

ASSOCIAÇÃO GENÉTICA ENTRE PERÍODO DE GESTAÇÃO E DESENVOLVIMENTO PONDERAL EM BOVINOS DA RAÇA ABERDEEN ANGUS

DANIEL DUARTE DA SILVEIRA¹, JUAN SALVADOR ANDRADE TINEO²,
PATRÍCIA IANA SCHMIDT³, GABRIEL SOARES CAMPOS⁴, FABIO RICARDO
PABLOS DE SOUZA⁵, ARIONE AUGUSTI BOLIGON⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – *silveira1302@gmail.com*

²Universidade Federal de Pelotas – *juanti78@hotmail.com*

³Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – *pati.iana@hotmail.com*

⁴Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – *gabrielsoarescampos@hotmail.com*

⁵Universidade Federal de Pelotas – *fabiopablos@hotmail.com*

⁶Universidade Federal de Pelotas – *arioneboligon@yahoo.com.br*

1. INTRODUÇÃO

O período de gestação de vacas tem sido avaliado em alguns programas de melhoramento de bovinos de corte (GENSYS, 2019), apesar de depender de fatores fisiológicos e mostrar limitada variação. Vantagens práticas, como facilitar o parto e proporcionar mais tempo para que as novilhas possam recuperar-se no puerpério e conceber mais cedo (CHUD et al., 2014; FUNNELL; HILTON, 2016; JEYARUBAN et al., 2016), podem justificar a utilização dessa característica na seleção, tornando as matrizes mais lucrativas. Em um estudo com vacas da raça Holandês, NORMAN et al. (2009) relataram que ambos, curtos e longos períodos de gestação seriam responsáveis por um aumento no número de natimortos. Nesse sentido, seria razoável selecionar tanto para o período de gestação, quanto para o peso ao nascer.

Além da importância econômica intrínseca, é igualmente relevante o conhecimento dos parâmetros genéticos das características utilizadas como critérios de seleção. Deste modo, estudar a variabilidade genética do período de gestação e suas relações com outras características econômicas importantes torna-se relevante para a bovinocultura de corte, principalmente considerando recentes achados que sugerem a existência de diferentes regiões genômicas associadas à duração da gestação em bovinos leiteiros e de corte (PURFIELD et al., 2019).

O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de se estimar parâmetros genéticos para o período de gestação de vacas da raça Aberdeen Angus e suas associações genéticas com medidas de desenvolvimento ponderal.

2. METODOLOGIA

Foram utilizadas informações fenotípicas de animais da raça Aberdeen Angus pertencentes ao banco de dados do programa Natura, gerenciado pela GenSys consultores associados. Foram estudadas as seguintes características reprodutivas e de desenvolvimento ponderal: período de gestação, que mede o número de dias entre o diagnóstico da gestação e o parto, incluindo apenas a primeira gestação – medida única (PG1; n = 4.553) e toda a informação disponível para cada vaca – medidas repetidas (PG; n = 6.782); peso ao nascer (PN; n = 18.539), registrado no momento do nascimento do animal e expresso em kg; ganho em peso do nascimento à desmama (GND; n = 36.627) e ganho em peso da desmama ao sobreano (GDS; n = 20.066), ambos expressos em kg.

Os grupos de contemporâneos foram formados por fazenda, ano e estação de nascimento, sexo (exceto para PG1 e PG) e grupo de manejo. Além disso, o sexo do bezerro foi incluído nos grupos de contemporâneos para PG1 e PG. Como covariáveis foram consideradas a idade da vaca ao parto (efeitos linear e quadrático) para PN, GND e GDS, além do efeito linear do número de dias do nascimento à desmama (para GND) e da desmama ao sobreano (para GDS). De modo a eliminar possíveis erros, as observações fenotípicas que excediam 3,5 desvios-padrão acima ou abaixo da média dos grupos de contemporâneos foram descartadas. O arquivo de pedigree usado para a montagem da matriz de parentesco continha a identificação do animal, pai e mãe, totalizando 51.001 animais.

Os componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos foram estimados em análises bi-características e utilizando um modelo animal, com o auxílio do software GIBBSF90 (MISZTAL et al., 2002).

O modelo estatístico empregado pode ser descrito da seguinte maneira:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + W_1p + W_2c + e,$$

em que: y é o vetor das observações fenotípicas; β representa os efeitos sistemáticos (grupos de contemporâneos e covariáveis); a é o vetor dos efeitos aleatórios genético-aditivos diretos; m é o vetor dos efeitos aleatórios genético-aditivos maternos; p é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente do animal; c é o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente materno; X , Z_1 , Z_2 , W_1 e W_2 são as matrizes de incidência que relacionam β , a , m , p e c , respectivamente, a y ; e é o vetor do efeito aleatório residual. Os efeitos maternos genético-aditivo e de ambiente permanente foram considerados somente para PN e GND e o efeito de ambiente permanente do animal apenas para PG.

Foram implementadas cadeias com 800 mil ciclos, com descarte das primeiras 200 mil. As amostras foram retiradas a cada 20 ciclos. A convergência foi verificada por inspeção gráfica e testada com o auxílio do pacote BOA (SMITH, 1997).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Herdabilidade moderada foi estimada para PG1 ($0,356 \pm 0,058$) e baixa para PG ($0,189 \pm 0,028$), sugerindo que a seleção para alterar o primeiro período de gestação deve proporcionar maior ganho genético. Na prática, este resultado é favorável, pois a fêmeas primíparas estão mais sujeitas a problemas no parto (FUNNEL; HILTON, 2016). Além disso, considerando a baixa repetibilidade obtida para o PG ($0,204 \pm 0,027$), poucos registros de período de gestação seriam insuficientes na tomada de decisão de descarte de vacas. De modo geral, os resultados obtidos neste estudo e os descritos na literatura (JEYARUBAN et al., 2016; SCHMIDT et al., 2019) suportam a indicação do período de gestação em esquemas de seleção, com a possibilidade de obtenção de mudanças genéticas relevantes.

Para as características de desenvolvimento ponderal foram estimadas herdabilidades diretas de $0,176 \pm 0,013$ (PN), $0,241 \pm 0,019$ (GND) e $0,119 \pm 0,011$ (GDS). Herdabilidades diretas de baixas magnitudes para características de desenvolvimento ponderal pós-desmama foram reportadas para animais Aberdeen Angus, sugerindo a relevância de um melhor controle ambiental nas avaliações genéticas (CARDOSO et al., 2004). Em um recente estudo incluindo informações genômicas e variância genética de dominância, foram obtidas

herdabilidades diretas similares às do presente trabalho para características de desenvolvimento ponderal (GARCIA-BACCINO et al., 2020). Herdabilidades maternas de baixa magnitude como as obtidas no presente estudo (PN: $0,052 \pm 0,023$; GND: $0,112 \pm 0,014$) são comumente reportadas na literatura, tanto para rebanhos taurinos quanto para zebuínos (BOLIGON et al., 2012; JEYARUBAN et al., 2016; SILVEIRA et al., 2018).

Correlações genéticas positivas e de moderadas magnitudes foram estimadas entre o PG1 e PG e entre essas características com o PN (Tabela 1). Por outro lado, PG1 e PG apresentaram baixa ou nula associação genética com ganhos em peso (Tabela 1). Esses resultados têm uma importante consequência prática, considerando que a facilidade de parto não é registrada nos rebanhos estudados, este atributo poderia ser melhorado com a obtenção simultânea de vacas com período de gestação mediano e bezerras com pesos ao nascer próximos à média da população (FUNNEL; HILTON, 2016).

Tabela 1 - Correlações genéticas (desvios-padrão) entre as características avaliadas na raça Aberdeen Angus

Características ¹	PG	PN	GND	GDS
PG1	0,63 (0,002)	0,558 (0,121)	0,193 (0,091)	0,037 (0,012)
PG	-	0,739 (0,131)	0,154 (0,098)	-0,018 (0,013)

¹PG1: período da primeira gestação; PG: período de gestação; PN: peso ao nascer; GND: ganho em peso do nascimento à desmama; GDS: ganho em peso da desmama ao sobreano

De modo geral, na população estudada pode ser oportuno considerar outras características, além dos critérios atualmente utilizados na seleção, com o objetivo de prevenir partos distócicos. Comumente, o PN é utilizado para essa finalidade, no entanto, a moderada correlação genética obtida entre PG1 e PG, a maior herdabilidade do PG1 em relação ao PN, sua moderada correlação genética com o PN e sua implicação prática na recuperação das primíparas no puerpério (CHUD et al., 2014), são fatores que sugerem que o período de gestação poderia ser uma razoável alternativa para integrar os índices de seleção, principalmente em populações nas quais a característica facilidade de parto não é registrada. Além disso, é conveniente notar que esses índices devem objetivar manter ambos, período de gestação e peso ao nascer em patamares medianos de maneira a evitar dificuldades de parto, redução da sobrevivência e do potencial de crescimento.

4. CONCLUSÕES

Todas as características estudadas devem responder em diferentes intensidades à seleção. No entanto, a habilidade materna deve apresentar lento ganho genético por unidade de tempo.

A utilização de touros melhores avaliados geneticamente para o período de gestação deve levar a mudanças no peso ao nascer dos bezerras.

Em rebanhos que apresentem incidência de distocia acima do desejado, recomenda-se a seleção baseada também em características que evitem problemas de parto, como o período da gestação. Adicionalmente, a utilização apenas do primeiro período de gestação não é indicada em decisões de descarte de vacas.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOLIGON, A.A.; PEREIRA, R.J.; AYRES, D.R.; ALBUQUERQUE, L.G. Influence of data structure on the estimation of the additive genetic direct and maternal

covariance for early growth traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v.145, p.212-218, 2012.

CARDOSO, F.F.; CARDELLINO, R.A.; CAMPOS, L.T. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos de caracteres pós-desmama em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.2, p.313-319, 2004.

CHUD, T.C.; CAETANO, S.L.; BUZANSKAS, M.E.; GROSSI, D.A.; GUIDOLIN, D.G.; NASCIMENTO, G.B.; ROSA, J.O; LÔBO, R.B.; MUNARI, D.P. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. **Livestock Science**, v.170, p.16-21, 2014.

FUNNELL, B.J.; HILTON, W.M. Management and prevention of dystocia. **Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice**, v.32, n.2, p.511-522, 2016.

GARCIA-BACCINO, C.A.; LOURENCO, D.A.L.; MILLER, S.; CANTET, R.J.C.; VITEZICA, Z.G. Estimating dominance genetic variances for growth traits in American Angus males using genomic models. **Journal of Animal Science**, v.98, n.1, p.1-7, 2020.

GENSYS CONSULTORES ASSOCIADOS. Sumário de touros Natura Brangus e Angus. 2019.

JEYARUBAN, M.G.; JOHNSTON, D.J.; TIER, B.; GRASER, H.U. Genetic parameters for calving difficulty using complex genetic models in five beef breeds in Australia. **Animal Production Science**, v.56, p.927-33, 2016.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. Blupf90 and related programs (BGF90). **Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, v.28, p.19-23, 2002.

NORMAN, H.D.; WRIGHT, J.R.; KUHN, M.T.; HUBBARD, S.M.; COLE, J.B.; VANRADEN, P.M. Genetic and environmental factors that affect gestation length in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, v.92, p.2259-2269, 2009.

PURFIELD, D.C.; EVANS, R.D.; CARTHY, T.R.; BERRY, D.P. Genomic regions associated with gestation length detected using whole-genome sequence data differ between dairy and beef cattle. **Frontiers in Genetics**, v.10, n.1068, 2019.

SCHMIDT, P.I.; CAMPOS, G.S.; ROSO, V.M.; SOUZA, F.R.P.; BOLIGON, A.A. Genetic analysis of female reproductive efficiency, scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Theriogenology**, v.128, p.47-53, 2019.

SILVEIRA, D.D.; DE VARGAS, L.; PEREIRA, R.J.; LÔBO, R.B.; SOUZA, F.R.P.; BOLIGON, A.A. Beef cattle growth deceleration parameters and its correlations with growth, carcass and morphological composition traits. **Livestock Science**, v.214, p.167-174, 2018.

SMITH, B.J. BOA: An R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. **Journal of Statistical Software**, v.21, p.1-37, 1997.