $\mathbf{R}_0$ é uma matriz de 6 por 6 com a (co)variância residual entre todas as características. Deve-se notar que as covariâncias residuais entre as características reprodutivas e de eficiência alimentar foram assumidas como nulas. **A** é a matriz de relação genética aditiva e, finalmente, **I** é uma matriz de identidade com ordem adequada. Dadas essas suposições, y (condicionalmente em efeitos sistemáticos e aleatórios) foi assumido como distribuído normalmente e independentemente como $\mathbf{y}|\boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}, \mathbf{g}, \mathbf{G}_0, \mathbf{G}_1, \mathbf{R}_0 \sim \mathrm{MVN}\{\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{g}, \mathbf{R}_0 \otimes \mathbf{I}\}$. Além disso, o vetor de efeitos sistemáticos foi assumido como $\boldsymbol{\beta} \sim \mathrm{MVN}\{\mathbf{0}, \boldsymbol{\Sigma}_\beta \otimes \mathbf{I}\}$.

Para PP14 e STAY, em vez de y, foi utilizado o vetor **l**, que contém a liability para estas duas características, sendo feitas as mesmas pressuposições acima. Foi ainda assumido que $\mathbf{G}_0$, $\mathbf{G_1}$e $\mathbf{R_0}$ seguem uma distribuição de Wishart inversa, $\mathrm{WI}^{-1}(\mathrm{v}, \mathbf{V})$, com hiperparâmetros (escolhidos como não informativos) v e **V.**

3.2.5 Estimação dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos foram estimados por meio de uma análise multi-característica, em um modelo linear-limiar com o auxílio dos softwares THRGIBBS1F90 e POSTGIBBSF90 (MISZTAL et al., 2018). Para a inferência bayesiana foi gerada cadeia única com 1.000.000 amostras, sendo descartadas as primeiras 500.000 amostras (*burn-in*). As amostras remanescentes foram salvas em um intervalo de 100 amostras. Consequentemente, a inferência foi feita sobre 5.000 amostras da distribuição a *posteriori* dos parâmetros. A convergência das cadeias de Markov foi avaliada pelo teste de Geweke (GEWEKE,1992), pela verificação da autocorrelação (HEIDELBERGER; WELCH, 1983) das amostras geradas para os parâmetros estimados e pela avaliação visual das cadeias.

3.3 Resultados e Discussões

As estimativas à *posteriori* dos componentes de variância das características avaliadas e os coeficientes de herdabilidade, são apresentadas na Tabela 3.2. O diagnóstico de Geweke

foi utilizado com a intenção de avaliar a convergência para as cadeias de Markov, no qual, hipótese de convergência da cadeia é rejeitada, considerando um nível de significância de 5% se o valor da estatística Z em módulo for superior a |1,96| (GEWEKE, 1992). Portanto, houve indicação de convergência para todas as cadeias.

Elevados valores de autocorrelação (r-lag50) foram observados para os componentes de variância das características de eficiência alimentar, o que leva a inferências menos precisas, pois o r-lag50 entre amostras sucessivas gera sequências longas, nas quais pouca mudança é encontrada, sugerindo erroneamente que as cadeias convergiram (SORENSEN; GIANOLA, 2002). Uma das soluções para este problema seria aumentar o número de amostras e, consequentemente, aplicar um *burn-in* mais longo, a fim de gerar uma distribuição estacionária.

Uma vez que o r-lag50 é a correlação entre dois valores amostrados posteriormente (BOX et al., 2015). Para obter uma amostra independente, as observações finais devem ser obtidas a cada k-ésima iteração juntamente com um aumento no intervalo de salvamento da distribuição *à posteriori*, permitindo uma diminuição de r-lag50. No entanto, devemos pensar no tempo gasto para a análise, uma vez que a amostragem Bayesiana geralmente leva tempo para atingir uma cadeia estacionária, o que atrasará a estimação dos componentes de (co)variância.

Tabela 3. 2 - Estimativas dos componentes de variância e do coeficiente de herdabilidade das características de eficiência alimentar e das reprodutivas, sob análise multi-característica via inferência Bayesiana.

Característica	Estimativa	Média ± DP	Intervalo (95%)	Geweke (Z score)	*r-lag 50*
CAR	$\hat{\sigma}^2_a$	0,15 ± 0,05	[0,06 | 0,24]	0,07	0,70
	$\hat{\sigma}^2_e$	0,51 ± 0,04	[0,44 | 0,58]	-0,03	0,51
	$\hat{h}^2$	0,22 ± 0,07	[0,09 | 0,35]	0,07	0,70
GPR	$\hat{\sigma}^2_a$	0,02 ± 0,00	[0,00 | 0,02]	-0,52	0,74
	$\hat{\sigma}^2_e$	0,04 ± 0,00	[0,03 | 0,04]	0,51	0,65
	$\hat{h}^2$	0,28 ± 0,09	[0,11 | 0,44]	-0,53	0,75
CGR	$\hat{\sigma}^2_a$	0,23 ± 0,08	[0,08 | 0,38]	-0,04	0,71
	$\hat{\sigma}^2_e$	0,77 ± 0,06	[0,66 | 0,89]	0,08	0,55
	$\hat{h}^2$	0,23 ± 0,07	[0,09 | 0,36]	-0,05	0,71
PP14	$\hat{\sigma}^2_a$	0,72 ± 0,11	[0,51 | 0,93]	0,21	0,19
	$\hat{\sigma}^2_{gmand}$	0,18 ± 0,02	[0,14 | 0,22]	0,09	0,04
	$\hat{\sigma}^2_e$	1,00 ± 0,00	[0,99 | 1,01]	-0,01	-0,01
	$\hat{h}^2$	0,38 ± 0,03	[0,31 | 0,44]	0,20	0,18
STAY	$\hat{\sigma}^2_a$	0,11 ± 0,01	[0,09 | 0,13]	0,28	0,08
	$\hat{\sigma}^2_e$	1,00 ± 0,00	[0,99 | 1,01]	-0,04	0,01
	$\hat{h}^2$	0,10 ± 0,01	[0,08 | 0,12]	0,28	0,08
PRODAM	$\hat{\sigma}^2_a$	57,63 ± 3,67	[50,43 | 64,82]	-0,03	-0,04
	$\hat{\sigma}^2_e$	616,76 ± 3,90	[609,11 | 624,41]	0,01	-0,01
	$\hat{h}^2$	0,09 ± 0,01	[0,07 | 0,10]	-0,03	-0,04

CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; $\hat{\sigma}^2_a$: Estimativa da variância genética aditiva; $\hat{\sigma}^2_e$: Estimativa da variância genética residual; $\hat{\sigma}^2_{gmand}$: Estimativa da variância do grupo de manejo; $\hat{h}^2$: Estimativa do coeficiente de herdabilidade; Média: Média *posteriori*; DP: Desvio padrão *posteriori*; e *r-lag50*: Autocorrelação em lag 50. Fonte: Própria autoria.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade das características variaram de baixa a moderada magnitude (0,09 a 0,38). Para o CAR, a estimativa do coeficiente de herdabilidade encontrado foi igual a 0,22. Este resultado é semelhante ao valor obtido por Ceacero et al. (2016) e Benfica et al. (2020) e abaixo do encontrado por Santana et al. (2014) e Grigoletto et al. (2017), 0,37 e 0,30 respectivamente, que pode ser em partes explicado pelo diferente modelo estatístico, que incluía a condição sexual como covariável.

Os coeficientes de herdabilidade do GPR e do CGR foi igual a 0,28 e 0,23, respectivamente. Apresentaram-se próximos ao encontrado da literatura, que varia de 0,14 a 0,40 para GPR (CROWLEY et al., 2010; BERRY; CROWLEY, 2012; SANTANA et al., 2014; CEACERO et al., 2016; BENFICA et al., 2020) e 0,15 a 0,54 para CGR (BERRY; CROWLEY, 2012; SANTANA et al., 2014; CEACERO et al., 2016). Os valores mais discrepantes

encontrados foram descritos por Santana (2013), 0,40 e 0,54 para GPR e CGR, respectivamente, visto que o modelo estatístico utilizado para estimar o ganho de peso residual foi distinto deste estudo.

Para a PP14, a estimativa do coeficiente de herdabilidade obtida foi de 0,38, considerado de moderada magnitude, sendo similar ao encontrado na literatura que variam de 0,37 a 0,53 dependendo do modelo estatístico utilizado e dos efeitos incluídos (VAN MELIS et al., 2010; ELER; SANTANA JR; FERRAZ, 2012; SANTANA JR et al., 2012; SILVA, 2016; KLUSKA et al., 2018). A estimativa de herdabilidade para esta característica demonstra que a reprodução seletiva para eficiência reprodutiva aumentará a probabilidade de prenhez precoce em novilhas.

O coeficiente de herdabilidade encontrado de 0,10 para a STAY considerado de baixa magnitude e concordante ao ser verificado em outros estudos (VAN MELIS et al., 2010; ELER; SANTANA JR; FERRAZ, 2012; SANTANA JR et al., 2012; TEIXEIRA et al., 2017; KLUSKA et al., 2018; SCHMIDT et al., 2018; BONAMY et al., 2019), que variam de 0,10 a 0,17 dependendo do modelo utilizado ou das diferentes definições de STAY adotadas.

Para a PRODAM, o coeficiente de herdabilidade encontrado também foi de baixa magnitude sendo igual a 0,09, mostrando-se abaixo dos valores de herdabilidade encontrados na literatura, situados entre 0,15 e 0,23, na raça Nelore (BALDI; ALENCAR; FREITAS, 2008; ELER et al., 2008; ELER; SANTANA JR; FERRAZ, 2012; SANTANA JR et al., 2014).

Os coeficientes de correlação genéticas, demonstrados na Tabela 3.3, obtidas neste estudo variaram de baixa a alta magnitude (-0,99 a 0,72).

Tabela 3. 3 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética (média *posteriori* ± desvio padrão *posteriori*) [intervalo] acima da diagonal e estimativas dos coeficientes de correlação residual (média *posteriori* ± desvio padrão *posteriori*) [intervalo] abaixo da diagonal das características avaliadas, sob análise multi-característica via inferência Bayesiana.

Característica	Característica					
	CAR	GPR	CGR	PP14	STAY	PRODAM
CAR		-0,75 ± 0,09 [-0,92 | -0,58]	-0,99 ± 0,01 [-1,00 | -0,98]	0,19 ± 0,18 [-0,17 | 0,54]	0,01 ± 0,18 [-0,37 | 0,34]	-0,06 ± 0,16 [-0,38 | 0,25]
GPR	-0,84 ± 0,02 [-0,87 | -0,80]		0,85 ± 0,06 [0,74 | 0,96]	-0,33 ± 0,19 [-0,70 | 0,04]	0,38 ± 0,18 [0,03 | 0,74]	0,11 ± 0,14 [-0,17 | 0,39]
CGR	-0,99 ± 0,00 [0,99 | 0,99]	0,90 ± 0,01 [0,87 | 0,92]		-0,24 ± 0,18 [-0,59 | 0,11]	0,10 ± 0,18 [-0,25 | 0,46]	0,08 ± 0,15 [-0,22 | 0,39]
PP14	--	--	--		0,49 ± 0,07 [0,36 | 0,62]	0,62 ± 0,09 [0,44 | 0,80]
STAY	--	--	--	0,26 ± 0,02 [0,22 | 0,31]		0,72 ± 0,05 [0,62 | 0,82]
PRODAM	--	--	--	0,53 ± 0,02 [0,48 | 0,57]	0,71 ± 0,01 [0,70 | 0,72]	

CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca.*-- os valores das variâncias residuais foram consideradas como zero. Fonte: Própria autoria.

O elevado coeficiente de correlação entre essas características de eficiência alimentar era esperado, pois existe uma relação complexa entre elas. Além disso, CAR e GPR devem estar correlacionados, uma vez que o GMD e o IMS são medidas correlacionadas. O GMD é considerado para a estimativa do CAR, enquanto o IMS é incluído no modelo para o cálculo do GPR.

As estimativas dos coeficientes foram similares aos encontrados na literatura (CROWLEY et al., 2010; BERRY; CROWLEY, 2012, 2013; SANTANA et al., 2014; FIGUEIREDO et al., 2019). Demonstrando que animais de baixo CAR foram também eficientes quanto ao GPR e CGR, assim como animais eficientes para GPR também são eficientes para consumo e ganho de residual. Cabe ressaltar que os efeitos ambientais e não aditivos influenciaram as características de eficiência alimentar no mesmo sentido e de alta magnitude, pois as correlações residuais foram negativas, quando comparamos CAR com as demais características e positiva quando se compara GPR e CGR.

Os coeficientes de correlações genéticas entre as características reprodutivas foram de moderada a alta magnitude, variando de 0,49 a 0,72. Uma maior associação entre STAY e PRODAM foi verificada, seguido de PP14 e PRODAM, estando em concordância com outros estudos (VAN MELIS et al., 2010; ELER; SANTANA JR; FERRAZ, 2012; SANTANA JR et al., 2012; SCHMIDT et al., 2018). Esses resultados indicaram que a seleção pela precocidade sexual das novilhas é capaz de levar à seleção de vacas que permanecem mais tempo no rebanho e que são mais produtivas em quilos de bezerros desmamados. Corroborando com Terakado et al. (2014), as fêmeas precoces permanecem no rebanho por mais tempo e podem produzir bezerros mais pesados ao desmame.

Adicionalmente, evidenciou-se que a estimativa do coeficiente de correlação residual baixo entre PP14 e STAY indica que os efeitos ambientais e não aditivos que influenciaram essas características foram diferentes. No entanto, os efeitos não aditivos e ambientais que influenciaram a produtividade anual média da vaca, agem no mesmo sentido quando avaliados para PP14 e STAY, dado que as correlações residuais foram de moderada a alta magnitude e positivas.

Quando analisamos os coeficientes de correlação entre as características de eficiência alimentar e reprodutiva, o intervalo de alta densidade do estimador posterior inclui o valor zero, em termos práticos, assume-se que o parâmetro não é significativamente diferente de zero. Para nosso estudo, as correlações genéticas entre CAR e PP14, CAR e STAY, CAR e PRODAM, GPR e PP14, GPR e PRODAM, CGR e

PP14, CGR e STAY, e por fim, CGR e PRODAM, não devem ser considerados diferentes de zero (Tabela 3.3).

Nossos resultados não são conclusivos, mas devem ser utilizados para hipotetizar as prováveis associações entre características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos de corte, pelo menos do ponto de vista genético. Nesta população, a seleção para eficiência alimentar não afetará as características reprodutivas mencionadas. No entanto, podemos especular sobre possíveis associações entre eficiência alimentar e reprodução (explicadas abaixo).

Coeficientes de correlação genética de moderada magnitude foram encontrados entre características de eficiência alimentar e reprodutivas. Estimou-se uma correlação positiva entre GPR e STAY (0,38) e negativa entre GPR e PP14 (-0,33), apontando que animais eficientes para ganho de peso residual podem apresentam maior capacidade da fêmea permanecer produtivas no rebanho até 6 anos ou mais e podem causar a menor probabilidade da novilha ficar prenha.

Crowley et al. (2011) encontraram correlações genéticas entre sobrevivência e IMS, implicando que animais maiores consomem mais ração e aumentam a expectativa de vida do rebanho, o que pode estar ligado ao balanço energético positivo e fertilidade, dando suporte à relação positiva entre STAY e GPR descoberto neste estudo. Além disso, STAY é definido como a capacidade de uma vaca de permanecer produtiva até uma idade específica, se for dada a oportunidade de atingir essa idade (HUDSON; VAN VLECK, 1981). Com isso, aumenta o número de fêmeas na faixa etária com maior produção de leite e nascem bezerros mais pesados. O GPR está associado a taxas de crescimento mais rápido (CROWLEY et al., 2010) que é observado em bezerros desmamados pesados. Além disso, Crowley et al. (2011) revelaram que a seleção para GPR resulta em maior peso materno ao desmame, provavelmente devido ao aumento da produção de leite.

O coeficiente de correlação genética entre PP14 e CAR foi de baixa magnitude e antagônica (0,19), ou seja, um valor genético mais alto para probabilidade de prenhez de novilha precoce está associado a um valor genético mais alto para consumo alimentar residual (alto CAR, isto é, animais ineficientes para a eficiência alimentar). O coeficiente de correlação entre PP14 e CGR, apresentou-se de baixa magnitude e desfavorável (-0,24), demonstrando que a seleção para essa característica de eficiência alimentar pode levar a consequência negativas na precocidade sexual de novilhas.

Dessa maneira, a seleção para essas características de eficiência alimentar podem ser prejudiciais para probabilidade de prenhez de novilhas precoces. Complexos fatores

controlam o início da puberdade, incluindo a genética, estado nutricional, estado fisiológico, meio ambiente, entre outros. O fator nutricional tem grande impacto na interação do início da puberdade, influenciando o estado metabólico do animal por meio de alterações na insulina, fator de crescimento semelhante à insulina, glicose e hormônios reprodutivos (D'OCCHIO; BARUSELLI; CAMPANILE, 2019).

Em estudos sobre o impacto da seleção para CAR na reprodução de bovinos de corte, não se notou diferenças significativas nas taxas de prenhez e taxas de parto entre os grupos de CAR, mas encontraram diferenças significativas nas datas de parto, em que fêmeas com baixo CAR conceberam seus bezerros mais tardes do que vacas ineficientes para consumo alimentar residual (ARTHUR et al., 2005; BASARAB et al., 2007; DONOGHUE et al., 2011; RANDEL; WELSH, 2013; MU et al., 2016). Shaffer (2010) e Crowley et al. (2011) observaram uma associação desfavorável entre idade a puberdade e o CAR, em que quando se tira uma unidade da idade a puberdade aumenta-se uma unidade de CAR.

Uma das hipóteses que podem ser levantadas, é a relação da gordura com as características avaliadas. Vários estudos mostram que o CAR está associado com a gordura corporal (ARTHUR et al., 2001; BASARAB et al., 2003; RICHARDSON et al., 2004; KELLY et al., 2010, DONOGHUE et al., 2011; BUARQUE, 2018; LINES et al., 2018) assim como o início da puberdade em bovinos de corte (JOHNSTON et al., 2009; ALMEIDA et al., 2013; CAETANO et al., 2013; PEREIRA et al., 2017), de modo que as novilhas eficientes para o CAR podem ter menor gordura corporal e por consequência pode afetar negativamente o início da puberdade.

A leptina é um peptídeo sintetizado e secretado pelos adipócitos e funciona como um sinal metabólico do estado nutricional para o eixo reprodutivo (EMERICK et al., 2009; HAUSMAN; BARB; LENTS, 2012; WILLIAMS et al., 2002). Age no hipotálamo como regulador da fome e saciedade, estimulando ou diminuindo o consumo alimentar (GAMBA; PRALONG, 2006) e pode atuar centralmente no hipotálamo ou perifericamente no ovário para aumentar a função reprodutiva das fêmeas (HAUSMAN; BARB; LENTS, 2012; WILLIAMS et al., 2002).

Portanto a redução do tecido adiposo pode ocasionar a alteração na síntese e na liberação dessa proteína (HOUSEKNECHT et al., 1998), apoiando o achado de Brandt et al. (2003) e Foote et al. (2015), que mostram uma associação positiva entre a concentração de leptina e a composição corporal e de carcaça.

A concentração de leptina plasmática foi associada positivamente com o CAR, mostrando que animais com alto CAR, ou seja, com maior taxa de gordura corporal, possuíam uma maior concentração de leptina (RICHARDSON et al., 2004; NKRUMAH et al., 2007; FOOTE et al., 2015). Resultados divergentes foram descritos nos estudos de Sanches (2006) e Mota et al. (2017), no qual o CAR possuía uma associação negativa com a leptina plasmática, e Gillis et al. (2004) não relataram associações significativas entre a concentração de leptina e as características de desempenho (IMS, GMD) e de carcaça.

Há muitas limitações quanto a relação entre as outras características de eficiência alimentar e reprodução, visto que o enfoque maior é dado ao consumo alimentar residual. Ademias há bastante divergência quanto a associação da gordura corporal e os animais eficientes para GPR e CGR.

Santana et al. (2014) e Ceacero et al. (2016) estimaram correlações genéticas negativas e de baixa magnitude entre GPR e a espessura de gordura subcutânea na costela (EGS) e a espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP). No entanto, Buarque (2018) relatou uma associação baixa e negativa entre GPR e EGS e uma correlação positiva e baixa entre GPR e EGP, discordando do encontrado por Brunes et al. (2021), que relatou uma baixa e positiva associação entre GPR e EGS e uma baixa e negativa associação entre GPR e EGP.

A associação entre CGR e espessura de gordura foi de moderada magnitude e negativa (CEACERO et al., 2016; BUARQUE, 2018), mostrando que animais eficientes para CGR possuem menor gordura corporal, porém outros autores não corroboram com esses achados, em que demonstraram correlações de baixas magnitude e positivas entre gordura corporal e o CGR (CROWLEY et al., 2011; SANTANA et al, 2014; BRUNES et al., 2021). Os demais coeficientes de correlação encontrados entre as características de eficiência alimentar e reprodutivas foram baixas e próximos a zero.

3.4 Conclusões

Nossos resultados, nesta população, implicam que a seleção para eficiência alimentar não afetará as características reprodutivas avaliadas. No entanto, podemos especular sobre possíveis associações entre eficiência alimentar e precocidade, demonstrado que a seleção para menores valores de CAR e maiores valores de GPR e CGR podem resultar em diminuição da probabilidade de prenhez em fêmeas precoces.

Por outro lado, a seleção para ganho de peso residual apontou para uma maior capacidade de fêmeas permanecer produtivas no rebanho até 6 anos ou mais.

Nesse contexto, são necessários mais estudos sobre as características de eficiência alimentar e a associação entre as características reprodutivas, a fim de evitar as associações indesejáveis com precocidade sexual e eficiência reprodutiva. Visto que, as características reprodutivas são importantes para o sistema de produção e estão ligadas diretamente as questões econômicas, bem como as características de eficiência alimentar.

Referências

ALEXANDRE, P. A. **Caracterização do perfil de expressão gênica hepática global associada à eficiência alimentar em bovinos Nelore**. 2015. 143 f. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2015.

ALMEIDA, O. M. de et al. Endocrinologia da puberdade em fêmeas bovinas. **Revista Científica Eletrônica de Medicina Veterinária**, 2013. Disponível em: <www.revista.inf.br-www.editorafaef.com.br-www.faef.edu.br.>.

ARTHUR, P. F. et al. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of Animal Science,** v. 79, n. 11, p. 2805–2811, 2001.

ARTHUR, P. F. et al. Maternal productivity of Angus cows divergently selected for post-weaning residual feed intake. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 45, n. 7–8, p. 985–993, 2005.

AWDA, B. J. et al. The relationship between feed efficiency traits and fertility in young beef bulls. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 93, n. 2, p. 185–192, 2013.

BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R. Correlações genéticas de características de tamanho corporal e condição corporal com características de eficiência produtiva de fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 3, p. 420–426, 2008.

BASARAB, J. A. et al. Relationships between progeny residual feed intake and dam productivity traits. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 87, n. 4, p. 489–502, 2007.

BASARAB, J. A. et al. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 83, n. 3, p. 189–204, 2003.

BENFICA, L. F. et al. Genetic association among feeding behavior, feed efficiency and growth traits in growing indicine cattle. **Journal of Animal Science**, v. 98, n. 11, p. 1–10, 2020.

BERRY, D. P.; CROWLEY, J. J. Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, p. 1594–1613, 2013.

BERRY, D. P.; CROWLEY, J. J. Residual intake and body weight gain: A new measure of efficiency in growing cattle**. Journal of Animal Science**, v. 90, n. 1, p. 109–115, 2012.

BONAMY, M. et al. Genetic association between different criteria to define sexual precocious heifers with growth, carcass, reproductive and feed efficiency indicator traits in Nellore cattle using genomic information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 136, n. 1, p. 15–22, 2019.

BOURDON, R. M. **Understanding Animal Breeding**. 2nd ed. London: Pearson

Education, 2000.

BOX, G. E. P. et al. **Time series analysis: Forescasting and Control**, 5th ed. New Jersey: John Wiley & Sons, Inc., p. 712, 2015.

BRANDT, M. M. et al.Serum hormone concentrations relative to carcass composition of a random allotment of commercial-fed beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 1, p. 267–275, 2007.

BRUNES, L. C. et al. Selection criteria for feed efficiency related traits and its association with growth, reproductive and carcass traits in Nellore cattle. **Animal Production Science**, 2021.

BUARQUE, V. L. M. **Relação entre diferentes medidas de eficiência alimentar e características de desempenho, carcaça e termografia em bovinos Nelore confinados**. 63f. 2018. Dissertação (Mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2018.

CAETANO, S. L. et al. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 155, n. 1, p. 1–7, 2013.

CEACERO, T. M. et al. Phenotypic and genetic correlations of feed efficiency traits with growth and carcass traits in Nellore cattle selected for postweaning weight. **Plos One**, v. 11, n. 8, p. 1–11, 2016.

CREWS JR, D. H. Genetics of efficient feed utilization and national cattle evaluation: a review. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 4, n. 2, p. 152-165, 2005.

CROWLEY, J. J. et al. Genetic relationships between feed efficiency in growing males and beef cow performance. **Journal of Animal Science**, v. 89, n. 11, p. 3372–3381, 2011.

CROWLEY, J. J. et al. Phenotypic and genetic parameters for different measures of feed efficiency in different breeds of Irish performance-tested beef bulls. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 3, p. 885–894, 2010.

D'OCCHIO, M. J.; BARUSELLI, P. S.; CAMPANILE, G. Influence of nutrition, body condition, and metabolic status on reproduction in female beef cattle: A review. **Teriogenology**, v. 125, p. 277–284, 2019.

FIGUEIREDO, D. M. et al. The phenotypic relationship between residual intake and gain and other feed efficiency traits in Nellore cattle. **Tropical Animal Health and Production**, v. 51, n. 2, p. 449–456, 2019.

DONOGHUE, K. A. et al. Onset of puberty and early-life reproduction in Angus females divergently selected for post-weaning residual feed intake. **Animal Production Science**, n. 51, p. 183–190, 2011.

ELER, J. P. et al. Genetic analysis of average annual productivity of Nellore breeding

cows (COWPROD). **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 1, p. 234–242, 2008.

ELER, J. P. et al. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers. **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 4, p. 951–954, 2002.

ELER, J. P.; SANTANA JR, M. L.; FERRAZ, J. B. S. Associação genética entre produtividade anual média, habilidade de permanência no rebanho e probabilidade de prenhez precoce de fêmeas Nelore. In: IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal,2012. **Anais** [...]. João Pessoa: SBMA, p. 20–22, 2012.

EMERICK, L. L. et al. Aspectos relevantes sobre a puberdade em fêmeas. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 33, n. 1, p. 11–19, 2009.

FARIA, C. U. et al. Abordagem bayesiana e frequentista em análise genética tricaráter para crescimento e reprodução de bovinos. **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, n. 3, p. 598-607, 2008.

FONTOURA, A. B. P. et al. Associations between feed efficiency, sexual maturity and fertility-related measures in young beef bulls. **Animal**, v. 10, n. 1, p. 96–105, 2016.

FOOTE, A. P. et al. Relationship of leptin concentrations with feed intake, growth, and efficiency in finishing beef steers. **Journal of Animal Science**, v. 93, p. 4401–4407, 2015.

GAMBA, M.; PRALONG, F. P. Control of GnRH neuronal activity by metabolic factors: The role of leptin and insulin. **Molecular and Cellular Endocrinology**, v. 254–255, p. 133–139, 2006.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. **Bayesian Statistics**, Oxford, v. 4, p. 169-193, 1992.

GILLIS, M. H. et al. Effects of supplemental rumen-protected conjugated linoleic acid or linoleic acid on feedlot performance, carcass quality, and leptin concentrations in beef cattle 1. **Journal of Animal Science**, v. 82, p. 851–859, 2004.

GRIGOLETTO, L. et al. Genetic contribution of cytoplasmic lineage effect on feed efficiency in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 198, p. 52–57, 2017.

HAFLA, A. N. et al. Relationships between feed efficiency, scrotal circumference, and semen quality traits in yearling bulls. **Journal of Animal Science**, v. 90, n. 11, p. 3937–3944, 2012.

HAUSMAN, G. J.; BARB, C. R.; LENTS, C. A. Leptin and reproductive function. **Biochimie**, v. 94, n. 10, p. 2075–2081, 2012.

HEIDELBERGER, P., WELCH, P.D. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. **Operations Research**, v. 31, n. 6, p. 1109–1144, 1983.

HERD, R. M.; ODDY, V. H.; RICHARDSON, E. C. Biological basis for variation in residual feed intake in beef: review of potential mechanisms. **Australian Journal of**

Experimental Agriculture, v. 44, n. 5, 2004.

HOUSEKNECHT, K. L. et al. The Biology of Leptin: A Review. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 1405–1420, 1998.

HUDSON, G. F. S.; VAN VLECK, L. D. Relationship Between Production and stayability in Holstein. **Faculty Papers and Publications in Animal Science**, v. 381, 1981.

JOHNSTON, D. J. et al. Genetics of heifer puberty in two tropical beef genotypes in northern Australia and association with heifer- and steer-production traits. **Animal Production Science**, v. 49, p. 399–412, 2009.

KELLY, A. K. et al. Effect of divergence in residual feed intake on feeding behavior, blood metabolic variables, and body composition traits in growing beef heifers. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 1, p. 109–123, jan. 2010.

KENNY, D. A. et al. Invited review: Improving feed efficiency of beef cattle - The current state of the art and future challenges. **Animal**, v. 12, n. 9, p. 1815–1826, 1 set. 2018.

KLUSKA, S. et al. Estimates of genetic parameters for growth, reproductive, and carcass traits in Nelore cattle using the single step genomic BLUP procedure. **Livestock Science**, v. 216, p. 203–209, 2018.

KOCH, R. M. et al. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 22, n. 2, p. 486-494, 1963.

LINES, D. S. et al. Selection for residual feed intake affects appetite and body composition rather than energetic efficiency. **Animal Production Science**, v. 58, n. 1, p. 175–184, 2018.

LUO, M.F. et al. Estimation of genetic parameters of calving ease in first and second parities of Canadian Holsteins using Bayesian methods. **Livestock Production Science**, v.74, p.175-184, 2002.

MARCONDES, C. et al. Comparação entre análises para permanência no rebanho de vacas Nelore utilizando modelo linear e modelo de limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 2, p. 234-240, 2005.

MARTÍN NIETO, L. et al. Análise da curva de crescimento da circunferência escrotal de touros da raça Canchim e do grupo genético MA. **Archives of Veterinary Science**, v.8, n. 1, p.75-79, 2003.

MISZTAL, I. et al. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia. http://nce.ads.uga.edu/ wiki/doku.php?id=documentation. 2018.

MOTA, L. F. M. et al. Circulating leptin and its muscle gene expression in Nellore cattle with divergent feed efficiency. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v. 8, n. 1, 2017.

MU, Y. et al. Genetic correlations between female fertility and postweaning growth and feed efficiency traits in multibreed beef cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 96, n. 3, p. 448–455, 2016.

NKRUMAH, J. D. et al. Genetic and phenotypic relationships of serum leptin concentration with performance, efficiency of gain, and carcass merit of feedlot cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 9, p. 2147–2155, 2007.

PEREIRA, G. R. et al. Relationship of post-weaning growth and age at puberty in crossbred beef heifers. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 46, n. 5, p. 413–420, 2017.

RANDEL, R. D.; WELSH, J. H. Joint Alpharma-beef Species Symposium: Interactions of feed efficiency with beef heifer reproductive development. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 3, p. 1323–1328, 2013.

RICHARDSON, E. C. et al. Metabolic differences in Angus steers divergently selected for residual feed intake. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 44, p. 441–452, 2004.

SANCHES, A. C. **Relação entre eficiência de crescimento, concentrações plasmáticas de leptina e IGF-I, características de carcaça e consumo alimentar residual em novilhos de corte**.73f. 2006. Tese (Doutorado). Escola de Veterinária, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

SANTANA JR, M. L. et al. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 91, n. 6, p. 2566–2574, 2014.

SANTANA JR, M. L. et al. Genetic relationship between growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Animal**, v. 6, n. 4, p. 565–570, 2012.

SANTANA, M. H. A. **Estudo genético e genômico da ingestão e eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore (Bos indicus).**89 f. 2013. Tese (Doutorado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2013.

SANTANA, M. H. A. et al. Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 167, n. 1, p. 80–85, 2014.

SCHMIDT, P. I. et al. Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. **Theriogenology**, v. 108, p. 81–87, 2018.

SHAFFER, K. S. **Residual feed intake, body composition and fertility in yearling Residual feed intake, body composition and fertility in yearling beef heifers beef heifers**. 78 f. 2010. Dissertation. Davis College of Agriculture, Natural Resources and Design at West Virginia University, Morgantown, 2010.

SILVA, B. da C. A. **Associação genética entre o peso adulto e algumas características produtivas e reprodutivas em bovinos da raça Nelore Associação genética entre o peso adulto e algumas características produtivas e reprodutivas em bovinos da raça Nelore**. 47 f. 2016. Dissertação (mestrado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2016.

SILVA, J. A. II V. et al. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 99, n. 1, p. 51–59, 2006.

SILVA, J. A. II V. et al. Heritability estimate for stayability in nelore cows. **Livestock Production Science**, v. 79, n. 1, p. 97–101, 2003.

SORENSEN, D.; GIANOLA, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics**. New York: New York Springer-Verlag, p. 740, 2002.

TEIXEIRA, D. B. A. et al. Genomic analysis of stayability in Nellore cattle. **Plos One**, v. 12, n. 6, 2017.

TERAKADO, A. P. N. et al. Evaluation of productivity of sexually precocious Nelore heifers. **Animal**, v. 9, n. 6, p. 938–943, 16 dez. 2014.

VAN MELIS, M. H. et al. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nellore cattle**. Journal of Animal Science**, v. 88, n. 12, p. 3809–3813, 2010.

WANG, Z. et al. Impact of selection for residual feed intake on breeding soundness and reproductive performance of bulls on pasture-based multi-sire mating. Journal of Animal Science, v. 90, p. 2963–2969, 2012.

WILLIAMS, G. L. et al. Leptin and its role in the central regulation of reproduction in cattle. **Domestic Animal Endocrinology**, v. 23, p. 339–349, 2002.

4. USO DOS PSEUDO-FENÓTIPOS DESREGREDIDOS PARA A PREDIÇÃO DOS VALORES GENÉTICOS ADITIVOS EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR E REPRODUTIVAS EM BOVINOS NELORE

Caroline Assis Almeida[1]; Fernando de Oliveira Bussiman[2]; Rachel Santos Bueno Carvalho[3]; Bárbara da Conceição Abreu Silva[4]; Elisângela Chicaroni de Mattos[1]; Joanir Pereira Eler[4]; Miguel Henrique de Almeida Santana[4], José Bento Sterman Ferraz[1]

[1] *Departamento de Medicina Veterinária; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*
[2] *Departamento de Nutrição e Produção Animal; Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, FMVZ/USP – Universidade de São Paulo, Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil*
[3] *Departamento de Ciências Básicas; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*
[4] *Departamento de Zootecnia; Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos FZEA/USP – Universidade de São Paulo. Av. Duque de Caxias Norte, 225, Pirassununga, SP 13635-900, Brasil.*

Resumo: O objetivo deste estudo foi investigar o impacto da utilização de diferentes pseudo-fenótipos na predição do valor genético e genômico de características reprodutivas e de eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore. Os parâmetros genéticos utilizados foram previamente estimados via inferência Bayesiana sob modelo linear-limiar multi-característica, em que incluía três características de eficiência alimentar e três reprodutivas. A fim de avaliar o impacto das predições a partir de diferentes variáveis respostas, a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos e genômicos e a correlação de Spearman foram avaliadas, considerando os quarto cenários. Os coeficientes de correlação de Pearson e de Spearman apresentaram-se de maneira similar quando utilizamos a metodologia BLUP e ssGBLUP para a predição dos valores genéticos e genômicos, no qual as maiores magnitudes dos coeficientes de correlações foram encontradas quando utilizamos o valor genético desregredido e o valor genético como pseudo-fenótipo. No entanto o valor genético predito a partir do valor genético desregredido apresentou um menor viés de predição. Desse modo, os resultados indicam que o valor genético desregredido pode ser usado como uma variável de resposta alternativa para predição genômica.

Palavras-chave: correlação de Pearson, correlação de Spearman, desregredido, ssGBLUP, variável resposta.

USE OF DEREGRESSED PSEUDO-PHENOTYPES FOR THE PREDICTION OF BREEDING VALUES FOR FEED EFFICIENCY AND REPRODUCTIVE TRAITS IN NELORE CATTLE

Abstract: The aim of this study was to investigate the impact of using different pseudo-phenotypes in predicting the genetic and genomic value of feed efficiency and reproductive traits. The genetic parameters used were previously estimated via Bayesian inference under a multi-trait threshold-linear model, which included three feed efficiency traits and three reproductive traits. In order to evaluate the impact of predictions from different response variables, the estimate of Pearson's correlation coefficient between genetic and genomic values and Spearman's correlation were evaluated, considering the four scenarios. Pearson's and Spearman's correlation coefficients were similar when we used the BLUP and ssGBLUP methodology for the prediction of breeding values and genomic breeding values, in which the highest magnitudes of correlation coefficients were found when we used the deregressed breeding values and the breeding values as a pseudo-phenotype. However, the breeding values predicted from the deregressed breeding values showed a lower prediction bias. Thus, the results indicate that the deregressed breeding values can be used as an alternative response variable for genomic prediction.

Keywords: Pearson's correlation, Spearman's correlation, deregressed, ssGBLUP, response variable.

4.1 Introdução

A seleção genômica vem se tornando cada vez mais importante na produção animal. A obtenção de previsões genômicas precisas é influenciada por diversos fatores, no qual um dos fatores a ser considerado é a variável resposta (SONG et al., 2018). As variáveis resposta pode ser denominada como pseudo-fenótipo, quando são utilizadas para a predição dos valores genéticos.

O uso dos pseudo-fenótipos é necessário no caso de animais genotipados que não possuem fenótipos, que possuem fenótipos pouco explicativo ou que possuem informações de fontes pouco confiáveis como um único registro do indivíduo (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009). Para características expressas tardiamente na vida do animal ou expressas em apenas um dos sexos, como é o caso de características reprodutivas, também se faz necessário a utilização dos pseudo-fenótipos (VANRADEN; WIGGANS, 1991).

Diferentes tipos de pseudo-fenótipos são utilizados como variáveis respostas nas predições genéticas e genômicas, quando o valor genético real (TBV, "*True Breeding Value*") é desconhecido. O valor genético tradicional (EBV), o desvio de produção das filhas (DYD, "*Daughter Yield Deviations*"), provas desregressadas (DRP, "*Deregression Proofs*"), o valor genético tradicional desregredido (dEBV, "*Deregression Estimated Breeding Value*") são algumas das variáveis respostas para a estimação dos efeitos dos marcadores (VANRADEN; WIGGANS, 1991; JAIRATH et al., 1998; GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009; GUO et al., 2010; GAO et al., 2013).

A escolha de qual pseudo-fenótipo aplicar interfere na predição, uma vez que cada pseudo-fenótipo possui diferentes viés de natureza genética, que devem ser analisados na interpretação dos resultados dos modelos de predição (DAETWYLER et al., 2013). O uso do valor genético como variável resposta parece ser o mais adequado, visto que é o melhor preditor linear não viesado, sendo mais acurado quando se tem uma grande quantidade de informações para a sua avaliação em comparação ao uso de informações fenotípicas para a predição (CHIAIA, 2017).

No entanto a desvantagem de se utilizar o EBV como variável resposta é o viés causado da contagem dupla de informação (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009). Para contornar esse problema os autores propuseram um método para a obtenção dos pseudo-fenótipos baseada nos valores genéticos preditos ponderado pela acurácia, no qual retira-se o efeito médio dos pais do EBV e as informações de descendentes genotipados.

Com isso o objetivo desse estudo é verificar a utilização dos pseudo-fenótipos para predição dos valores genéticos aditivos em características de eficiência alimentar e reprodutivas.

4.2 Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de animais da raça Nelore dos arquivos da Agro-Pecuária CFM Ltda., criados em fazendas localizadas na região sudeste e centro-oeste do Brasil e de arquivos pertencentes a Universidade de São Paulo, USP. As análises foram realizadas no Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMAB - FZEA / USP).

4.2.1 Banco de dados

O banco de dados foi proveniente de diferentes fontes. Para as características de eficiência alimentar, leia o desenho experimental de Santana (2013). As características reprodutivas foram fornecidas pela Agropecuária CFM Ltda. O banco de dados continha os registros de 194.063 animais, mensurados para características de eficiência alimentar (N = 2.058) e reprodutivas (N = 192.005). O arquivo de pedigree continha um total de 218.474 animais, incluindo 3.192 touros e 99.586 matrizes, 102.778 indivíduos com progênie e 115.696 indivíduos sem progênie.

Um arquivo de genotipos de 7.631 animais genotipados por painéis comerciais de marcadores moleculares do tipo SNP (*"Single Nucletotide Polymorphisms"*), na densidade de 50.000 marcadores, foram submetidos ao controle de qualidade, utilizando o software PREGSF90 (AGUILAR et al., 2014). Foram excluídos os SNPs com call rate < 0,90 (0), frequência do alelo menor (MAF) < 0,03 (7.359), monomórficos (321) e SNPs com uma diferença entre a frequência observada e esperada para o teste de equilíbrio de Hardy-Weinberg > 0,15 (119) foram excluídos. Além disso, animais com call rate menor que 90% (0) e/ou duplicados. Além disso, animais com *call rate* menor que 90% (0) e/ou duplicados foram excluídos. Após o controle de qualidade, permaneceram para as análises 44.214 SNPs.

Os componentes de (co)variância e os parâmetros genéticos das características utilizados foram estimados por meio de inferência Bayesiana sob modelo linear de limiar multi-característica, com auxílio dos softwares THRGIBBS1F90 e POSTGIBBSF90 (MISZTAL et. al, 2018).

As características avaliadas foram o consumo alimentar residual (CAR), o ganho de peso residual (GPR), o consumo e ganho residual (CGR), a probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14) a *stayability* ou habilidade de permanência no rebanho (STAY) e produtividade anual média da vaca (PRODAM).

4.2.2 Predição dos valores genéticos e dos pseudo-fenótipos

Para as predições dos valores genéticos e genômicos foram empregues duas metodologias, BLUP ("*Best Linear Unbiased Preditor*") (HENDERSON, 1975) e ssGBLUP ("*Single-Step Genomic Best Linear Unbiased Predictor*") (MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009), executados por meio do software da família BLUPF90 (MISZTAL et al., 2018).

Quatro cenários foram explorados, sendo eles: EBV_Y - valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ} - valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV} - valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; e EBV_G - valor genético predito a partir do valor genético desregredido conforme proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta.

O valor genético e genômico foram preditos por meio do software THRGIBBS1F90 (MISZTAL et al., 2018) sob o modelo multi-característica. Em termos matriciais, a equação de modelo misto utilizada para obtenção da melhor predição linear não viesada pode ser descrita como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{g} + \mathbf{e}, \tag{4.1}$$

em que: $\mathbf{y}$ é o vetor de observações fenotípicas ordenado por animal e por característica (CAR, GPR, CGR, PP14, STAY, PRODAM); $\boldsymbol{\beta}$ representa o vetor de efeitos sistemáticos, ordenado por característica; $\mathbf{u}$ representa o vetor do efeito genético aditivo direto de animal; $\mathbf{g}$ representa o vetor do efeito aleatório de GMAND (apenas para PP14); $\mathbf{e}$ representa o vetor de termos aleatórios residuais; $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}_1$ e $\mathbf{Z}_2$ são as matrizes de incidência dos efeitos sistemáticos, genético aditivo e de GMAND, respectivamente.

As pressuposições assumidas foram: $E[y] = \mathbf{X\beta}$, $var(u) = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G_0}$ ou $var(u) = \mathbf{H} \otimes \mathbf{G_0}$, $var(g) = \mathbf{I} \otimes \mathbf{G_1}$ e $var(e) = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R_0}$, em que $\mathbf{A}$ é a matriz de parentesco via pedigree, $\mathbf{H}$ é a matriz de parentesco genômico, $\mathbf{I}$ é uma matriz identidade de ordem apropriada, $\mathbf{G_0}$ é a matriz de covariâncias genéticas aditivas; $\mathbf{G_1}$ é a matriz de covariâncias de GMAND; $\mathbf{R_0}$ é a matriz de covariâncias residuais e $\otimes$ é o produto direto entre matrizes.

O fenótipo ajustado para efeitos fixos foi calculado com o software PREDICTF90 (MISZTAL et al., 2018) com base na estimativa anterior de efeitos fixos e aleatórios com o software BLUPF90 (MISZTAL et al., 2018), somente para as características contínuas.

O valor genético desregredido (dEBV) foi calculado usando o valor genético tradicional (EBV) ou o valor genômico (GEBV) e suas respectivas acurácias conforme a abordagem proposta por Garrick, Taylor e Fernando (2009) com auxílio do software DEPROOFSF90 (MISZTAL et al., 2018). O procedimento ajusta o dEBV para que contenha apenas as informações do próprio indivíduo e dos descendentes, eliminando o efeito médio dos pais (PA) e ponderando apropriadamente a análise. O ponderador para o animal utilizado foi $wi = (1 - h^2) / [(c + (1 - r_i^2) / r_i^2)\, h^2]$, em que a parte da variância genética não explicada pelos marcadores (c) foi assumida como 0,5, h^2 é o coeficiente de herdabilidade da característica e r_i^2é a confiabilidade do dEBV do animal.

A predição dos valores genéticos e genômicos calculados a partir das variáveis respostas, cenários EBV_{YADJ}, EBV_{EBV} e $EBV_{G,}$ foram realizadas por meio de análise uni-característica usando o software BLUPF90 (MISZTAL et. al, 2018). Utilizou-se para a análise genética um banco com 103.662 informações e 112.809 informações para a predição genômica, pois somente os animais com os dois pais conhecidos foram considerados na análise, para não comprometer o processo de desregressão. O modelo utilizado pode ser descrito, em notação escalar, como:

$$y_i = \mu + u_i + e_{i,} \qquad (4.2)$$

em que y_i representa as observações (dos cenários EBV_{YADJ}, EBV_{EBV} e EBV_G) para as características estudadas; μ é o intercepto (média geral); u_i representa o efeito do aleatório genético aditivo direto do i-ésimo animal e e_i representa o termo residual aleatório. Para os cenários em que o valor genético foi predito a partir do EBV e dEBV utilizou-se um fator de ponderação, sendo esses, a acurácia do valor genético e w_i, respectivamente.

4.2.3 Análises de correlação

A estimativa do coeficiente de correlação de Pearson foi realizada entre os valores genéticos obtidos pelas diferentes metodologias aplicadas considerando os diferentes cenários estudados. Foi avaliada a correlação de Spearman, a fim de verificar se há alteração no ranqueamento dos animais pelos diferentes métodos, além de analisadas as correlações entre os melhores animais nas faixas de 1, 10 e 30% e dos piores animais nas mesmas faixas.

4.3 Resultados e Discussões

Os coeficientes de correlações de Pearson entre os valores genéticos preditos e os coeficientes de correlação de Spearman entre a classificação dos animais com base no valor genético predito entre as variáveis respostas para cada caraterística avaliada estão demonstrados na Tabela 4.1.

Tabela 4. 1 – Correlações de Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal), nos diferentes cenários avaliados para as características em estudo.

Característica	Variável Resposta	Variável Resposta			
		EBV_Y	EBV_{YADJ}	EBV_{EBV}	EBV_G
CAR	EBV_Y		0,48	0,94	0,98
	EBV_{YADJ}	0,07		0,29	0,46
	EBV_{EBV}	0,92	0,04		0,95
	EBV_G	0,94	0,11	0,92	
GPR	EBV_Y		0,45	0,90	0,93
	EBV_{YADJ}	0,31		0,30	0,37
	EBV_{EBV}	0,84	0,29		0,90
	EBV_G	0,84	0,23	0,84	
CGR	EBV_Y		0,48	0,94	0,98
	EBV_{YADJ}	0,11		0,29	0,44
	EBV_{EBV}	0,91	0,05		0,94
	EBV_G	0,94	0,12	0,90	
PP14	EBV_Y		-	0,90	0,94
	EBV_{YADJ}	-		-	-
	EBV_{EBV}	0,88	-		0,89
	EBV_G	0,90	-	0,87	
STAY	EBV_Y		-	0,81	0,92
	EBV_{YADJ}	-		-	-
	EBV_{EBV}	0,77	-		0,81
	EBV_G	0,86	-	0,77	
PRODAM	EBV_Y		0,88	0,78	0,92
	EBV_{YADJ}	0,84		0,77	0,93
	EBV_{EBV}	0,75	0,75		0,80
	EBV_G	0,88	0,91	0,76	

CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Observa-se que o coeficiente de correlação de Pearson entre o valor genético predito por meio do fenótipo original (EBV_Y) e o valor genético predito a partir do EBV

e dEBV como variável resposta (EBV_{EBV} e EBV_G) foram de alta magnitude em todas as características de eficiência alimentar (Tabela 4.1). As correlações de Spearman também foram de alta magnitude, sugerindo associação linear entre os ranks dos animais para os cenários avaliados, implicando na manutenção de posição da classificação dos animais, quando comparamos o EBV_Y com o EBV_{EBV} e o EBV_Y com o EBV_G indicando que o valor genético e valor genético desregredido podem ser usados como variáveis respostas alternativas para predição genômica.

Nas características reprodutivas todos os cenários preditos a partir das variáveis respostas apresentaram uma moderada a alta correlação com o valor genético predito por meio do fenótipo original, variando de 0,77 a 0,94 (Tabela 4.1). O alto coeficiente de correlação entre EBV_Y e EBV_{YADJ} na produtividade anual média da vaca é plausível, visto que o PRODAM é um desvio em relação aos touros e aos ambientes diferentes acumulados para cada vaca dentro do período de um ano, portanto a característica se acomoda melhor na pressuposição de fenótipo ajustado para os efeitos fixos. As correlações de rank comportaram-se de forma similar entre todos os cenários de predição nas características PP14, STAY e PRODAM, variando de 0,76 a 0,91.

A dispersão entre os cenários preditos foi avaliada por 1 - β_1 (HSU; GARRICK; FERNANDO, 2017) em que β_1 é o coeficiente angular da reta de regressão entre valores genéticos preditos, que pode ser descrito como:

$$\beta_1(x, y) = \frac{\sigma_{x,y}}{\sigma_x^2} \tag{4.3}$$

em que $\sigma_{x,y}$ é a covariância entre os valores genético x e y; σ_x^2 é a variância do valor genético de x. As estimativas dos parâmetros das equações de regressão foram testadas, permitindo identificar se o modelo de predição deflacionou ou inflacionou.

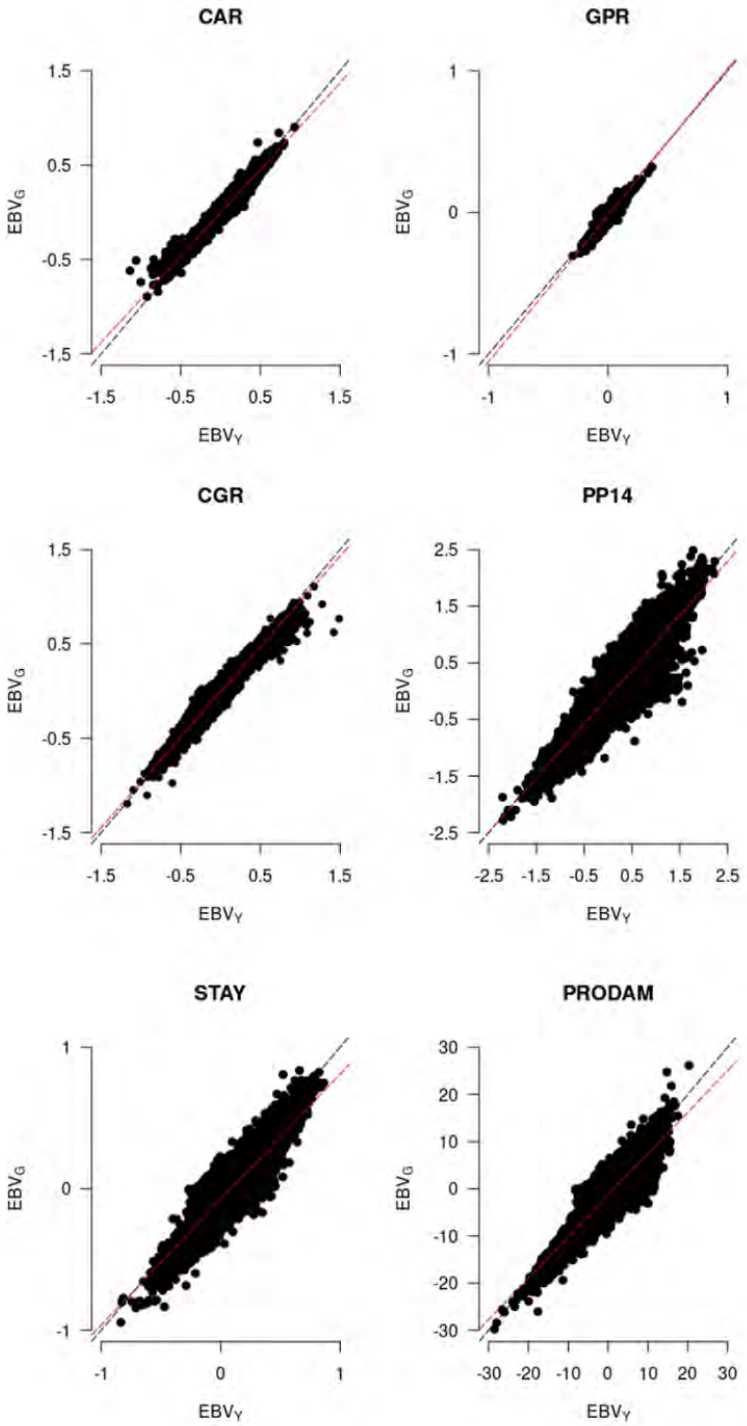
A partir da estimativa do coeficiente angular ($\hat{\beta}_1$), constatamos que o EBV_G possuía uma menor dispersão de predição em relação ao EBV_Y em todas as características, como é demonstrado na Tabela 4.2 e na Figura 4.1. Observamos uma deflação em todas as características, com exceção da característica GPR, dado que $\hat{\beta}_1 < 1$ indica deflação das predições e $\hat{\beta}_1 > 1$ indica inflação das predições.

Tabela 4. 2 – Coeficiente angular da reta de regressão dos EBVs sobre os EBVs preditos a partir das variáveis respostas (EBV_{YADJ}, EBV_{EBV} e EBV_G).

Característica	$\hat{\beta}_1(EBV_Y, EBV_{YADJ})$	$\hat{\beta}_1(EBV_Y, EBV_{EBV})$	$\hat{\beta}_1(EBV_Y, EBV_G)$
CAR	0,18	0,76	0,92
GPR	0,18	0,72	1,04
CGR	0,18	0,76	0,96
PP14	-	0,71	0,96
STAY	-	0,52	0,89
PRODAM	0,64	0,46	0,88

CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 1 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão do EBV_Y sobre o EBV_G para as características estudadas.



CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Dessa forma o uso do pseudo-fenótipo proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) mostrou-se mais adequado para a predição dos valores genéticos quando comparado com a predição dos valores genéticos a partir do fenótipo original, nessa população de estudo, devido aos altos coeficientes de correlação de Pearson e Spearman e do coeficiente angular próximos a 1.

Os coeficientes de correlações de Pearson entre os valores genômicos preditos e os coeficientes de correlação de Spearman entre a classificação dos animais com base no valor genômico predito entre as variáveis respostas para cada caraterísticas estão apresentados na Tabela 4.3.

Tabela 4. 3 – Correlações, Pearson (acima da diagonal) e Spearman (abaixo da diagonal), entre valores genômicos preditos para as características avaliadas.

Característica	Variável Resposta	Variável Resposta			
		$GEBV_Y$	$GEBV_{YADJ}$	$GEBV_{GEBV}$	$GEBV_G$
CAR	$GEBV_Y$		0,46	0,92	0,92
	$GEBV_{YADJ}$	0,48		0,25	0,46
	$GEBV_{GEBV}$	0,88	0,36		0,88
	$GEBV_G$	0,86	0,46	0,85	
GPR	$GEBV_Y$		0,41	0,88	0,88
	$GEBV_{YADJ}$	0,24		0,30	0,26
	$GEBV_{GEBV}$	0,83	0,20		0,78
	$GEBV_G$	0,85	0,16	0,75	
CGR	$GEBV_Y$		0,47	0,91	0,91
	$GEBV_{YADJ}$	0,44		0,27	0,45
	$GEBV_{GEBV}$	0,85	0,32		0,86
	$GEBV_G$	0,82	0,39	0,80	
PP14	$GEBV_Y$		-	0,92	0,92
	$GEBV_{YADJ}$	-		-	-
	$GEBV_{GEBV}$	0,90	-		0,87
	$GEBV_G$	0,90	-	0,89	
STAY	$GEBV_Y$		-	0,86	0,93
	$GEBV_{YADJ}$	-		-	-
	$GEBV_{GEBV}$	0,86	-		0,85
	$GEBV_G$	0,92	-	0,88	
PRODAM	$GEBV_Y$		0,88	0,81	0,90
	$GEBV_{YADJ}$	0,86		0,81	0,86
	$GEBV_{GEBV}$	0,80	0,79		0,77
	$GEBV_G$	0,87	0,89	0,79	

CAR: Consumo Alimentar Residual; GPR: Ganho de Peso Residual; CGR: Consumo e Ganho Residual; PP14: Probabilidade de Prenhez aos 14 meses; STAY: Capacidade de Permanência no Rebanho; PRODAM: Produtividade Anual Média da Vaca; $GEBV_Y$: valor genômico predito a partir do fenótipo original como variável resposta; $GEBV_{YADJ}$: valor genômico predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; $GEBV_{GEBV}$: valor genômico predito a partir do valor genômico como

variável resposta; $GEBV_G$: valor genômico predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

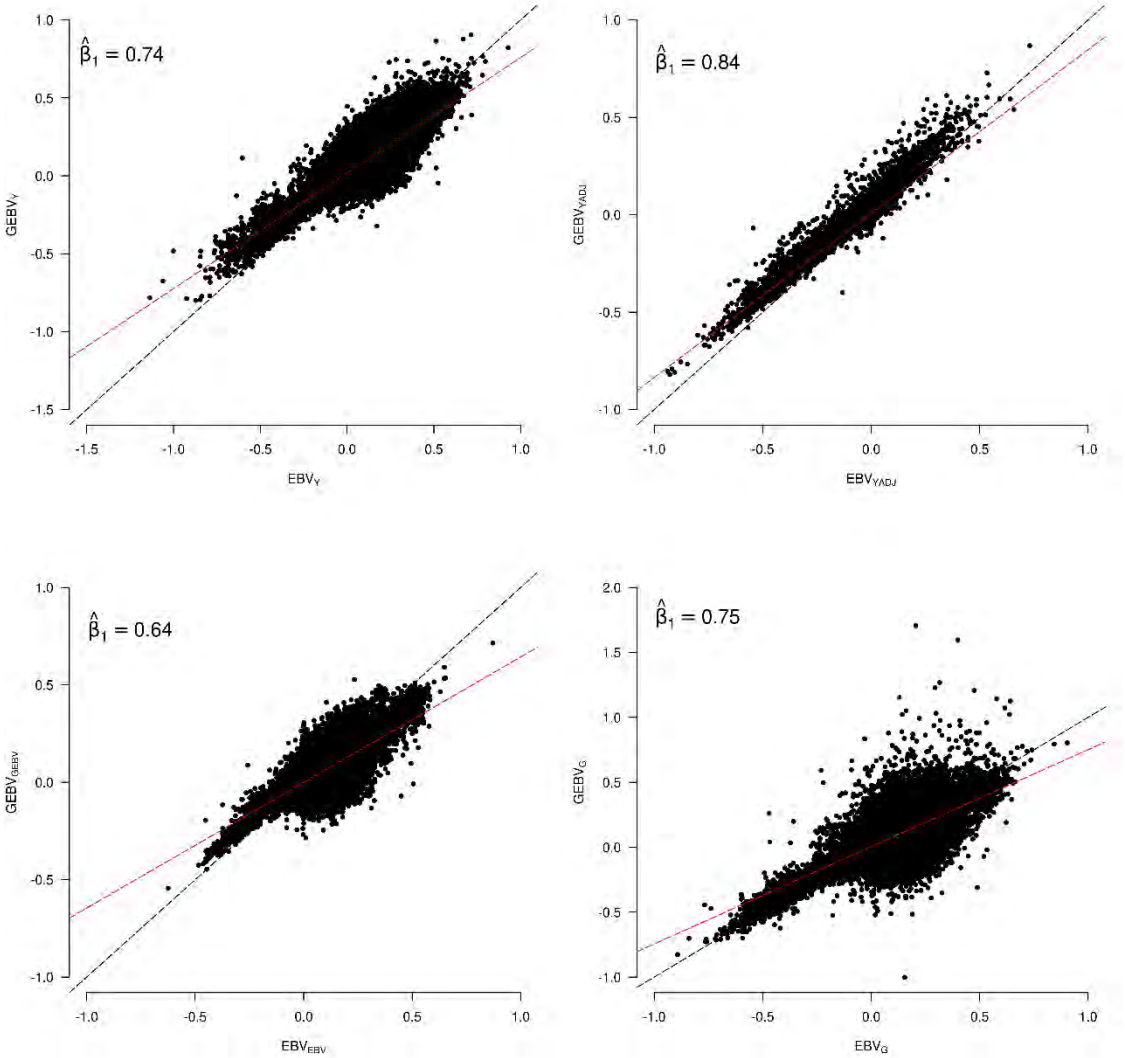
Os coeficientes de Pearson e de Spearman apresentaram-se de maneira similar entre a metodologia BLUP e ssGBLUP, em que as maiores magnitudes dos coeficientes de correlações foram entre $GEBV_Y$ e $GEBV_G$ e entre $GEBV_Y$ e $GEBV_{GEBV}$ para todas as características avaliadas e para a característica PRODAM o $GEBV_{YADJ}$ também apresentou alta correlação com o $GEBV_Y$.

A dispersão de predição entre $GEBV_Y$ e $GEBV_{YADJ}$ apresentou-se alto, 83%, 84%, 82% e 41% para CAR, GPR, CGR e PRODAM respectivamente. A dispersão entre $GEBV_Y$ e $GEBV_{GEBV}$ também apresentou um alto valor para todas as características avaliadas, 31%, 34%, 29%, 29%, 51% e 56% para CAR, GPR, CGR, PP14, STAY e PRODAM respectivamente. Indicando que a dispersão do valor genético devido ao fenótipo ajustado como variável resposta ($GEBV_{YADJ}$) e do valor genômico como variável resposta ($GEBV_{GEBV}$) na presença da genômica é elevado.

A menor dispersão de predição foi entre $GEBV_Y$ e $GEBV_G$, no entanto dentro de algumas características a dispersão manteve-se elevado, como é o caso do GPR (20%), PP14 (13%), STAY (50%) e PRODAM (26%). Para o CAR a dispersão de predição foi de 0% e para o CGR foi de 1%, mostrando que a dispersão devido ao valor genético desregredido como variável resposta na presença da genômica é irrelevante para essas características de eficiência alimentar.

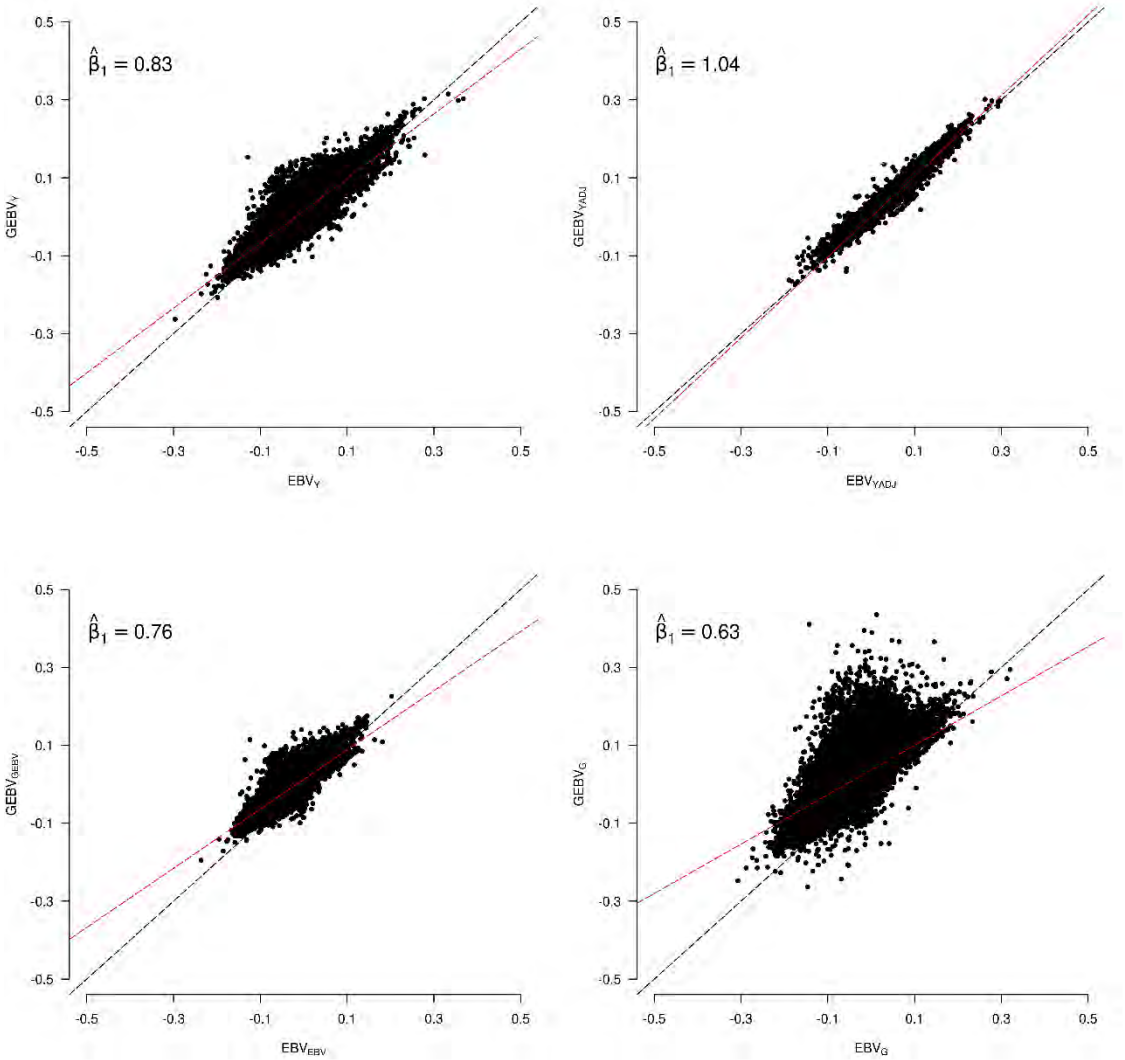
Na maior parte dos cenários, a dispersão devido a genômica foi elevada, como é demonstrado através de representação gráfica e dos coeficientes angulares nas Figuras 4.2, 4.3, 4.4, 4.5, 4.6, 4.7.

Figura 4. 2 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o consumo alimentar residual.



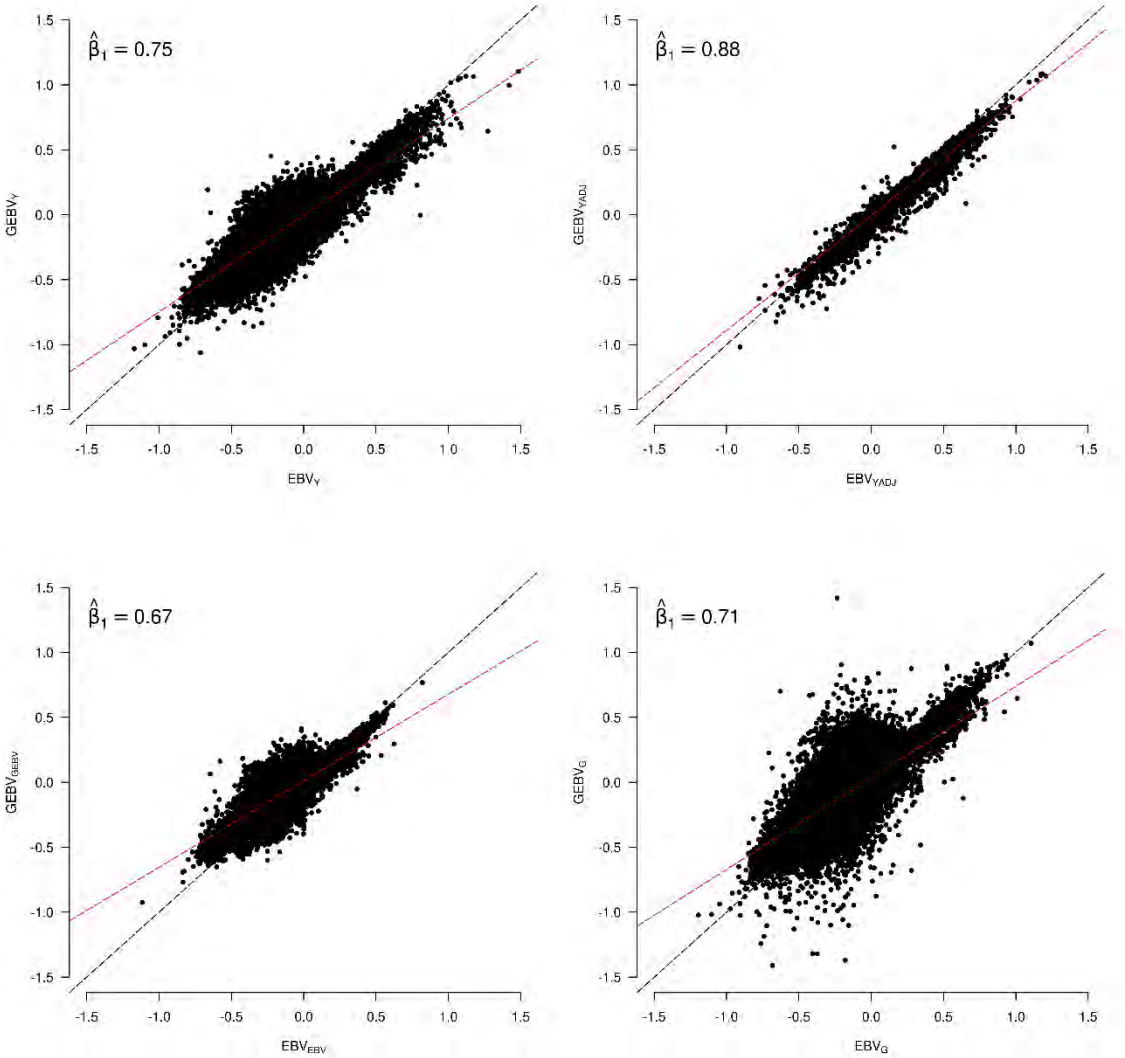
EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 3– Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o ganho de peso residual.



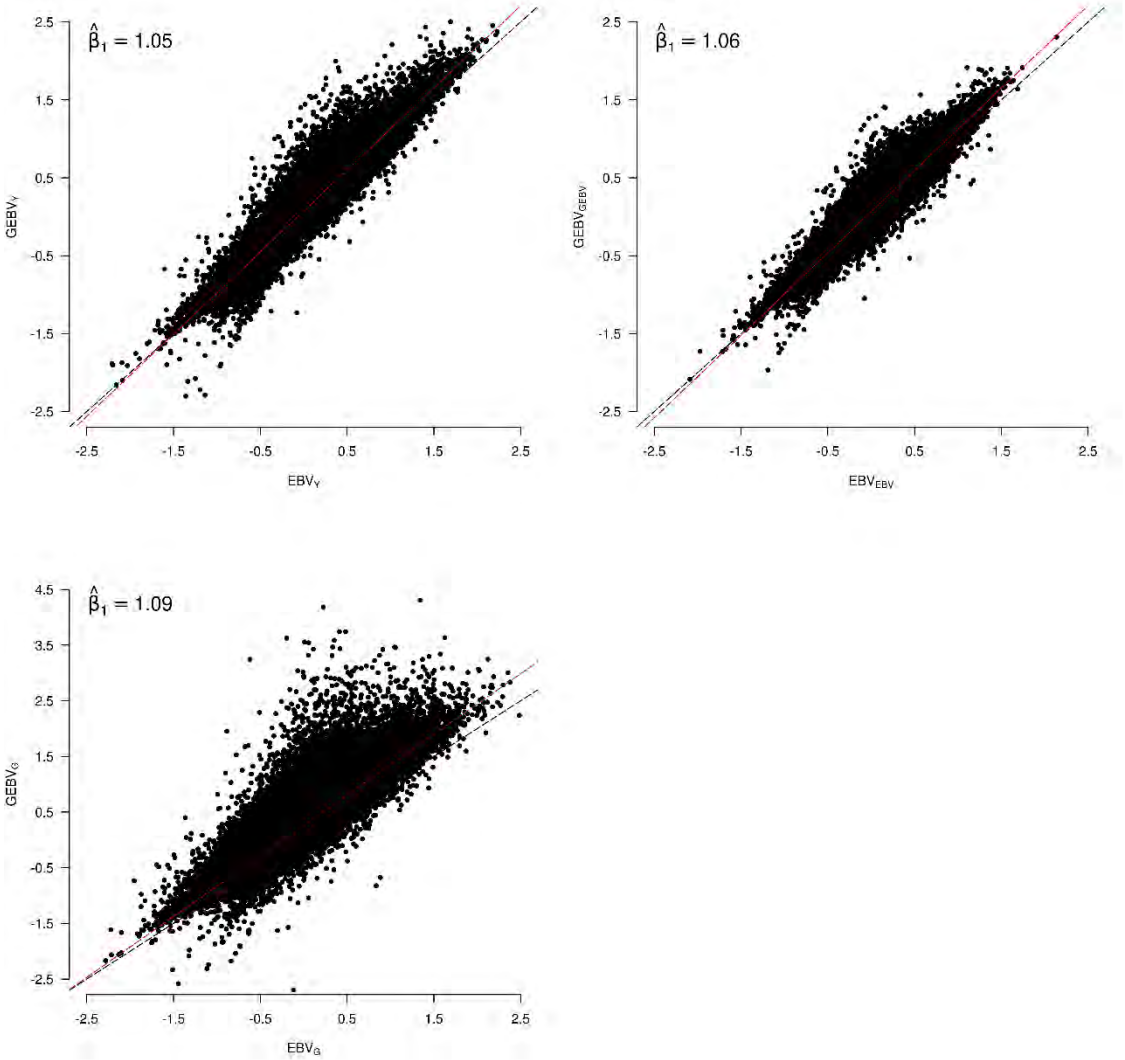
EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 4 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para o consumo e ganho residual.



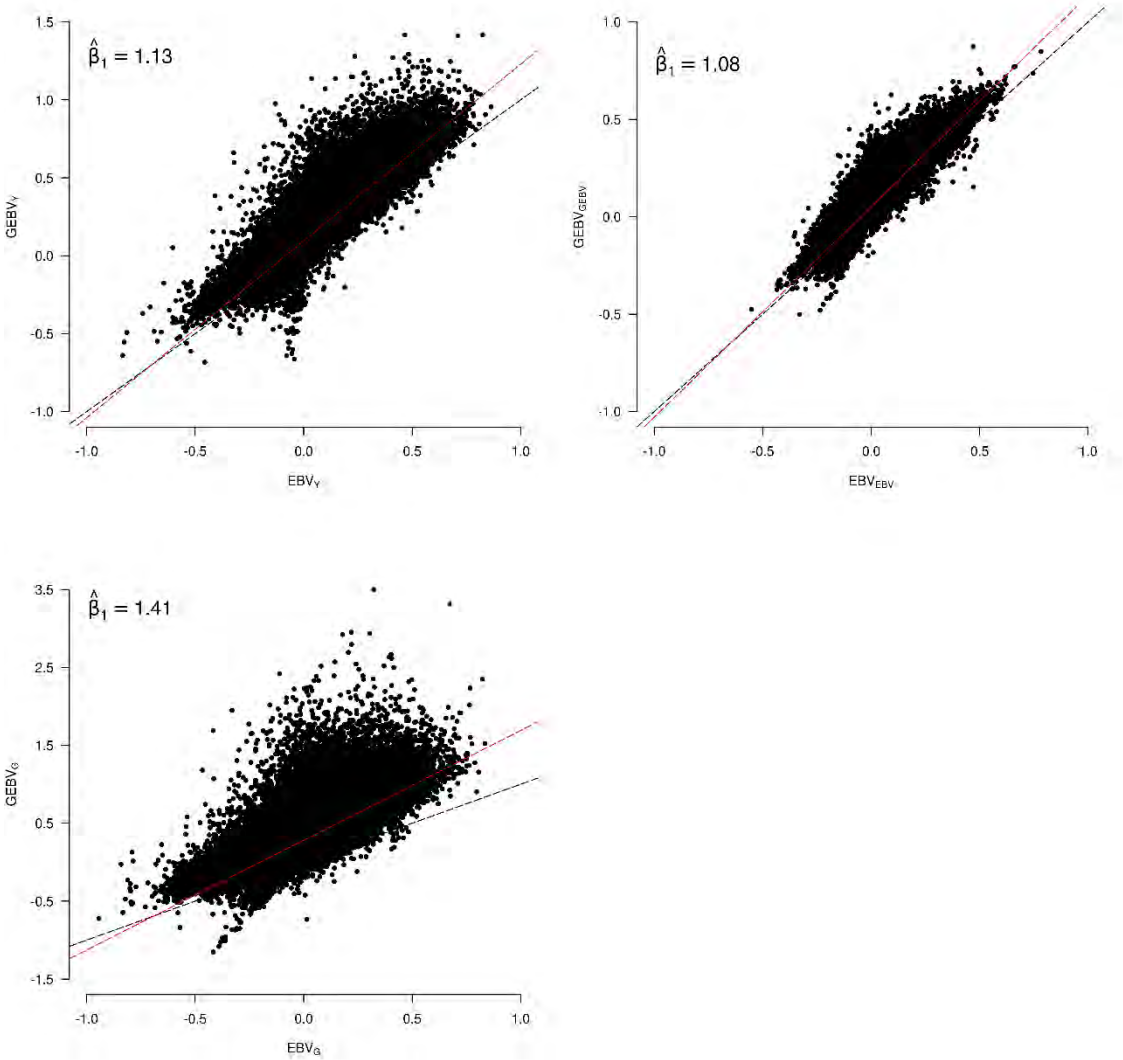
EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 5 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a probabilidade de prenhez aos 14 meses.



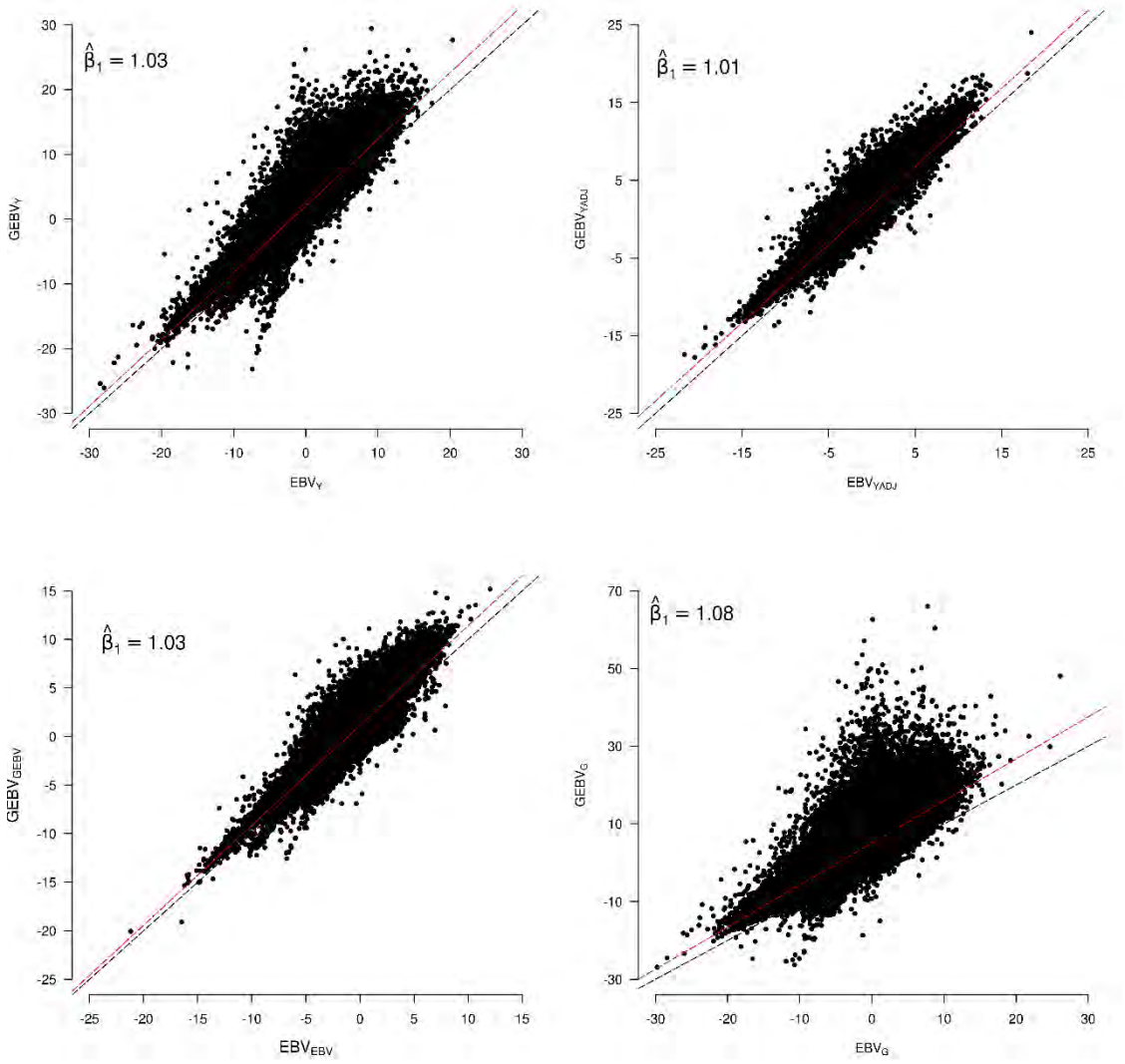
EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 6 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a stayability.



EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Figura 4. 7 – Demonstração gráfica dos modelos de regressão dos EBVs sobre o GEBVs nos diferentes cenários e seus respectivos coeficiente angulares para a produtividade anual média da vaca.



EBV_Y: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta; $\hat{\beta}_1$: coeficiente angular da reta de regressão. Fonte: Própria autoria.

Os menores vieses devido a genômica foram observados nos cenários de predição quando utilizamos: o fenótipo original como variável resposta para a PP14 (5%) e a PRODAM (3%); o fenótipo ajustado como variável resposta para o GPR (4%) e a PRODAM (1%); o valor genético como variável resposta para a PP14 (6%), a STAY (8%) e a PRODAM (3%); e valor genético desregredido (GARRICK; TAYLOR; FERNANDO, 2009) como variável resposta para a PP14 (9%) e a PRODAM (8%).

Demonstrando a PP14 e a PRODAM obtiveram uma menor dispersão com o uso da metodologia ssGBLUP em comparação com o BLUP tradicional.

Nas tabelas 4.4, 4.5, 4.6, 4.7, 4.8, 4.9 constam as estimativas dos coeficientes de correlação de "rank" entre os valores genéticos preditos para as quatro variáveis respostas nas seis características estudadas, nas faixas 1, 10 e 30% dos melhores (top) animais, utilizando a metodologia BLUP. Os melhores coeficientes foram demostrados entre EBV_Y e EBV_G para todas as características em todas as faixas dos melhores e piores animais.

Tabela 4. 4 – Correlações de Spearman para a característica CAR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta		
		EBV_{YADJ}	EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,55	0,20	0,77
	EBV_{YADJ}		0,01	0,52
	EBV_{EBV}			0,57
10	EBV_Y	0,71	0,73	0,84
	EBV_{YADJ}		0,65	0,79
	EBV_{EBV}			0,79
30	EBV_Y	0,51	0,57	0,67
	EBV_{YADJ}		0,43	0,61
	EBV_{EBV}			0,67

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Tabela 4. 5 – Correlações de Spearman para a característica GPR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta		
		EBV_{YADJ}	EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,55	0,36	0,85
	EBV_{YADJ}		0,00	0,40
	EBV_{EBV}			0,29
10	EBV_Y	0,51	0,66	0,73
	EBV_{YADJ}	1,00	0,49	0,45
	EBV_{EBV}			0,49
30	EBV_Y	0,37	0,65	0,64
	EBV_{YADJ}		0,44	0,27
	EBV_{EBV}			0,50

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Tabela 4. 6 – Correlações de Spearman para a característica CGR, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta		
		EBV_{YADJ}	EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,51	0,25	0,80
	EBV_{YADJ}		0,00	0,46
	EBV_{EBV}			0,56
10	EBV_Y	0,67	0,71	0,83
	EBV_{YADJ}		0,65	0,72
	EBV_{EBV}			0,75
30	EBV_Y	0,51	0,57	0,69
	EBV_{YADJ}		0,37	0,55
	EBV_{EBV}			0,61

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Tabela 4. 7 – Correlações de Spearman para a característica PP14, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta	
		EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,43	0,68
	EBV_{EBV}		0,37
10	EBV_Y	0,55	0,77
	EBV_{EBV}		0,57
30	EBV_Y	0,62	0,81
	EBV_{EBV}		0,66

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Tabela 4. 8 – Correlações de Spearman para a característica STAY, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta	
		EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,34	0,73
	EBV_{EBV}		0,23
10	EBV_Y	0,61	0,84
	EBV_{EBV}		0,59
30	EBV_Y	0,59	0,82
	EBV_{EBV}		0,65

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Tabela 4. 9 – Correlações de Spearman para a característica PRODAM, nas faixas 1,10 e 30% dos melhores animais selecionados.

Porcentagem de Indivíduos selecionados	Variável Resposta	Variável Resposta		
		EBV_{YADJ}	EBV_{EBV}	EBV_G
1	EBV_Y	0,43	0,16	0,50
	EBV_{YADJ}		0,39	0,68
	EBV_{EBV}			0,46
10	EBV_Y	0,51	0,30	0,61
	EBV_{YADJ}		0,59	0,79
	EBV_{EBV}			0,58
30	EBV_Y	0,57	0,42	0,67
	EBV_{YADJ}		0,63	0,82
	EBV_{EBV}			0,59

1: faixa de 1% dos melhores animais; 10: faixa de 10% dos melhores animais; 30: faixa de 30% dos melhores animais; EBV: valor genético predito a partir do fenótipo original como variável resposta; EBV_{YADJ}: valor genético predito a partir do fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta; EBV_{EBV}: valor genético predito a partir do valor genético como variável resposta; EBV_G: valor genético predito a partir do valor genético desregredido proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) como variável resposta. Fonte: Própria autoria.

Com exceção da característica PRODAM, os coeficientes de correlação de rank entre EBV_Y e EBV_G nas faixas 1, 10 e 30% top apresentaram alta magnitude, mostrando que a classificação dos animais se manteve. Para PRODAM, quando a pressão de seleção foi maior o coeficiente de Spearman apresentou-se de moderada magnitude, no entanto esta teve uma tendencia de crescimento à medida que se aumenta a faixa estudada. Para o CAR, CGR e STAY o maior coeficiente de correção se expos na faixa de 10% dos indivíduos selecionados, sendo de 0,84, 0,83, 0,84, respectivamente. A PP14 exibiu um acréscimo nos coeficientes quando se aumenta a faixa de indivíduos selecionados e para o GPR os coeficientes de rank demostraram-se o oposto, ou seja, conforme aumenta a faixa de indivíduos selecionados o coeficiente diminui.

Os coeficientes de correlação de rank entre EBV_Y e EBV_{EBV} nas faixas 1,10 e 30% top apresentaram moderada a baixa magnitude, demostrando que houve uma reclassificação dos animais quando comparamos os EBV_{EBV} com EBV_Y. Além disso, o impacto da reclassificação foi maior quando a pressão de seleção é mais forte para todas as características avaliadas nesses cenários. Entre os cenários EBV_Y e EBV_{YADJ} todos os coeficientes foram de moderada a baixa magnitude para os melhores indivíduos avaliados. Portanto houve uma reclassificação dos animais, quando utilizamos o fenótipo ajustado para efeitos fixos como variável resposta para a predição de valores genéticos.

Portanto o valor genético desregredido com variável resposta foi o mais recomendado dentro dos cenários estudados e nas metodologias com e sem genômica, devido as averiguações das correlações e da dispersão.

Em um estudo de simulação de bovino corte, gerada para comparar o uso de variável respostas para o treinamento de modelos e validação de predição genômica, o valor genético desregredido também se mostrou uma variável mais adequada para estimar os efeitos dos marcadores nos diferentes métodos estatísticos utilizados nas características simuladas de moderada e baixa magnitude (NEVES; CARVALHEIRO; QUEIROZ, 2014).

Estudando dados reais de suínos Ostersen et al., (2011) relatou que o valor genético desregredido com variável resposta foi o mais aconselhável quando comparado com valor genético como variável resposta para as características taxa de conversão alimentar e ganho diário, devido ao aumento da acurácia dos GEBV nos animais de validação genotipados.

4.4 Conclusões

Os cenários em que o EBV e dEBV foram utilizados como pseudo-fenótipos exibiram correlações de alta magnitude entre os valores genéticos preditos a partir do fenótipo original, no entanto o EBV_G mostrou uma correlação mais próxima com EBV_Y do que EBV_{EBV} além de menores vieses de predição para todas as características estudadas, sugerindo que valor genético predito a partir do valor genético desregredido como variável reposta é mais semelhante ao valor genético predito a partir do fenótipo original.

As correlações de Spearman também se mostraram de alta magnitude nos cenários EBV_{EBV} e EBV_G quando comparamos com o EBV_Y indicando que não houve alteração no ranqueamento dos animais nesses cenários, no entanto quando há pressão de seleção entre EBV_Y e EBV_{EBV} há a tendencia de uma nova classificação dos animais visto que os coeficientes de rank foram de moderada a baixa magnitude.

Os coeficientes de Pearson e de Spearman apresentaram-se de maneira similar quando utilizamos a metodologia ssGBLUP para a predição dos valores genômicos, no qual as maiores magnitudes dos coeficientes de correlações foram entre $GEBV_Y$ e $GEBV_G$ e entre $GEBV_Y$ e $GEBV_{GEBV}$ para todas as características avaliadas. Desse modo, os resultados indicam que o dEBV proposto por Garrick, Taylor e Fernando (2009) pode ser usado como uma variável de resposta alternativa para predição genômica.

Referências

AGUILAR, I. et al. PREGSF90 - POSTGSF90: Computational Tools for the Implementation of Single-step Genomic Selection and Genome-wide Association with Ungenotyped Individuals in BLUPF90 Programs. In: The 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. **Proceedings …** Vancouver, BC, Canada. 2014.

CHIAIA, H. L. J. **Seleção genômica para a composição de ácidos graxos da carne em bovinos nelore**. 2017. 67f. Tese (doutorado). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2017.

DAETWYLER, H. D. et al. Genomic Prediction in Animals and Plants: Simulation of Data, Validation, Reporting, and Benchmarking. **Genetics**, v. 193, p. 347–365, 2013.

GAO, H. et al. Accuracy of genomic prediction using different models and response variables in the Nordic Red cattle population. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v. 130, p. 333-340, 2013.

GARRICK, D. J.; TAYLOR, J. F.; FERNANDO, R. L. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 55, 2009.

GUO, G. et al. Comparison between genomic predictions using daughter yield deviation and conventional estimated breeding value as response variables. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 127, n. 6, p. 423–432, 2010.

HENDERSON, C. R. Use of Relationships Among Sires to Increase Accuracy of Sire Evaluation. **Journal of Dairy Science**, v. 58, n. 11, p. 1731–1738, 1975.

HSU, W. L.; GARRICK, D. J.; FERNANDO, R. L. The accuracy and bias of single-step genomic prediction for populations under selection. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 7, n. 8, p. 2685–2694, 2017.

JAIRATH, L. et al. Genetic evaluation for herd life in Canada. **Journal of Dairy Science**, v. 81, p. 550–562, 1998.

MISZTAL, I. et al. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia. http://nce.ads.uga.edu/ wiki/doku.php?id=documentation. 2018.

MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, p. 4648-4655, 2009.

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A. Accuracy of genomic predictions in Bos indicus (Nellore) cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, p. 17, 2014.

OSTERSEN, T. et al. Deregressed EBV as the response variable yield more reliable genomic predictions than traditional EBV in pure-bred pigs. **Genetics selection evolution**, v. 43, n. 38, 2011.

SANTANA, M. H. A. **Estudo genético e genômico da ingestão e eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore (Bos indicus).**89 f. 2013. Tese (Doutorado). Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2013.

SONG, H. et al. Accuracy and bias of genomic prediction with different de-regression methods. **Animal**, v. 12, n. 6, p. 1111-1117, 2018.

VANRADEN, P. M.; WIGGANS, G. R. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 8, p. 2737–2746, 1991.

5. CONCLUSÃO GERAL

Como as informações são limitadas sobre o impacto da seleção para eficiência alimentar na reprodução, foi realizado o estudo dos parâmetros genéticos de uma população da raça Nelore. Coeficientes de herdabilidade para as características avaliadas foram similares aos da literatura, no qual a probabilidade de prenhez aos 14 meses apresentou uma herdabilidade de moderada magnitude indicando que a característica responderia à seleção. A correlação genética foi favorável entre ganho de peso residual e capacidade de fêmeas permanecer produtivas no rebanho até 6 anos ou mais e verificou-se correlações genéticas desfavoráveis entre a probabilidade de prenhez aos 14 meses e as características de eficiência alimentar estudadas.

Essa associação antagônica pode ser explicada devido a relação dessas características com a gordura corporal. A gordura corporal é fundamental para o início da puberdade e há uma tendência de diminuição de gordura em animais eficientes para consumo alimentar residual. Todavia há divergências quanto a associação da gordura corporal e as demais características de eficiência alimentar.

Considerando os resultados desta pesquisa, seria importante a realização de estudos adicionais quanto as relações dessas características, além da inclusão de características indicativas de gordura subcutânea em estudos futuros, pois busca-se um aumento da produtividade e lucratividade como um todo nos programas de melhoramento genético.

Ao avaliar o impacto da utilização de pseudo-fenótipos para predição dos valores genéticos e genômicos, os melhores cenários foram quando utilizado o valor genético e valor genético desregredido como pseudo-fenótipos, pois exibiram correlações de alta magnitude entre os valores genéticos preditos a partir do fenótipo original como variável resposta. No entanto, o valor genético desregredido apresentou-se mais apropriado, devido à menor dispersão de predição quando comparado com os outros cenários de predição para todas as características estudadas. Na predição dos valores genômicos, os coeficientes de correlação se apresentaram de maneira similar indicando que o valor genético desregredido pode ser usado como uma variável resposta alternativa para predição genômica.