

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA - UFBA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**AVALIAÇÃO GENÉTICO QUANTITATIVA E GENÔMICA PARA
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE**

CAIO VICTOR DAMASCENO CARVALHO

SALVADOR – BA
AGOSTO – 2017



UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA - UFBA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

AVALIAÇÃO GENÉTICO QUANTITATIVA E GENÔMICA PARA
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE

CAIO VICTOR DAMASCENO CARVALHO
MÉDICO VETERINÁRIO

SALVADOR – BA
AGOSTO – 2017

Modelo de ficha catalográfica fornecido pelo Sistema Universitário de Bibliotecas da UFBA para ser confeccionada pelo autor

Damasceno Carvalho, Caio Victor
AVALIAÇÃO GENÉTICO QUANTITATIVA E GENÔMICA PARA
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE / Caio
Victor Damasceno Carvalho. -- Salvador, 2017.
90 f. : il

Orientador: Raphael Bermal Costa.
Coorientador: Gregório Miguel Ferreira De Camargo.
Tese (Doutorado - Programa de Pós Graduação em Zootecnia) --
Universidade Federal da Bahia, Escola de Medicina Veterinária
e Zootecnia, 2017.

1. Genética quantitativa. 2. Eficiência reprodutiva. 3.
Marcadores moleculares. 4. Associação genômica ampla. 5.
Bovinos de corte. I. Costa, Raphael Bermal. II. De Camargo,
Gregório Miguel Ferreira. III. Título.

CAIO VICTOR DAMASCENO CARVALHO

**AVALIAÇÃO GENÉTICO QUANTITATIVA E GENÔMICA PARA
CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA
NELORE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação
em Zootecnia, da Universidade Federal da Bahia
como requisito para obtenção do título de Doutor
em Zootecnia.

Área de Concentração: Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Dr. Raphael Bernal Costa

Coorientador: Prof. Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo

SALVADOR – BA
AGOSTO – 2017

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal da Bahia, especialmente ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia.

Ao professor Raphael Bermal Costa, por todos os ensinamentos, orientações, compreensão, paciência e apoio durante este período. Mais do que um orientador, levo um amigo para a vida. Muito obrigado!

Ao Professor Gregório Miguel Ferreira de Camargo, pela atenção, disponibilidade e contribuição valiosa para a confecção do presente estudo.

A professora Thereza Cristina Calmon de Bittencourt, pelo valioso incentivo e ensinamentos durante todos esses anos de vida acadêmica, tendo contribuído, e muito, para a minha formação profissional.

Aos meus pais Carmen e César, pelo apoio e incentivo desde sempre!!!!

Aos meus irmãos Cleber, César e Mateus por toda amizade, companheirismo e união.

A minha amada esposa Luana, por toda compreensão devido as minhas longas horas de estudo na minha “bolha”. Por todas as sugestões, contribuições e o incentivo para sempre seguir em frente. Te amo!!!!

A todos os colegas e amigos de jornada que de algum modo auxiliaram no desenvolvimento deste trabalho.

A todos, muito obrigado!!!

LISTA DE TABELAS

Página

Capítulo 1

Interação genótipo x ambiente para características reprodutivas em bovinos da raça Nelore no Brasil

	Página
Tabela 1. Estatística descritiva dos dados.....	31
Tabela 2. Estimativas dos componentes de (co) variância e da herdabilidade.....	34
Tabela 3. Correlações genéticas (acima da diagonal principal) e <u>fenotípicas (abaixo da diagonal principal)</u> entre as características na análise multicaráter.....	35
Tabela 4. Correlações genéticas (r_g) entre as características consideradas como diferentes em cada região de criação.....	35

Capítulo 2

Caracterização de ambientes de criação e avaliação da interação genótipo-ambiente para características reprodutivas de bovinos da raça Nelore na região nordeste do Brasil

	Página
Tabela 1. Dados climáticos e geográficos dos municípios baianos coletados por estações climáticas oficiais do INMET.....	50
Tabela 2. Análise descritiva do arquivo para as três regiões estudadas.....	52
Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância obtidos pela análise tri-característica para PE365 e IPP, e as estimativas das correlações genéticas (r_g) entre a mesma característica considerada como característica distinta entre as três regiões de estudo, R1, R2 e R3...	57

Capítulo 3

Influência de marcadores do tipo SNP localizados no cromossomo X sobre a precocidade sexual de fêmeas da raça Nelore

	Página
Tabela 1. Estatística descritiva e herdabilidade para as características indicadoras de precocidade sexual em matrizes da raça Nelore.....	72
Tabela 2. Identificação dos genes relacionados com ocorrência de prenhez precoce (P16) em matrizes da raça Nelore, com base nas 5 janelas de 150 SNPs localizados no cromossomo X, que explicaram a maior variância genética.....	77
Tabela 3. Identificação dos genes relacionados com idade ao primeiro parto (IPP) em matrizes da raça Nelore, com base nas 5 janelas de 150 SNPs localizados no cromossomo X, que explicaram a maior variância genética.....	77
Tabela 4. Desequilíbrio de ligação (DL) médio e desvio padrão para os cromossomos 1, 2 e X.....	78

LISTA DE FIGURAS

Capítulo 2

Caracterização de ambientes de criação e avaliação da interação genótipo-ambiente para características reprodutivas de bovinos da raça Nelore na região nordeste do Brasil

	Página
Figura 1. Dendrograma para a formação dos grupos homogêneos de regiões baianas e sua nova delimitação.....	55
Figura 2. Mapa da Bahia com informações de precipitação (A); temperatura média anual (B) e relevo (C), obtidos entre os anos de 1961 e 1990 de estações climáticas oficiais do INMET.....	58

Capítulo 3

Influência de marcadores do tipo SNP localizados no cromossomo X sobre a precocidade sexual de fêmeas da raça Nelore

	Página
Figura 1. Manhattan Plot para ocorrência de prenhez precoce (P16) em matrizes da raça Nelore. O eixo y representa a proporção da variância explicada pelas janelas de 150 SNPs adjacentes e a identificação do cromossomo está indicado no eixo x.....	76
Figura 2. Manhattan Plot para idade ao primeiro parto (IPP) em matrizes da raça Nelore. O eixo y representa a proporção da variância explicada pelas janelas de 150 SNPs adjacentes e a identificação do cromossomo está indicado no eixo x.....	76

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	10
REVISÃO DE LITERATURA.....	12
<i>Características reprodutivas</i>	12
<i>Interação genótipo x ambiente</i>	15
<i>Importância dos cromossomos sexuais</i>	17
REFERÊNCIAS:.....	20

CAPÍTULO 1 - INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA NELORE NO BRASIL

RESUMO:.....	26
ABSTRACT:.....	27
INTRODUÇÃO:.....	28
MATERIAL E MÉTODOS:.....	30
RESULTADOS:.....	34
DISCUSSÃO:.....	36
CONCLUSÕES:.....	41
REFERÊNCIAS:.....	42

CAPÍTULO 2 - CARACTERIZAÇÃO DE AMBIENTES DE CRIAÇÃO E AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE NA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL

RESUMO:.....	46
ABSTRACT:.....	47
INTRODUÇÃO:.....	48
MATERIAL E MÉTODOS:.....	50
RESULTADOS:.....	55
DISCUSSÃO:.....	58
CONCLUSÕES:.....	61
REFERÊNCIAS:.....	62

CAPÍTULO 3 - INFLUÊNCIA DE MARCADORES DO TIPO SNP LOCALIZADOS NO CROMOSSOMO X SOBRE A PRECOCIDADE SEXUAL DE FÊMEAS DA RAÇA NELORE

RESUMO:.....	66
ABSTRACT:.....	67

INTRODUÇÃO:	68
MATERIAL E MÉTODOS:	71
RESULTADOS:.....	76
DISCUSSÃO:	79
CONCLUSÕES:	83
REFERÊNCIAS:.....	84
CONSIDERAÇÕES FINAIS GERAIS	90

INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil configura-se como o país detentor do maior rebanho comercial de bovinos do mundo, alcançando um efetivo de 215, 2 milhões de animais no ano de 2015, segundo dados da pesquisa agropecuária municipal do IBGE (2015). Este número, quando comparado ao contabilizado no ano de 2014, representa um aumento de 1,3% no rebanho nacional. Este vultoso resultado, põe o país em condição privilegiada no cenário mundial do agronegócio da bovinocultura, ocupando em 2014 a segunda posição de maior produtor mundial de carne bovina (USDA, 2017).

Mesmo estando sobre forte impacto da crise econômica nacional, vale ressaltar que a produção de carne bovina tem contribuído positivamente com a balança comercial do país nos últimos anos, responsável por uma elevação de 1,72% do PIB no ano de 2016, mesmo quando o PIB nacional apresentou um recuo de -3,6% (CEPEA/USP, 2016).

Os resultados positivos da pecuária de corte nacional são possíveis, sobretudo, devido ao uso de animais da raça Nelore, que têm se mostrado adequados aos objetivos de produção e às condições de criação brasileiras. Nas últimas décadas, criadores e pesquisadores têm se debruçado sobre os estudos e aplicações de técnicas para promover o melhoramento genético dessa raça. O sucesso do processo de seleção pode ser verificado nos trabalhos que avaliam as tendências genéticas para as características que são critérios de seleção para a raça, como as características ligadas ao desenvolvimento ponderal e ao desempenho reprodutivo. Laureano et al. (2011) encontraram valores significativos de tendência genética para características produtivas e reprodutivas para animais criados no estado de São Paulo, indicando que estas características, quando selecionadas, apresentam melhoria no desempenho dos rebanhos.

Dentre os objetivos de seleção de rebanhos da raça Nelore, aqueles voltados à produção de carne, incluindo como critérios de seleção as características de desenvolvimento ponderal, foram, e ainda continuam a ser, intensamente selecionadas nos rebanhos de bovinos de corte. No entanto, estudos comprovam que os objetivos de seleção voltados à melhoria do desempenho reprodutivo dos rebanhos, estão ligados com maiores taxas de retorno econômico ao sistema de produção (FORMIGONI et al. 2005).

Para avaliar a composição do lucro com o progresso genético das características de interesse econômico, estudos de avaliações bioeconômicas vêm sendo desenvolvidos

para determinar quais caracteres incluídos nos índices de seleção são os de maior importância econômica. Com este intuito, Jorge Jr. et al. (2007) realizaram um estudo econômico sobre algumas características de interesse em bovinos de corte e constataram que a taxa de desmama tem grande impacto sobre a rentabilidade do sistema, tanto no sistema de produção de cria, quanto no de ciclo completo, enquanto o rendimento de carcaça foi de grande importância econômica em rebanhos de ciclo completo. Nota-se diante destes resultados, que apesar da seleção para os caracteres produtivos serem os de maior frequência, estas características não apresentam os maiores impactos financeiros no sistema de produção.

Este resultado foi corroborado por Carvalho & Bittencourt (2015) para a avaliação bioeconômica em rebanho de cria, também da raça Nelore, na qual a taxa de desmama foi a característica de maior importância. Refletindo que apesar do peso ser importante, o número de animais no sistema de produção é que se faz relevante. Por isso, nestes casos a eficiência reprodutiva deve ser considerada como objetivo de seleção nos programas de melhoramento, uma vez que, quando considerada a fertilidade, que determina a quantidade de animais produzidos, percebe-se que ela se torna um dos fatores responsáveis pela lucratividade da atividade.

Diante da discussão apresentada, nota-se a necessidade no desenvolvimento de estudos que avaliem o desempenho dos caracteres reprodutivos de machos e fêmeas em rebanhos da raça Nelore. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar características reprodutivas em bovinos da raça Nelore por meio de análises para identificação da interação genótipo-ambiente em diferentes regiões do Brasil e de regiões genômicas que exerçam efeito sobre essas características localizadas no cromossomo X. Além disso, propor uma nova metodologia para caracterização dos diferentes ambientes de criação de bovinos de corte, avaliando dados geográficos e climáticos do estado da Bahia, para posterior avaliação da interação genótipo-ambiente de características reprodutivas em bovinos da raça Nelore.

REVISÃO DE LITERATURA

Características reprodutivas

Segundo Lôbo et al. (2010), a melhoria do desempenho reprodutivo dos rebanhos, sempre foi um dos aspectos de maior impacto na lucratividade dos sistemas de produção animal. Esta afirmação é corroborada pelos resultados encontrados por Jorge Jr. et al. (2007) e Brumatti et al. (2011), os quais comprovaram que os caracteres reprodutivos foram os que apresentaram maiores pesos econômicos, podendo ser até 13 vezes mais importantes quando comparados com as de crescimento, logo, indica-se a inclusão das características reprodutivas nos índices de seleção dos programas de avaliação genética da raça Nelore conduzidos no Brasil.

Dentre os caracteres reprodutivos, aqueles ligados a precocidade reprodutiva são os que contribuem com maior ganho genético anual, uma vez que antecipam a idade média dos pais no nascimento da sua progênie, ou seja, contribuem para diminuir o intervalo de gerações, principalmente devido ao elevado intervalo de geração dos bovinos (LÔBO et al. 2011). Como o intervalo de gerações das fêmeas é maior que o dos machos, características ligadas ao desempenho reprodutivo precoce das novilhas são incluídos como critérios de seleção pelos programas de melhoramento genético da raça Nelore.

A característica que vem sendo utilizada com este propósito, a mais tempo é a idade ao primeiro parto (IPP), apresentando valores médios entre 1045 - 1449,59 dias (LEMOS et al. 2015; SOUSA et al. 2015; AMBROSINI et al. 2016; BUZANSKAS et al. 2017). Segundo Sollecito et al. (2016), a precocidade reprodutiva é reflexo da idade à puberdade, estando relacionada com a velocidade de crescimento da fêmea, uma vez que, a puberdade em novilhas zebu é determinada principalmente por aspectos genéticos e nutricionais. Porém, os fatores representados pela idade, peso corporal e condição corporal, estão mais associados ao peso corporal do que com a idade (CARDOSO, 2011).

Apesar de ser uma característica de elevada importância para a avaliação da precocidade reprodutiva das novilhas, a IPP apresenta uma limitação. Por ser altamente influenciada pelos efeitos do manejo, apresenta, normalmente, baixas estimativas de herdabilidade, entre 0,06-0,15 (BOLIGON et al. 2008; SOUSA et al. 2015; AMBROSINI et al. 2016). No entanto, apesar de ser altamente influenciada pelos efeitos ambientais, a IPP tem alcançados ganhos satisfatórios com a seleção. Estudo avaliando esses ganhos

entre os anos de 1996-2006, demonstrou que houve uma redução média de -3,024 dias/ano na idade ao primeiro parto das novilhas desse rebanho, ou seja, sendo incluída como critério de seleção, a mesma apresenta respostas favoráveis a seleção (LAUREANO et al. 2011).

Estudos de associação genômica ampla (GWAS) vem sendo desenvolvidos na tentativa de determinar regiões genômicas que estejam associadas com a IPP, Costa et al. (2015) encontraram 19 SNP's, localizados ou próximos de 35 genes, distribuídos em 18 cromossomos autossomos. Estes SNP's explicaram 6,42% da variância fenotípica para a característica, indicando a existência de possíveis genes candidatos envolvidos na determinação da característica.

Além da idade ao primeiro parto, a precocidade reprodutiva das novilhas pode ser avaliada pela determinação da sua idade à puberdade, no entanto, esta medida é de difícil mensuração e controle, estando sobre forte influência de efeitos genéticos não-aditivos e ambientais (IRANO et al. 2016). Na tentativa de contornar este inconveniente, foi proposta a avaliação da prenhez precoce como tentativa de determinar as fêmeas que apresentaram menor idade à puberdade. Porém, de acordo com ELER et al. (2004), a prenhez precoce se dá a partir da constatação de que houve a fertilização após a cobertura da novilha, e esta permaneceu prenhe até o diagnóstico de gestação.

A avaliação da prenhez precoce das novilhas, tem sido avaliada entre 14-18 meses (P16), sendo variável resposta de natureza binária, já que os resultados possíveis são da novilha está prenhe (1) ou não-prenhe (0). Para que se faça possível a expressão da característica, é necessário submeter as novilhas à monta em idades variando de 12 a 16 meses (MATTAR et al. 2007).

A relevância do uso da P16 como critério de seleção foi demonstrado por Brumatti et al. (2011), em que a melhoria do desempenho desta característica promoveu o aumento da receita da propriedade, devido ao maior número de animais produzidos na desmama, quando comparado à estratégia tradicional. Desta maneira, para o cenário simulado pelo autor, a P16 obteve valor econômico de R\$695,87 por aumento de um ponto percentual na prenhez precoce das novilhas.

Além da sua relevância econômica, sua utilização como critério de seleção para rebanhos da raça Nelore se deve ainda, pela facilidade de obtenção do diagnóstico de gestação das matrizes, pois, como já se constitui em prática corriqueira nos rebanhos não

traz nenhum custo adicional na sua avaliação, por isso recomenda-se a sua inclusão nos índices de seleção para rebanhos da raça Nelore (BOLIGON & ALBUQUERQUE 2011; GARCIA et al. 2012).

Uma das vantagens da P16 se deve a sua herdabilidade de alta magnitude, em torno de 0,45 para novilhas da raça Nelore, indicando que os efeitos genéticos aditivos apresentam grande importância para a expressão deste caráter, comprovando então, a sua variabilidade genética e com isso, passível de melhores respostas no seu desempenho por meio da seleção (MEIRELLES et al. 2009; BOLIGON & ALBUQUERQUE 2011; ELER et al. 2012; GARCIA et al. 2012). Outra possibilidade com o incremento no desempenho das matrizes para a P16, é a possibilidade das matrizes iniciando a sua vida reprodutiva mais cedo, possam contribuir com maior número de bezerros durante a sua permanência no rebanho.

Estudos avaliando as regiões cromossômicas envolvidas na determinação genética desta característica foi desenvolvido por Irano et al. (2016), onde foi encontrado 10 janelas de SNP's, distribuídas entre os cromossomos 5, 6, 7, 14, 18, 21 e 27, indicando o caráter poligênico da P16. Analisando as 10 janelas mais significativas em conjunto, verificou-se que estas explicaram 8,91% da variância genética para a característica estudada, sendo duas de grande efeito localizadas no cromossomo 21. Sendo janelas situadas nos cromossomos 5 e 7, associados com a idade ao primeiro parto.

Estudo de associação genômica ampla (GWAS) para a P16 também foi desenvolvido por Regatieri et al. (2017). Sendo encontrados SNP's associados significativamente com a característica nos cromossomos 2, 11, 14, 16, 17, 19, 20, 23 e 26. No entanto, apenas quatro foram altamente associados com a P16, sendo que três deles também estão associados com a determinação da IPP, indicando possíveis responsáveis pela correlação genética existente entre essas características.

As avaliações feitas nas fêmeas são de relevante importância, porém, o uso de medidas tomadas nos machos, neste caso o perímetro escrotal (PE) em diferentes idades, tem sido utilizado como critérios de seleção devido a sua facilidade de mensuração e alta repetibilidade de suas medidas. Possui herdabilidade de moderada a alta e está negativamente associada com as características reprodutivas avaliadas nas fêmeas (OLIVEIRA et al. 2007; SIQUEIRA et al. 2013; BUZANSKAS et al. 2017).

Estimativas de herdabilidade em animais da raça Nelore tem apresentado poucas variações de acordo com a idade da mensuração, para o PE550, Raidan et al. (2015) encontraram valores entre 0,48 - 0,59. Para a mesma característica Chiaia et al. (2015) encontraram valores de herdabilidade oscilando entre 0,51 - 0,67. E Buzanskas et al. (2017) reportaram valores de herdabilidade entre 0,36 - 0,45 para PE365 e entre 0,38 - 0,49 para o PE450.

Estudos avaliando a associação do PE com caracteres das fêmeas demonstraram valores negativos de correlação genética entre elas. Boligon et al. (2007) avaliaram as correlações entre as características em animais da raça Nelore, encontrando correlações genéticas negativas entre as características PE12 e PE18 com a IPP, com valores iguais a -0,13 e -0,23 respectivamente. Estes resultados foram corroborado por Buzanskas et al (2017) o qual encontrou valores de correlações genéticas entre perímetro escrotal em diferentes idades com a IPP de -0,50 e -0,46, para PE365 e PE450 respectivamente. Para a probabilidade de prenhez precoce, Eler et al. (2004) encontraram resultados de correlação genética entre PE e PP14 igual a 0,20, que apesar de baixa, pode ser utilizada como medida indireta para o incremento da taxa de novilhas precoces no rebanho.

Estudos de GWAS foi realizado por Irano et al. (2016), sendo detectados 10 janelas de SNPs que explicaram maior proporção da variância da característica, estando as janelas localizadas nos cromossomos 4, 8, 11, 13, 14, 19, 22 e 23, explicando 6,78% do total da variância genética da característica.

Interação genótipo x ambiente

As principais características de interesse econômico, que são objetivos de seleção dos programas de melhoramento, em sua maioria são determinadas por efeito genético aditivo, os quais são determinadas por vários genes que contribuem de maneiras distintas sobre a expressão da característica, submetidos a significativos efeitos ambientais. Desta maneira, o fenótipo dos indivíduos (P), é determinado pela expressão dos efeitos genéticos do indivíduo, o genótipo, formado pelos seus efeitos aditivos e não-aditivos, somados as influências ambientais (E) aos quais os indivíduos estão submetidos, sendo então o desempenho fenotípico, o resultado da expressão: $P = G + E$ (BOURDON, 2000).

Porém, além dos efeitos destacados, quando diferentes progênies de um mesmo animal estão sendo submetida a diferentes condições de ambiente, detecta-se um efeito

adicional, proporcionado pela interação dos fatores genéticos e ambientais, o que provoca uma mudança da simples equação (1) para (2) (EUCLIDES FILHO, 1999; PEREIRA, 2012).

$$P = G + E \quad (1)$$



$$P = G + E + IGA \quad (2)$$

As interações genótipo-ambiente (IGA), são caracterizadas por respostas diferenciadas dos genótipos, de acordo, com as variações ambientais, determinando a extensão com o qual os genótipos serão expressos (AMBROSINI et al. 2016). Essas respostas diferenciadas, podem ocasionar alteração no ordenamento de desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes, levando ao risco de selecionar erroneamente os animais considerados geneticamente superiores, o que poderia levar a uma redução do progresso genético para as características em questão (TORAL et al. 2004; ALENCAR et al. 2005; LEMOS et al. 2015).

Apesar da relevante importância da IGA, os programas de avaliação genética de bovinos de corte conduzidos no Brasil não os considera nas suas avaliações, fazendo com que as influências da interação sobre os rebanhos sejam subestimadas. A inclusão da avaliação dessa interação pelos programas de seleção encontra-se amparadas técnico-cientificamente, pelo estudo de McManus et al. (2016) que observaram, migração interna da população de bovinos, mostrando ser cada vez mais importante a inclusão no modelo de avaliação desse efeito a fim de melhor definir os reprodutores a serem selecionados, dada a tendência de movimento entre regiões distintas.

Avaliações da IGA sobre características reprodutivas da raça Nelore no Brasil tem apresentado resultados significativos para a sua presença nos rebanhos localizados em diferentes regiões do país. Para a idade ao primeiro parto das novilhas (IPP), é confirmada a presença da IGA nos estudos de Lemos et al. (2015), para animais da raça Nelore criados em diferentes estados brasileiros, Ambrosini et al. (2016), também encontraram resultados semelhantes para a mesma característica em animais submetidos a diferentes gradientes ambientais na região Nordeste do Brasil. Também foi encontrada evidências da IGA por Silveira et al. (2014), que realizou uma avaliação entre três diferentes regiões

do estado do Mato Grosso do Sul, encontrando efeito significativo da interação entre as três regiões.

No entanto, quando avaliado o perímetro escrotal, os estudos não reportam resultados significativos da IGA. Dentre estes pode-se citar, Matos et al. (2013), Chiaia et al. (2015), Lemos et al. (2015) e Raidan et al. (2015), que avaliaram rebanhos da raça Nelore distribuídos em diferentes regiões brasileiras e não encontraram indícios da interação, sendo em todos os estudos utilizado as medidas de perímetro escrotal ao sobreano. Esta diferença entre os resultados encontrados na literatura, deve-se segundo Raidan et al. (2015), ao fato, de que características de baixa herdabilidade estão mais susceptíveis aos efeitos da IGA, por isso que apenas a IPP obteve resultado expressivo da interação, uma vez que reporta-se na literatura h^2 entre 0,06-0,15 para a IPP (BOLIGON et al. 2008; SOUSA et al. 2015; AMBROSINI et al. 2016).

Importância dos cromossomos sexuais

Após a publicação do genoma bovino por Elsie et al. (2009), indicando que esta espécie possui em torno de 3 bilhões de pares de base e aproximadamente 22 mil genes, estudos que buscam avaliar a associação entre marcadores moleculares, especialmente os polimorfismos de base única (SNP), com fenótipos de interesse tornaram-se cada vez de maior interesse entre os pesquisadores nas mais variadas raças. No entanto, a maioria destes estudos buscam a associação de SNPs distribuídos apenas nos cromossomos autossomos, excluindo então, os cromossomos sexuais das suas análises, isto sendo observado não apenas em bovinos de corte e leite, mas também na espécie humana (KÖNIG et al. 2014; IRANO et al. 2016; MAO et al. 2016).

O par de cromossomos sexuais evoluíram de um dos pares de autossomos a cerca de 300 milhões de anos (GRAVES et al. 2006). O cromossomo X (chrX) apresenta um tamanho relativamente grande, segundo Tukiainen et al. (2014) nos humanos, este cromossomo se assemelha em tamanho ao cromossomo 7, contendo aproximadamente 5% do DNA genômico. No entanto, o cromossomo Y apresenta um terço do tamanho do chrX e a sua principal função está ligada a determinação do sexo e a espermatogênese (STOUFFS & LISSENS 2012). Os cromossomos sexuais também são reconhecidos por

características específicas, dentre as quais destaca-se a baixa frequência de recombinação (ABBOTT et al. 2017).

Nos mamíferos, as fêmeas carregam duas cópias do chrX, enquanto os machos possuem apenas um, sendo denominado hemizigoto para o cromossomo, estando ele pareado com o cromossomo Y (STOUFFS & LISSENS 2012). As dosagens dos alelos entre os sexos são equilibradas pela inativação aleatória do chrX que silencia um dos dois cromossomos nas fêmeas. No entanto, a inativação não cobre uniformemente todo o cromossomo, uma vez que aproximadamente 15% dos seus loci escapam completamente da inativação nas fêmeas. (TUKIAINEN et al. 2014; KÖNIG et al. 2014; ERCAN, 2015).

A importância da avaliação dos cromossomos sexuais nas análises de GWAS foi evidenciada em revisão realizada por Wise et al. (2013), onde em 1400 estudos, apenas 15 avaliaram os chrX, sendo possível a comparação do tamanho e número de genes contido neste cromossomo em humanos, o qual possui 155,270 mega pares de base (Mb) e 1669 genes. Estes resultados indicam que dentre os autossomos existem cromossomos menores e com menor número de genes, no entanto, estes sempre são avaliados, enquanto o chrX, com estas proporções citadas, não são usualmente avaliados.

Estudos avaliando a inclusão do chrX nas análises de GWAS em humanos demonstraram a sua importância na avaliação de características poligênicas. Tukiainen et al. (2014), incluíram o chrX na avaliação para 12 características cardiometabólicas e antropométricas. Os seus resultados evidenciaram que em média, a inclusão do chrX nas avaliações ajuda a explicar 2,6% da variância genética aditiva destas 12 características, indicando que este cromossomo deve ser incluído nas futuras análises de GWAS. Também já foram verificados genes localizados no chrX associados com alterações neurais e com características ligadas ao desenvolvimento e desempenho sexual em humanos (FRINTS et al. 2002; CHRISTIN-MAITRE & TACHDJIAN, 2010).

Quando avaliado na espécie *Bos taurus*, o chrX de acordo com NCBI (2017), apresenta-se como o segundo maior cromossomo contendo 148,82 Mb, segundo Zimin et al. (2009) o que representa aproximadamente 6% do genoma da espécie, e possui 1643 genes, ficando atrás em tamanho apenas do cromossomo 1. Diante de tal magnitude, justifica-se então a inclusão deste cromossomo nas análises de GWAS para esta espécie, uma vez que, de acordo com Fortes et al. (2013), Lyons et al. (2014) e Abdel-shafy et al.

(2014), genes relacionados com características produtivas e reprodutivas em ambos sexos, estão localizados nele.

Além de estar justificada a inclusão do chrX nas avaliações pelo exposto anteriormente, estudos realizados incluindo as informações genômicas na avaliação genética tradicional dos animais, tem demonstrado que quando incluído os dados do chrX nestas avaliações, observa-se uma elevação das acurácias destas estimativas, variando entre 0,3 e 0,5% (SU et al. 2014). Mais uma vez, corroborando a importância da sua inclusão nas avaliações genômicas.

No entanto, são escassos na literatura estudos de GWAS em bovinos que avaliem a inclusão do chrX nas suas análises, principalmente entre os zebuínos. Porém, pode-se verificar que estudos avaliando a presença de QTLs neste cromossomo que possuem associação com características relacionadas com a fertilidade foram desenvolvidos, como o estudo de Fortes et al. (2012) onde foram encontradas associações entre regiões do chrX e as características circunferência escrotal e percentual de espermatozoides normais em animais da raça Brahman. Resultados semelhantes foram reportados por Fortes et al. (2013) para animais da raça Tropical composta, importante raça utilizada na Austrália. Neste estudo além das características avaliadas para a raça Brahman, avaliou-se a idade dos touros para atingirem 26cm de circunferência escrotal.

Para avaliações de caracteres reprodutivos de fêmeas da raça Nelore, a inclusão do chrX nas avaliações são ainda mais raras. No entanto, em avaliação realizada para a característica habilidade de permanência em matrizes dessa raça, Teixeira et al. (2017), encontraram efeitos substanciais de genes localizados no chrX sobre a característica estudada.

REFERÊNCIAS:

- ABBOTT, J.K.; NORDÉN, A.K.; HANSSON, B. Sex chromosome evolution: historical insights and future perspectives. **Proc. R. Soc. B.** 284: 20162806; DOI: 10.1098/rspb.2016.2806. 2017.
- ABCN – Associação Brasileira criadores da raça Nelore, disponível em <<http://www.nelore.org.br/Raca/Caracterizacao>> Acesso em: 12 abr. 2017.
- ABCZ - Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. Estatística total do Brasil: RGN + RGD 1939-2016. Uberaba, 2016. Disponível em:<<http://www.abcz.org.br/AreaTecnica/RegistroGenealogico/Estatisticas>>. Acesso em: 30 abr. 2017.
- ABDEL-SHAIFY, H.; BORTFELDT, R.H.; TETENS, J.; BROCKMANN, G. Single nucleotide polymorphism and haplotype effects associated with somatic cell score in German Holstein cattle. **Genetics Selection Evol.** 46:35, 2014.
- ABIEC: Associação Brasileira das indústrias exportadoras de carne: Exportações brasileira de carne bovina, disponível em: <<http://www.abiec.com.br/download/Anual%20jan%20a%20mar%202017.pdf>> Acesso em: 05 abr.2017.
- ALENCAR, M.M.; MASCIOLI, A.S.; FREITAS, A.R. Evidências de Interação Genótipo x Ambiente sobre Características de Crescimento em Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.
- AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F.; CARNEIRO, P.L.S. Genotype x environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brasil. **Trop. Anim. Health Prod.** v.48, p.1401-1407, 2016.
- BOLIGON, A.A. & ALBUQUERQUE, L.G. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science.** V. 141, n.1, p.12-16, 2011.
- BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding.** Prendice-Hall do Brasil, Ltda., Rio de Janeiro, 2ªed, 538p., 2000.
- BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FORMIGONNI, I.B. Desenvolvimento de índices de seleção em gado de corte sob enfoque de um modelo bioeconômico. **Arch Zootec.** V.60, p. 205-213, 2011.
- BUZANSKAS, M.E.; PIRES, P.S.; CHUD T.C.S., BERNARDES P.A., ROLA L.D., SAVEGNAGO R.P., LOBO R.B., MUNARI D.P. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v.92, p. 204-209. 2017.
- CARDOSO, D. Fatores Relacionados à Puberdade de Novilhas. **Pesquisa & Tecnologia**, vol. 8, n.2, Jul-Dez, 2011.
- CARVALHO, C.V.D. & BITTENCOURT. T.C.C. Breeding objectives for a Nelore cattle rearing system. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.50, n.9, p.814-820, set. 2015.

CEPEA/ESALQ : Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada.
<http://www.cepea.esalq.usp.br/upload/revista/pdf/0882350001491937014.pdf>

CEPEA/ESALQ : Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada. PIB do agronegócio brasileiro, disponível em:
 <http://www.cepea.esalq.usp.br/upload/kceditor/files/Relatorio%20PIBAGRO%20Brasil_DEZEMBRO.pdf>. Acesso em: 05 abr. 2017.

CEZAR, I.M.; QUEIROZ, H.P.; THIAGO, L.R.L.; CASSALES, F.L.G.; COSTA, F.P. **Sistemas de Produção de Gado de Corte no Brasil: Uma Descrição com Ênfase no Regime Alimentar e no Abate**. Campo Grande, MS : Embrapa Gado de Corte, 2005, 40p.

CHIAIA, H.L.; LEMOS, M.V.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; OLIVEIRA, H.N.; BALDI, F. Genotype \times environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nellore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **J Anim Sci**. Apr;93(4):1503-10. 2015.

CHRISTIN-MAITRE, S. & TACHDJIAN, G. Genome-wide association study and premature ovarian failure, **Annales d'Endocrinologie**, V. 71, n.3, P. 218-221, 2010.

COSTA, R.B.; CAMARGO, G.M.F.; DIAZ, I.D.P.S.; IRANO, N.; DIAS, M.M.; CARVALHEIRO, R.; BOLIGON, A.A.; BALDI, F.; OLIVEIRA, H.N.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L.G. Genome-wide association study of reproductive traits in Nellore heifers using Bayesian inference. **Genetics Selection Evolution**, 47:67, 2015.

ELER, J.P. et al. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v.82, n.9, p.2519-2527, 2004.

ELSIK, C.G.; TELLAM, R.L.; WORLEY, K.C.; GIBBS, R.A.; MUZNY, D.M.; WEINSTOCK, G.M. The bovine hapmap consortium the genome sequence of taurine cattle: a window to ruminant biology and evolution. **Science**.324:522-8, 2009.

ERCAN, S. Mechanisms of X Chromosome Dosage Compensation. **Journal of Genomics**, v.3. p.1-19, 2015.

EUCLIDES FILHO, K. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Rev. Ceres**, Viçosa, v. 56, n.5, p. 620-626, set/out, 2009

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento Genético Animal no Brasil: Fundamentos, História e Importância**. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 63p, (Embrapa Gado de Corte. Documentos, 75), 1999.

FORMIGONI, I.B.; FERRAZ, J.B.S.; SILVA, J.A.V.; ELER, J.P.; BRUMATTI, R.C. Valores econômicos para habilidade de permanência e probabilidade de prenhez aos 14 meses em bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, supl.2, p.220-226, 2005.

FORTES, M.R.; REVERTER, A.; HAWKEN, R.J.; BOLORMAA, S.; LEHNERT, S.A. Candidate genes associated with testicular development, sperm quality, and hormone levels of inhibin, luteinizing hormone, and insulin-like growth factor 1 in Brahman bulls. **Biol Reprod**. 87(3):58. 2012.

FORTES, M.R.; REVERTER, A.; KELLY, M.; MCCULLOCH, R.; LEHNERT, S.A. Genome-wide association study for inhibin, luteinizing hormone, insulin-like growth factor 1, testicular size and semen traits in bovine species. **Andrology**. 1(4):644-50. 2013.

FORTES, M.R.S.; DEATLEY, K.L.; LEHNERT, S.A.; BURNS, B.M.; REVERTER, A. HAWKEN, R.J.; BOE-HANSEN, G.; MOORE, S.S.; THOMAS, M.G. Genomic regions associated with fertility traits in male and female cattle: Advance from microsatellites to high-density chips and beyond. **Animal Reproduction Science**, 141, p.1–19, 2013.

FRINTS, S.G.; FROYEN, G.; MARYNEN, P. et al. X linked mental retardation: vanishing boundaries between non-specific (MRX) and syndromic (MRXS) forms. **Clinical Genetics**, 62:423-432, 2002.

GARCIA, D.A. et al. Modelos lineares generalizados mistos na avaliação genética da prenhez precoce na raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** Belo Horizonte, v.64, n. 3, p. 675-682, 2012.

GAVES, J.A.; KOINA, E.; SANKOVIC, N. How the gene content of human sex chromosomes evolved. **Curr.Opn.Genet.Dev.**v.16, p.219-224, 2006.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Pesquisa pecuária Municipal 2015. Disponível em:

<<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pesquisas/ids/default.asp?o=8&i=P>> Consultado em 24 jan. 2017.

IRANO, N.; DE CAMARGO, G.M.F.; COSTA, R.B.; TERAKADO, A.P.N.; MAGALHÃES, A.F.B.; SILVA, R.M.O.; DIAS, M.M.; BIGNARDI, A.B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Genome-wide Association study for Indicator Traits of Sexual Precocity in Nelore Cattle. **PLoS ONE** 11(8): e0159502, 2016.

JORGE JÚNIOR, 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 de Zootecnia**, v.36, p.1549- 1558, 2007.

LAUREANO, M.M.M; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, Belo Horizonte , v. 63, n. 1, p. 143-152, Feb. 2011.

LEMOS, M.V.V; CHIAIA, H.L.J.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.L.B.; ABOUJAOUDE, C.; VENTURINI, G.C.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BALDI, F. Reaction norms for the study of genotype-environment interaction for growth and indicator traits of sexual precocity in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**. v.4, n.2, p. 7151-7162, 2015.

LOPES, F.B.; SANTOS, G.C.J.; MARQUES, E.G.; SILVA, M.C.; FERREIRA, J.L. Tendência genética para características relacionadas à velocidade de crescimento em bovinos Nelore da região Norte do Brasil. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 2, p. 362-367, abr-jun, 2012.

LYONS, R.E.; LOAN, N.T.; DIERENS, L.; FORTES, M.R.S.; KELLY, M.; McWILLIAM, S.S.; LI, Y.; BUNCH, R.J.; HARRISON, B.E.; MOORE, S.S. Evidence of positive selection of taurine genes within a QTL region on chromosome X associated with testicular size in Australian Brahman cattle. **BMC Genet.** 15:6. 2014.

MATOS, A.S.; SENA, J.S.S.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B.; RORATO, P.R.N.; CUCCO, D.C.; ARAÚJO, R.O. Interação genótipo-ambiente em rebanhos nelore da Amazônia Legal. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.14, n.3, p.599-608 jul./set., 2013

MATTAR, M.; MEIRELLES, S.L.; OLIVEIRA, J.A.; ESPASANDIM, A.C.; QUEIROZ, S.A. Fatores genéticos e ambientais sobre a probabilidade de prenhez precoce em bovinos Caracu. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.5, p.1405-1410, set-out, 2007.

McMANUS, C.; BARCELLOS, J.O.J.; FORMENTON, B.K.; HERMUCHE, P.M.; CARVALHO, O.A.JR.; GUIMARÃES, R. Dynamics of Cattle Production in Brazil. **PLoS ONE** 11(1):e0147138, 2016.

MEIRELLES, S. L.; ESPASANDIN, A.C.; MATTAR, M.; QUEIROZ, S.A. Genetic and environmental effects on sexual precocity traits in Nelore cattle. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa, v. 38, n. 8, p. 1488-1493, Aug. 2009.

NCBI – Genome Assembly *Bos taurus*. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome?term=bos%20taurus>> Acesso em 05 ma. 2017.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina – DF (Documentos EMBRAPA CERRADOS), 54 f., 2002.

OLIVEIRA, M.M.; ROTA, E.L.; DIONELLO, N.J.L.; AITA, M.F. Herdabilidade e correlações genéticas do Perímetro escrotal e idade ao primeiro parto com características produtivas em bovinos de corte: Revisão. **R. Bras. Agrociência**, Pelotas, v.13, n.2, p.141-146, abr-jun, 2007.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 6. ed. Belo Horizonte, 758p., 2012.

RAIDAN, F.S.S.; PASSAFARO, T.L.; FRAGOMENI, B.O.; JOSAHKIAN, L.A.; PEREIRA, I.G.; TORAL, F.L.B. Genotype × environment interaction in individual performance and progeny tests in beef cattle. **J. Anim. Sci.** v.93, p.920–933, 2015.

REGATIERI, I.C.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; SOUZA, F.O.; BALDI, F.; TAKADA, L.; VENTURINI, G.C.; CAMARGO G.M.F.; FERNANDES JÚNIOR, G.A.; TONHATI, H.; HENRIQUE OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Association between single nucleotide polymorphisms and sexual precocity in Nelore heifers, **Animal Reproduction Science**, V. 177, P.88-96, Feb. 2017.

REVISTA VEJA. **Carne Fraca: JBS e BRF perdem mais de R\$ 5 bi em valor de mercado**. Disponível em: <<http://veja.abril.com.br/economia/carne-fraca-jbs-e-brf-perdem-mais-de-r-5-bi-em-valor-de-mercado/>> Acesso em 12 abr. 2017 (b).

REVISTA VEJA. **Executivos de gigantes BRF e JBS são alvo de operação da PF**. Disponível em: <http://veja.abril.com.br/brasil/pf-deflagra-carne-fraca-contra-corrupcao-na-agricultura/> Acesso em : 12 abr. 2017(a).

- SILVEIRA, M. V., SOUZA, J.C. DE, SILVA, L.O.C., FREITAS, J.A., GONDO, A., FERRAZ FILHO, P.B. Interação genótipo x ambiente sobre características produtivas e reprodutivas de fêmeas nelore. **Arquivo Zootecnia**. n.63, p.223–226, 2014.
- SIQUEIRA, J.B.; GUIMARÃES, J.D.; PINHO, R.O. Relação entre perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas em bovinos de corte: uma revisão. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, Belo Horizonte, v.37, n.1, p.3-13, jan./mar. 2013.
- SOLLECITO, N.V.; ANDRADE, V.J.; BARBOSA, F.A.; LOBO, C.F.; AZEVEDO, H.O.; GUIMARÃES, P.H.S. Taxa de fertilidade de novilhas de diferentes grupos genéticos com primeiro serviço aos 14 meses de idade. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, Belo Horizonte, v. 68, n. 2, p. 361-368, 2016.
- STOUFFS, K. & LISSENS, W. X chromosomal mutations and spermatogenic failure. **Biochimica et Biophys. Acta**. v.1822, p.1864-1872, 2012.
- SU, G.; GULDBRANDTSEN, B.; AAMAND, G.P.; STRANDÉN, I.; LUND, M.S. Genomic relationships based on X chromosome markers and accuracy of genomic predictions with and without X chromosome markers. **Genetics, Selection, Evolution**. 46(1):47. 2014.
- TEIXEIRA, D.B.A.; FERNADES JÚNIOR, G.A.; SILVA, D.B.S.; COSTA, R.B.; TAKADA, L.; GORDO, D.G.M.; BRESOLIN, T.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.G. Genomic analysis of stayability in Nelore cattle. **PLoS ONE**, 12(6), 2017.
- TORAL, F. L. B.; SILVA, L. O. C.; MARTINS, E. N.; GONDO, A.; SIMONELLI, S.M. Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1445-1455, 2004.
- TUKIAINEN, T; PIRINEN, M.; SARIN, A.P.; LADENVALL, C.; KETTUNEN, J. Chromosome X-Wide Association Study Identifies Loci for Fasting Insulin and Height and Evidence for Incomplete Dosage Compensation. **PLoS Genet**. v.10(2), 2014.
- USDA - U.S. DEPARTMENT OF AGRICULTURE, disponível em: https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/livestock_poultry.pdf Acesso em: 15 abr. 2017.
- WISE, A.L.; GYI, L.; MANOLIO, T.A. eXclusion: Toward integrating the X Chromosome in Genome-wide Association Analyses. **The Am. Jour. of Human Genet**. 92, 643–647, 2013.
- ZIMIN, A.V.; DELCHER, A.L.; FLOREA, L.; KELLEY, D.R.; SCHATZ, M.C.; PUIU, D.; HANRANHAN, F.; PERTEA, G.; VAN TASSEL, C.P.; YORKE, J.A.; SUBRAMANIAN. A whole-genome assembly of the domestic cow, *Bos taurus*. **Genome Biol**. 10:R42. 2009.

CAPÍTULO 1

**Interação genótipo x ambiente para características reprodutivas em bovinos da
raça Nelore no Brasil**

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA NELORE NO BRASIL

RESUMO:

O presente estudo teve objetivo avaliar o efeito da interação genótipo-ambiente (IGA) para as características perímetro escrotal mensurado em diferentes idades, 365 (PE365), 450 (PE450) e 550 (PE550) dias de idade, e da idade ao primeiro parto (IPP) para animais da raça Nelore criados em diferentes regiões do Brasil. Para a avaliação foram agrupados os rebanhos nas seguintes regiões do país: Norte, Sudeste e Centro-Oeste, sendo utilizadas informações de 26619, 28730, 14476, 15397 para as características PE365, PE450, PE550 e IPP respectivamente. Os parâmetros genéticos, assim como, a avaliação da IGA foi realizada utilizando a inferência Bayesiana, com uso dos programas da família F90. As herdabilidades estimadas foram: $0,465 \pm 0,021$, $0,500 \pm 0,022$, $0,492 \pm 0,026$, $0,117 \pm 0,017$ para PE365, PE450, PE550 e IPP respectivamente. Os resultados obtidos nas análises da interação, indicaram que essa não foi significativa para o PE nas diferentes idades (correlação genética, $r_g > 0,8$). Para a IPP foi evidenciado efeito significativo da IGA para as combinações envolvendo a região Norte ($r_g < 0,8$), indicando que essa interação deve ser considerada pelos programas de avaliação genética nesta região.

Palavras-chave: Correlação genética, *Bos indicus*, herdabilidade, bovinos de corte

GENOTYPE X ENVIRONMENT INTERACTION FOR REPRODUCTIVE TRAITS IN NELLORE BREED CATTLE IN BRAZIL

ABSTRACT:

The objective of this study was to evaluate the effect of the genotype-environment interaction (GEI) for scrotal circumference traits measured at different ages, 365 (SC365), 450 (SC450) and 550 (SC550) days of age, and age at first calving (AFC) for Nellore animals raised in different regions of Brazil. For the evaluation, the herds were grouped in the following regions of the country: North, Southeast and Midwest, using information from 26619, 28730, 14476, 15397 for the traits SC365, SC450, SC550 and AFC respectively. Genetic parameters, as well as the assessment of GEI were performed using Bayesian inference, using the programs of the F90 family. The estimated heritabilities were: 0.465 ± 0.021 , 0.500 ± 0.022 , 0.492 ± 0.026 , 0.117 ± 0.017 for SC365, SC450, SC550 and AFC respectively. The results obtained in the analysis of the interaction, indicated that this was not significant for SC at different ages (genetic correlation, $r_g > 0.8$). For AFC, significant effect of GEI was observed for combinations involving the Northern region ($r_g < 0.8$), indicating that this interaction should be considered by the genetic evaluation programs in this region.

Keywords: Genetic correlation, *Bos indicus*, heritability, Beef cattle

INTRODUÇÃO:

O Brasil apresenta-se como o segundo maior produtor de carne bovina no mundo com cerca de 9,7 milhões de toneladas (FAO, 2017, dados de 2014) e um crescimento de 33% do rebanho nos últimos 40 anos (McMANUS et al. 2016). A raça Nelore destaca-se como a de maior contribuição gênica para o rebanho bovino brasileiro. Dos 212,3 milhões de animais, segundo dados do IBGE (2014), estima-se que 80% da população seja da raça pura e de seus cruzamentos (OLIVEIRA et al. 2002). É, portanto, de extrema importância para a bovinocultura de corte na região tropical e para o abastecimento de carne no mundo.

O território brasileiro é muito extenso, apresentando regiões com distintas condições climáticas e variados sistemas de produção. Os genótipos podem possuir distintos desempenhos dependendo do ambiente em que se encontram, caracterizando a chamada interação genótipo-ambiente (não considerada em avaliações genéticas feitas no país). Mais do que isso, McManus et al. (2016) observaram, migração interna da população de bovinos, mostrando ser cada vez mais importante a inclusão no modelo de avaliação desse efeito a fim de melhor definir os reprodutores a serem selecionados, dada a tendência de movimento entre regiões distintas.

Dentre os objetivos de seleção para os rebanhos da raça Nelore no Brasil, as características reprodutivas apresentam uma grande importância econômica para o sucesso da atividade, isso pode ser observado nos estudos de Brumatti et al. (2011), Jorge Júnior et al. (2007) e Carvalho & Bittencourt (2015). Segundo Chud et al. (2014), em bovinos de corte a avaliação reprodutiva das vacas é feita pelo número de bezerros nascidos anualmente. Isso ocasiona um aumento do número de crias por ano e do número de crias/vaca durante a sua vida reprodutiva.

As evidências da presença da interação genótipo x ambiente (IGA) em animais da raça Nelore, no Brasil, já foram demonstradas para as características de desenvolvimento ponderal entre diferentes regiões do mesmo estado, entre estados ou entre as diferentes regiões geográficas do país (TORAL et al. 2004, PÉGOLO et al. 2009 e DIAZ et al. 2011). Carvalho et al. (2013) avaliaram a presença da IGA em animais da raça Nelore para as características de desenvolvimento ponderal P210 e P365 entre as regiões geográficas do Centro-Oeste, Norte e Sudeste do país, evidenciando que há a presença da

IGA entre as regiões Norte e Sudeste quando avaliado o P365. Para as características reprodutivas, perímetro escrotal, idade ao primeiro parto e intervalo de partos, Chiaia et al. (2015), Lemos et al. (2015) e Ambrosini et al. (2016) encontraram evidências da IGA de acordo com os ambientes de produção.

Perante a escassa informação sobre a presença da IGA em bovinos da raça Nelore nas diferentes regiões brasileiras sobre as características reprodutivas incluídas como critérios de seleção, o objetivo deste trabalho é avaliar a presença da IGA entre rebanhos distribuídos entre as macro-regiões Centro-Oeste, Norte e Sudeste do Brasil, para as características perímetro escrotal mensurados em diferentes idades (nos machos) e a idade ao primeiro parto, utilizando a inferência bayesiana.

MATERIAL E MÉTODOS:

Descrição dos dados:

Para o desenvolvimento do presente estudo, foram utilizadas informações fenotípicas de animais da raça Nelore participantes do Programa de melhoramento genético Nelore Brasil, gerenciado pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), nascidos entre os anos de 2001 e 2009. Os principais objetivos de produção destes rebanhos são a comercialização de animais para o abate e a produção de matrizes e reprodutores geneticamente superiores. Os animais são mantidos em pastagens durante todo o ano, recebendo suplementação mineral e água *ad libitum*, as fêmeas são submetidas a estação de monta com duração de 90 a 120 dias, submetidas a inseminação artificial ou monta controlada. A desmama é realizada em torno de 6 a 8 meses.

O banco de dados utilizado foi constituído de informações de rebanhos criados em diversas regiões do Brasil, no entanto, foram utilizadas informações dos estados com maior número de animais. Para caracterizar o ambiente de criação, os estados foram agrupados de acordo com a sua localização geográfica, desta forma, o banco de dados utilizado nas análises, foi composto por fazendas distribuídas entre as regiões Centro-Oeste (Goiás, Mato Grosso do sul, Mato Grosso), Norte (Tocantins, Pará e Rondônia) e Sudeste (São Paulo e Minas Gerais). As características estudadas foram ligadas ao desempenho reprodutivo, e são utilizadas como critérios de seleção dos rebanhos, sendo o elas: o perímetro escrotal ajustado as seguintes idades: 365 dias (PE365), 450 dias (PE450), 550 dias (PE550) dias e a idade ao primeiro parto das novilhas (IPP). O número de animais avaliados em cada região, bem como o seu número para cada umas das características estudadas, encontra-se na tabela 1.

Tabela 1. Estatística descritiva dos dados

Característica	Região	Nº de animais	Média ± DP
PE365	Centro – Oeste	15600	
	Norte	4822	20,42 ± 2,15 cm
	Sudeste	6197	
	Total	26619	
PE450	Centro – Oeste	17115	
	Norte	5050	23,34 ± 2,93 cm
	Sudeste	6565	
	Total	28730	
PE550	Centro – Oeste	8985	
	Norte	1898	26,48 ± 3,45 cm
	Sudeste	3593	
	Total	14476	
IPP	Centro – Oeste	10465	
	Norte	2173	1107,25 ± 159,36
	Sudeste	2759	dias
	Total	15397	

Análise estatística:

Os dados originais foram editados usando o programa SAS 9.2 (SAS Inst., Inc., Cary, NC), nele continha informações de 146536 animais, no entanto, para a preparação das informações necessárias ao presente estudo algumas restrições foram feitas: criação das estações de nascimento (1- Dezembro a Fevereiro; 2- Março a Maio; 3- junho a Agosto; 4- Setembro a Novembro), exclusão das informações dos animais que excederam a média ± 3 desvios-padrão para as características de interesse, criação dos grupos de contemporâneos (GC) com as informações de fazenda de criação, lote de manejo (Lote 365; 450 e 550), estação e ano de nascimento. Foram excluídas informações de GC com menos de 3 animais, assim como as informações de reprodutores com menos de 5 filhos, sendo garantido a conexão genética entre os ambientes avaliados.

O primeiro banco de dados formado foi utilizado com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos para as características em estudo, assim, foi constituído pelas seguintes informações: identificação do animal, identificação do touro e da vaca, GCPE365, GCPE450, GCPE550, GCIPP, PE365, PE450, PE550 e IPP. Porém, para verificar a presença da interação genótipo-ambiente (IGA) foram criados arquivos separados, onde a característica estudada é considerada diferente para cada ambiente de

criação, desta maneira, foram criados outros quatro arquivos contendo as seguintes informações: identificação do animal, identificação do touro e da vaca, GC para a característica, característica X na região Norte, característica X na região Sudeste, característica X na região Centro-Oeste. O arquivo de pedigree continha as informações de identificação do animal, touro e vaca.

Estimativas dos parâmetros genéticos:

Inicialmente, foi realizado uma avaliação multicaracterística para estimar os parâmetros genéticos das características trabalhadas, após esta etapa foram realizadas as análises para verificar a presença da interação genótipo x ambiente (IGA), neste caso, utilizou-se uma análise tri-característica. Os dados foram analisados utilizando-se o programa computacional GIBBS2F90 (Misztal et al., 2014).

Na forma matricial, o modelo geral pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que y , β , a e e são, respectivamente, o vetor de observações, vetor dos efeitos sistemáticos (Seriam os fixos), vetor dos efeitos genéticos aditivo direto e vetor dos erros aleatórios; X e Z são, respectivamente, as matrizes de incidência que associam β e a às observações.

Os vetores β e a são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta$, a . Foi considerado *a priori* que β tem uma distribuição uniforme, que reflete um conhecimento prévio vago sobre este vetor. Aos demais componentes (efeitos aleatórios) foram atribuídas distribuições Wishart invertidas. Assim, a distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como:

$$y | \beta, a, R \sim N [X\beta + Za, INR] \text{ (Van Tassel \& Van Vleck, 1996).}$$

Um total de 1,000,000 amostras foram geradas com um período de burn-in de 300,000, com amostras tomadas a cada 50 ciclos. A convergência foi verificada utilizando-se o programa POSTGIBBSF90 (MISZTAL, 2014). As médias das variâncias

a posteriori estimadas para cada característica foram usadas para a estimação das herdabilidades e correlações médias *a posteriori*.

Segundo Robertson et al. (1959), a verificação da IGA é verificada quando a correlação genética (r_g) entre a característica é menor do que 0,8. No entanto, para verificar esta correlação deve-se considerar a mesma característica como uma característica distinta em cada um dos diferentes ambientes de criação.

RESULTADOS:

Na avaliação multicaracterística foram encontradas estimativas de herdabilidade (h^2) alta (Tabela 2) para o perímetro escrotal ajustado para as idades trabalhadas ($h^2 > 0,4$), logo, espera-se para esta característica ganhos com seleção significativos, bem como, os efeitos genéticos aditivos apresentam importante contribuição para o desempenho do perímetro escrotal nos rebanhos avaliados. Porém, para a idade ao primeiro parto das novilhas (IPP) a herdabilidade estimada foi de baixa magnitude ($h^2 < 0,2$), comprovando o baixo efeito dos componentes genéticos aditivos indicando que efeitos genéticos não aditivos e os ambientais (manejo e clima) são mais pronunciados.

Quanto a correlação genética entre as características avaliadas, observa-se na Tabela 3, que há alta correlação entre as medidas de perímetro escrotal ($r_g > 0,8$), indicando que os mesmos grupos gênicos estão agindo sobre as características nas diferentes idades. No entanto, quando avaliada a correlação genética entre as medidas de perímetro nos machos e a idade ao primeiro parto das novilhas, verifica-se que houve correlação negativa para a combinação entre todas as idades de PE e o IPP, indicando que os grupos gênicos que levam ao aumento do desempenho para uma característica, atuam diminuindo o desempenho da outra, no caso estudado, os genes que são responsáveis pelo aumento do perímetro escrotal dos machos em diferentes idades, são também os responsáveis por determinar a diminuição da idade ao primeiro parto das novilhas.

Tabela 2. Estimativas dos componentes de (co) variância e da herdabilidade.

σ^2_a	<i>Pe365</i>	<i>Pe450</i>	<i>Pe550</i>	<i>IPP</i>	$h^2 \pm EP$
<i>Pe365</i>	1,4715	1,954	2,0367	-11,308	0,465 \pm 0,021
<i>Pe450</i>	1,954	2,8317	3,1049	-14,175	0,500 \pm 0,022
<i>Pe550</i>	2,0367	3,1049	3,7303	-20,186	0,492 \pm 0,026
<i>IPP</i>	-11,308	-14,175	-20,186	2069,4	0,117 \pm 0,017
σ^2_e	<i>Pe365</i>	<i>Pe450</i>	<i>Pe550</i>	<i>IPP</i>	
<i>Pe365</i>	1,6863	1,6028	1,404	0	
<i>Pe450</i>	1,6028	2,8243	2,6055	0	
<i>Pe550</i>	1,404	2,6055	3,849	0	
<i>IPP</i>	0	0	0	15543	

Tabela 3. Correlações genéticas (acima da diagonal principal) e fenotípicas (abaixo da diagonal principal) entre as características na análise multicaráter.

	<i>Pe365</i>	<i>Pe450</i>	<i>Pe550</i>	<i>IPP</i>
<i>Pe365</i>	1,0	0,96	0,87	-0,20
<i>Pe450</i>	0,60	1,0	0,96	-0,19
<i>Pe550</i>	0,19	0,41	1,0	-0,23
<i>IPP</i>	-0,70	-0,75	-0,42	1,0

A fim de verificar a existência IGA para o perímetro escrotal mensurado em diferentes idades, fez-se uma avaliação tri-característica e o não foi observada interação (Tabela 4). Entretanto, para a IPP foi encontrado a presença da IGA entre as regiões Norte e Centro-Oeste, e Norte e Sudeste ($r_g < 0,8$).

Tabela 4. Correlações genéticas (r_g) entre as características consideradas como diferentes em cada região de criação

Característica		Centro-Oeste	Norte	Sudeste
PE365	Centro-Oeste	1,0	0,98	0,92
	Norte		1,0	0,84
	Sudeste			1,0
PE450	Centro-Oeste	1,0	0,95	0,96
	Norte		1,0	0,88
	Sudeste			1,0
PE550	Centro-Oeste	1,0	0,82	0,99
	Norte		1,0	0,88
	Sudeste			1,0
IPP	Centro-Oeste	1,0	<u>0,21</u>	0,94
	Norte		1,0	<u>0,52</u>
	Sudeste			1,0

DISCUSSÃO:

Os resultados encontrados na análise descritiva (Tabela 1), PE em diferentes idades (20,42 - 26,48 cm) e IPP (1107,25 dias), estão em conformidade com os valores reportados na literatura para a raça Nelore. Os valores médios encontrados por outros autores para as medidas de perímetro escrotal em diferentes idades variaram entre 20,13 - 31,88 cm (BOLIGON et al. 2007; MATOS et al. 2013; LEMOS et al. 2015; CHIAIA et al. 2015; BUZANSKAS et al. 2017). Para a idade das fêmeas ao primeiro parto os valores médios apresentaram-se entre 1045 - 1449,59 dias (BOLIGON et al. 2007; MATOS et al. 2013; LEMOS et al. 2015; SOUSA et al. 2015; AMBROSINI et al. 2016; BUZANSKAS et al. 2017).

Medidas de perímetro escrotal têm sido avaliados pelos programas de melhoramento genético apesar de não apresentar benefícios econômicos diretos, mas tem sido usado devido a associação com a capacidade reprodutiva de touros e matrizes, além de estar relacionada com características ponderais (FORTES et al. 2012; SIQUEIRA et al. 2013; BUZANSKAS et al. 2017). Os resultados de herdabilidade encontrados na avaliação multicaráter (Tabela 2) para as medidas do PE em diferentes idades foram de alta magnitude, oscilaram entre 0,465 - 0,50, sendo corroborados pelos resultados de Raidan et al. (2015) que encontraram valores entre 0,48 - 0,59 para a mesma característica avaliada em animais Nelore manejados a pasto aos 550 dias, por Chiaia et al. (2015) com valores de herdabilidade entre 0,51 - 0,67, para os animais com idade média de 517 dias e por Buzanskas et al. (2017) que estimaram valores de h^2 entre 0,36 - 0,45 para a característica avaliada aos 365 dias e valores entre 0,38 - 0,49 para o aos 450 dias, estas variações encontradas por estes autores deveram-se aos efeitos incluídos nos diferentes modelos testados.

No entanto, Boligon et al. (2007) estimaram valores de herdabilidade para PE365 e 550 iguais a 0,25 e 0,37 respectivamente, ou seja, valores inferiores aos encontrados e aos citados na literatura para a raça Nelore. Porém, de acordo com o mesmo autor, baixas estimativas de herdabilidade para o perímetro escrotal podem ser devidos ao inadequado ajuste do perímetro pela idade do animal na época da mensuração.

Diante dos valores encontrados para a herdabilidade do PE, bem como, quando realizada a comparação com os valores estimados em outros estudos, verifica-se que as

medidas do PE em diferentes idades apresentam herdabilidade de moderada a alta, além de serem altamente correlacionadas, com valores de correlação genética maiores que 0,85. Portanto, a seleção dos machos para esta característica pode ser realizada em idades mais jovens, o que potencializaria os ganhos genéticos e a redução no custo de manutenção dos touros jovens candidatos a seleção, haja vista que segundo Siqueira et al. (2013) os programas de avaliação genética tem adotado a idade padrão de seleção para PE aos 18 meses.

Sendo a raça Nelore considerada tardia sexualmente, trabalhos de seleção tem sido intensificado para a identificação de animais mais precoces, principalmente para fêmeas, na tentativa de antecipar a idade a puberdade, bem como para reduzir a idade ao primeiro parto aumentando a sua vida útil no rebanho, possibilitando que estas matrizes tenham maior número de progênies produzidas. Desta forma, a IPP tem sido incluída como critério de seleção para a raça Nelore no Brasil, pois, apesar de possuir baixa herdabilidade, apresenta variabilidade genética e potencial para ser melhorada com a utilização da seleção, principalmente devido a maior intensidade seletiva aplicada sobre as fêmeas (MATOS et al. 2013). A variabilidade genética é comprovada pelo valor da herdabilidade estimada 0,117 (Tabela 2). Outros trabalhos confirmam a baixa magnitude da herdabilidade para esta característica na raça Nelore, como os resultados de Sousa et al. (2015) com animais criados na região meio norte brasileira, obtiveram estimativa de h^2 igual a 0,026, ou seja, evidenciando que os efeitos genéticos aditivos são pouco pronunciados para o desempenho desta característica. Apesar desta estimativa ser inferior ao encontrado no presente estudo, este achado pode estar ligado ao fato dos animais estarem submetidos a fatores ambientais e de manejo distintos dos rebanhos que foram utilizados neste trabalho, aliado ao fato do manejo e idade na qual as fêmeas são introduzidas na reprodução estão diretamente relacionados com a idade ao primeiro parto.

Porém, outros estudos obtiveram estimativas próximas as encontradas, como por Boligon et al. (2008), que encontraram estimativas de herdabilidade variando de 0,14 - 0,15, Pereira et al. (2010) avaliando animais da mesma raça no qual foram encontrados valores entre 0,06 - 0,10, Chiaia et al. (2015) que verificaram que a herdabilidade para a IPP apresentou valores entre 0,09 - 0,50, dependendo do gradiente ambiental ao qual os animais foram submetidos e Ambrosini et al. (2016) que encontraram h^2 igual a $0,06 \pm 0,02$. Estes valores próximos devem-se aos locais e manejo adotado na criação dos

rebanhos, sendo que alguns dos animais avaliados nestes estudos estão distribuídos entre as regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste do Brasil. Já Buzanskas et al. (2017) em animais da raça Nelore criados no Brasil, encontraram valores de h^2 igual $0,25 \pm 0,02$, ou seja, de moderada magnitude e acima do encontrado no presente estudo.

Entretanto, as baixas estimativas de herdabilidade para as diferentes idades ao parto, principalmente para a idade ao primeiro parto, podem ser consequência dos critérios adotados para a entrada das novilhas na reprodução, principalmente as relacionadas ao peso e idade, pois normalmente espera-se que as novilhas alcancem condição corporal satisfatória para serem expostas ao touro ou serem inseminadas, dando início a atividade reprodutiva (BOLIGON et al. 2007; MELLO et al. 2016).

Para Chiaia et al. (2015), muitas razões explicam a variação dos componentes de variância e as estimativas de herdabilidade em diferentes ambientes de criação. A herdabilidade é uma propriedade da população e do ambiente, enquanto a variância ambiental é dependente das condições gerais de manejo e clima. Sendo que maior variação das condições ambientais reduz a herdabilidade, enquanto uma maior uniformidade do ambiente aumenta a herdabilidade (TORAL et al. 2004).

A identificação de fêmeas que possuam a capacidade de gestarem em idades mais jovens é uma das prioridades de programas de seleção e melhoramento na raça Nelore (FARIA et al. 2009). Segundo Siqueira et al. (2013), diante da maior dificuldade na determinação de características facilmente mensuráveis que sejam geneticamente associadas com a fertilidade das fêmeas, estudos para determinar correlações genéticas entre PE e características reprodutivas das matrizes têm sido desenvolvidos. Com este objetivo, foram estimados os valores de correlações genéticas e fenotípicas entre as características estudadas (Tabela 3). Diante dos resultados obtidos, percebe-se que as medidas de PE em diferentes idades são altamente correlacionadas geneticamente, no entanto, devido à ausência de medidas de alguns animais nas várias idades, a correlação fenotípica apresentou maior variabilidade para os seus resultados. O valor de correlações genéticas entre as diferentes idades do perímetro escrotal é confirmado pelos resultados obtidos por Buzanskas et al. (2017) o qual foi igual a 0,94. Porém, quando observado os valores de correlação genética entre as mensurações de PE com a IPP, verifica-se que estas estão negativamente correlacionadas fenotipicamente e geneticamente.

Estas correlações genéticas negativas indicam que os grupos gênicos que atuam promovendo maiores medidas de PE, agem diminuindo a IPP nas filhas dos reprodutores (r_g entre -0,19 à -0,23). Estes resultados encontrados sugerem que a seleção das fêmeas mais precoces pode ser realizada indiretamente via avaliação do PE dos reprodutores, estes resultados são semelhantes aos obtidos por Ferraz e Eler (2007), que obtiveram estimativa de correlação genética negativa, -0,40, entre o PE450 e a IPP das novilhas. Por Boligon et al. (2007) que avaliaram as correlações entre as características em animais da raça Nelore, encontrando correlações genéticas negativas entre as características PE12 e PE18 com a IPP, com valores iguais a -0,13 e -0,23 respectivamente. Também é corroborado por Buzanskas et al (2017) o qual encontrou valores de correlações genéticas entre perímetro escrotal em diferentes idades com a IPP de -0,50 e -0,46, para PE365 e PE450 respectivamente. Para Boligon et al. (2007), estes resultados demonstram que a seleção de reprodutores para maior perímetro escrotal, disponibiliza, como resposta correlacionada, menor idade ao primeiro parto de sua progênie e que esta redução na IPP pode ser mais rápida quando se seleciona para as idades mais fortemente associadas, no caso específico deste estudo, recomenda-se a seleção pelo PE550. Interessantemente, Irano et al. (2016) ao estudar ambas características em análise genômica ampla, em bovinos da mesma raça, encontraram que os principais genes que afetam PE não são os mesmos que afetam IPP e vice-versa, sugerindo que a correlação genética seja causada por genes pleiotrópicos de menor efeito.

Enquanto a avaliação da IGA (Tabela 4), para o perímetro escrotal nota-se que não foram encontrados resultados que evidenciem a presença da interação entre as regiões estudadas, r_g maior que 0,80 para todas as combinações entre as três regiões. Estes resultados são ratificados pelos estudos de Matos et al. (2013), Chiaia et al. (2015), Lemos et al. (2015) e Raidan et al. (2015), que avaliaram rebanhos da raça Nelore distribuídos entre as diferentes regiões brasileiras e não encontraram indícios da interação, todos os trabalhos utilizaram as medidas de perímetro escrotal ao sobreano. Esse fato pode ser explicado pelas altas herdabilidades encontradas para as características, mostrando menor influência do ambiente. Desta maneira, aliando-se os resultados encontrados neste estudo com os dos autores citados, pode-se concluir que para a característica perímetro escrotal os programas de avaliação genética da raça Nelore no Brasil podem ignorar a presença da IGA nas suas avaliações, uma vez que esta tem sido reportada como não significativa.

No entanto, para outros grupos raciais a mesma conclusão não pode ser extrapolada. Os resultados obtidos por Santana Jr. et al. (2014) para animais da raça composta Montana e seus cruzamentos, apresentando variadas composições raciais, avaliados em diferentes municípios distribuídos pelos diferentes estados brasileiros, verificaram valores de r_g entre 0,64-0,89, o que indica a ocorrência da IGA entre alguns dos diferentes ambientes de criação estudados.

Para a característica idade ao primeiro parto das matrizes, foi encontrado efeito pronunciado da IGA em todas as combinações envolvendo a região Norte, r_g igual a 0,21 com a região Centro-Oeste e 0,52 com o Sudeste. Estes resultados devem-se a diferenças marcantes das condições ambientais e de manejo entre as regiões, uma vez que nas regiões Sudeste e Centro-Oeste há uma maior similaridade do ambiente de criação, bem como, padronização de manejo devido a tradição histórica da pecuária destas regiões.

Estes resultados são confirmados pelo estudo de Lemos et al. (2015), utilizando avaliação via normas de reação, com animais da mesma raça criados em diferentes estados brasileiros, neste trabalho foram encontrados valores de r_g inferiores a 0,80. O mesmo foi encontrado por Ambrosini et al. (2016), em que foram encontrados efeitos da IGA sobre a IPP nas matrizes criadas sob diferentes gradientes ambientais na região Nordeste do Brasil. Também foi encontrado evidências da IGA por Silveira et al. (2014), que realizou uma avaliação entre três diferentes regiões do estado do Mato Grosso do Sul, encontrando efeito significativo da interação entre as três regiões. Segundo proposto por Raidan et al. (2015), características de baixa herdabilidade estão mais susceptíveis aos efeitos da IGA, o que pôde ser confirmado diante dos resultados encontrados, sendo a herdabilidade da IPP de baixa magnitude (0,117).

Estes resultados que sinalizam a presença da IGA, indicam que diferentes grupos gênicos estão atuando na determinação fenotípica da característica, ou estes genes estão atuando de maneira diferente sobre a característica, o que pode ser confirmado pelas diferenças nas herdabilidades estimadas de acordo com o ambiente. A presença da interação entre as regiões estudadas, indicam que progênies de animais geneticamente superiores em uma região, podem não apresentar os mesmos resultados caso suas progênies sejam criadas em diferentes regiões.

CONCLUSÕES:

As características de perímetro escrotal a diversas idades possuem alta herdabilidade, correlação genética negativa com idade ao primeiro parto e não sofrem interação genótipo-ambiente em bovinos da raça Nelore. Mostrando serem interessantes de serem utilizadas como critério de seleção para melhorar desempenho reprodutivo no rebanho. A idade ao primeiro parto, apesar de ser uma medida direta da fertilidade em fêmeas, apresenta baixa herdabilidade e sofre interação genótipo-ambiente (fator não considerado na avaliação genética dessa raça) podendo ocasionar erros de seleção dependendo da região onde ela é feita. Os resultados apresentam aplicação de cunho prático, sendo a informação necessária na tentativa de melhor fazer uso de ferramentas genéticas na produção de bovinos de corte nos trópicos.

REFERÊNCIAS:

- AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F.; CARNEIRO, P.L.S. Genotype x environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brasil. **Trop. Anim. Health Prod.** v.48, p.1401-1407, 2016.
- ASBIA – Associação Brasileira de Inseminação Artificial. Relatório index do ano de 2014. Disponível em: < <http://www.asbia.org.br/novo/relatorios/>> Consultado em 12 de janeiro de 2017.
- BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Neore. **R. Bras. Zootec.**, v.36, n.3, p.565-571, 2007.
- BOLIGON, A.A.; VOZZI, P.A.; NOMEINI, J.; RORATO, P.R.N.; BEZARRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Ciência Rural**, v.38, n.2, p.432-436, mar-abr, 2008.
- BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FORMIGONNI, I.B. Desenvolvimento de índice de seleção em gado de corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, v.60, p.205-213, 2011.
- BUZANSKAS, M.E.; PIRES, P.S.; CHUD T.C.S., BERNARDES P.A., ROLA L.D., SAVEGNAGO R.P., LOBO R.B., MUNARI D.P. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v.92, p. 204-209. 2017.
- CARVALHO, C.V.D. & BITTENCOURT, T.C.C. Breeding objectives for a Nelore cattle rearing system. **Pesq. agropec. bras.**, v.50, n.9, p.814-820, set. 2015.
- CHIAIA, H.L.; LEMOS, M.V.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; OLIVEIRA, H.N.; BALDI, F. Genotype × environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nelore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **J Anim Sci.** Apr;93(4):1503-10. 2015.
- CHUD, T.C.S.; CAETANO, S.L.; BUZANSKAS, M.E.; GROSSI, D.A.; GUIDOLIN, D.G.F.; NASCIMENTO, G.B. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nelore beef cattle. **Livest. Sci.**, v.170, p. 16-21. 2014.
- DIAZ, I.D.P.S.; OLIVEIRA, H.N.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction in Nelore cattle from five Brazilian states. **Genetic Molecular Biologi.** v.34, p. 435–442, 2011.
- FALCONER, D. S. The problem of environment and selection. *American Naturalist*, 86(830), 293-298, 1952.
- FAO - Meat cattle indicator, Disponível em<<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QL/visualize>> Consultado em 12 de março de 2017.

FARIA, C.U.; MAGNABOSCO, C.U.; ALBUQUERQUE, L.G.; LOS REYES, A.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Análise bayesiana na estimação de correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas de bovinos Nelore utilizando modelos linear-limiar. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, Belo Horizonte, v. 61, n. 4, p. 949-958, Aug. 2009.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J. Seleção de *Bos indicus* para precocidade sexual. **Rev Bras Reprod Anim**, v.31, p.167-171, 2007.

FORTES, M.R.S.; LEHNERT, S.A.; BOLORMAA, S.; REICH, C.; FORDYCE, G.; CORBET, N.J. Finding genes for economically important traits: Brahman cattle puberty. **Anim. Prod. Sci.**, v.52, p.143–50. 2012.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Pesquisa pecuária Municipal 2014. Disponível em: <
<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/pesquisas/ids/default.asp?o=8&i=P>> Consultado em 24 de janeiro de 2017.

IRANO, N.; CAMARGO, G.M.F.; COSTA, R.B.; TERAKADO, A.P.N.; MAGALHÃES, A.F.B.; SILVA, R.M.O.; DIAS, M.M.; BIGNARDI, A.B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Genome-wide Association study for Indicator Traits of Sexual Precocity in Nelore Cattle. **PLoS ONE** 11(8): e0159502, 2016.

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

LEMO, M.V.V.; CHIAIA, H.L.J.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.L.B.; ABOUJAOUDE, C.; VENTURINI, G.C.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BALDI, F. Reaction norms for the study of genotype-environment interaction for growth and indicator traits of sexual precocity in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**. v.4, n.2, p. 7151-7162, 2015.

MATOS, A.S.; SENA, J.S.S.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B.; RORATO, P.R.N.; CUCCO, D.C.; ARAÚJO, R.O. Interação genótipo-ambiente em rebanhos nelore da Amazônia Legal. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.14, n.3, p.599-608 jul./set., 2013

McMANUS, C.; BARCELLOS, J.O.J.; FORMENTON, B.K.; HERMUCHE, P.M.; CARVALHO, O.A.JR.; GUIMARÃES, R. Dynamics of Cattle Production in Brazil. **PLoS ONE** 11(1):e0147138, 2016.

MELLO, R.R.C.; FERREIRA, J.E.; SOUSA, S.L.G.; MELLO, M.R.B.; PALHANO, H.B. Parâmetros genéticos de características reprodutivas em bovinos de corte e leite. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, Belo Horizonte, v.40, n.2, p.65-72, abr./jun. 2016.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; AGUILAR, I.; LEGARA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia. Manual for BLUPF90 family of programs. Georgia: Athens: University of Georgia. 2014.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. **Nelore: Base genética e evolução seletiva no Brasil**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 54p., 2002.

- PÉGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F. Genotype by environment interaction for 450-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genet. Mol. Biol.** v.32. p. 281-287, 2009.
- RAIDAN, F.S.S.; PASSAFARO, T.L.; FRAGOMENI, B.O.; JOSAHKIAN, L.A.; PEREIRA, I.G.; TORAL, F.L.B. Genotype \times environment interaction in individual performance and progeny tests in beef cattle. **J. Anim. Sci.** v.93, p.920–933, 2015.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469- 485, 1959.
- SANTANA JR, M.L.; ELER, J.P.; CARDOSO, F.F.; ALBUQUERQUE, L.G.; BALIEIRO, J.C.C.; PEREIRA, R.J.; FERRAZ, J.B.S. Genotype by environment interaction for post-weaning weight gain, scrotal circumference, and muscling score of composite beef cattle in different regions of Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.13, n.2, p.3048-3059, 2014.
- SILVEIRA, M. V., SOUZA, J.C. DE, SILVA, L.O.C., FREITAS, J.A., GONDO, A., FERRAZ FILHO, P.B. Interação genótipo x ambiente sobre características produtivas e reprodutivas de fêmeas nelore. **Arquivo Zootecnia**. n.63, p.223–226, 2014.
- SIQUEIRA, J.B.; GUIMARÃES, J.D.; PINHO, R.O. Relação entre perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas em bovinos de corte: uma revisão. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, Belo Horizonte, v.37, n.1, p.3-13, jan./mar. 2013.
- SOUSA, G.G.T.; SANTOS, K.R.; CAMPELO, J.E.G.; OLIVEIRA, M.R.A.; PIRES, L.C.; PEREIRA, R.J.; SOUSA, R.P.R.; SOUSA JÚNIOR, S.C. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características reprodutivas de fêmeas Nelore na região meio norte do Brasil. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.16, n.2, p.290-299. abr./jun., 2015.
- TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.L.; GONDO, A. Interação genótipo-ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **R. Bras. Zootec.** v.33, p.1445-1455, 2004.
- VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

CAPÍTULO 2

Caracterização de ambientes de criação e avaliação da interação genótipo-ambiente para características reprodutivas de bovinos da raça Nelore na região Nordeste do Brasil

**CARACTERIZAÇÃO DOS AMBIENTES DE CRIAÇÃO E AVALIAÇÃO DA
INTERAÇÃO GENÓTIPO-AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS
REPRODUTIVAS DE BOVINOS DA RAÇA NELORE NA REGIÃO
NORDESTE DO BRASIL**

RESUMO:

A eficiência reprodutiva dos rebanhos é um dos fatores de maior importância para a bovinocultura de corte, porém, a diversidade ambiental torna-se um entrave na identificação dos animais geneticamente superiores para essas características, dificultando o progresso genético dos rebanhos no que tange ao sucesso reprodutivo. Diante de tal limitação, o presente estudo visa identificar regiões do estado da Bahia que possuam similaridade ambiental, para isso foram utilizados dados de altitude, precipitação anual, temperatura média anual, umidade relativa do ar (UR%) e classificação climática de Köppen de 28 estações climatológicas do INMET distribuídas entre diferentes municípios do estado. Com a aplicação da análise de agrupamento, utilizando o método hierárquico *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean* (UPGMA), foi possível identificar três regiões distintas. Após a definição das regiões, foram realizadas análises tri-característica para a determinação da presença da interação genótipo-ambiente entre as regiões para as características PE365, PE450, PE550 e IPP, utilizando o programa GIBBS2F90. Diante dos resultados alcançados, foi encontrado indícios de interação genótipo-ambiente para todas as características estudadas ($r_g < 0,8$), indicando que grupos gênicos distintos estão atuando sobre as características a depender do ambiente de criação dos animais.

Palavras-chave: Bovinos de corte, Estatística multivariada, semiárido

**CHARACTERIZATION OF ENVIRONMENTS PRODUCTION AND
EVALUATION OF GENOTYPE-ENVIRONMENTAL INTERACTION FOR
REPRODUCTIVE TRAITS OF NELLORE BREED CATTLE IN NORTHEAST
REGION OF BRAZIL**

ABSTRACT:

The reproductive efficiency of herds is one of the most important factors for beef cattle breeding, however, environmental diversity becomes an obstacle in the identification of the genetically superior animals for these traits, hindering the genetic progress of the herds in terms of reproductive success. Because this limitation, the present study aims to identify regions of the state of Bahia that possess environmental similarity, for which altitude, annual precipitation, annual mean temperature, relative humidity (RH%) and Koppen climate classification of 28 INMET climatological stations distributed among different cities of the state. With the application of the cluster analysis, using the hierarchical method *Unweighted Pair Method With Arithmetic Mean* (UPGMA), it was possible to identify three distinct regions. After the definition of the regions, tri-trait analyzes were performed to determine the presence of the genotype-environment interaction between the regions for the traits SC365, SC450, SC550 and AFC, using the program GIBBS2F90. In the results obtained, evidence of genotype-environment interaction was found for all traits studied ($r_g < 0.8$), indicating that distinct genic groups are acting on the traits depending on the environment of animal rearing.

Keywords: Beef cattle, Multivariate statistics, Semiarid

INTRODUÇÃO:

O ambiente de criação é um dos principais fatores que influenciam o desempenho produtivo dos animais. No contexto de meio ambiente, destacam-se as variáveis climáticas e geográficas e a influência direta dessas na resposta dos genótipos (MATTAR et al. 2008; FERREIRA et al. 2014). A diversidade ambiental é um problema ainda maior em países com grande extensão territorial, como o Brasil, pois uma vasta diversidade ambiental pode influenciar as condições de criação dos animais, em especial aqueles criados a pasto, como os bovinos.

Entre as regiões brasileiras, destaca-se a região Nordeste por sua diversidade climática e ambiental contrastantes, além de possuir vasta extensão territorial, 1.554.291,744 km², apresentando 13,8% do rebanho efetivo nacional de bovinos (IBGE, 2016). Nessa região, destaca-se em extensão territorial o estado da Bahia, o qual é o maior da região possuindo 564.732.642 km², com o rebanho de 10.758.372 de bovinos (IBGE, 2015). No que tange ao desempenho animal, os genótipos podem possuir distintos desempenhos dependendo do ambiente de criação, caracterizando a chamada interação genótipo-ambiente (subestimada nas avaliações genéticas realizadas no país).

Dentre os objetivos de seleção para os rebanhos da raça Nelore no Brasil, as características reprodutivas são as que se apresentam com maior importância econômica para o sucesso da bovinocultura de corte, isso é confirmado pelos estudos de Brumatti et al. (2011), Jorge Júnior et al. (2007) e Carvalho & Bittencourt (2015). Segundo Chud et al. (2014), em bovinos de corte a avaliação reprodutiva das vacas é feita pelo número de bezerros nascidos anualmente. Isso ocasiona um aumento do número de crias por ano e do número de crias/vaca durante a sua vida reprodutiva.

As evidências da presença da interação genótipo x ambiente (IGA) em animais da raça Nelore, no Brasil, já foram demonstradas para as características de desenvolvimento ponderal entre diferentes regiões do mesmo estado, entre estados ou entre as diferentes regiões geográficas do país (TORAL et al. 2004, PÉGOLO et al. 2009 e DIAZ et al. 2011). Para as características reprodutivas, perímetro escrotal, idade ao primeiro parto e intervalo de partos, Chiaia et al. (2015), Lemos et al. (2015) e Ambrosini et al. (2016) encontraram evidências da IGA de acordo com os ambientes de produção para rebanhos criados em diferentes regiões do país. Apesar de possuir efeito significativo sobre as características citadas, os sumários de touros da raça Nelore publicados no Brasil, não

consideram os efeitos da IGA nas suas avaliações. No entanto, estudos da presença dessa interação sobre as características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore no Nordeste brasileiro, especialmente no estado da Bahia, são escassos na literatura.

Ambrosini et al. (2016) realizaram estudos de presença da interação genótipo-ambiente na região Nordeste para as características reprodutivas intervalo de partos e idade ao primeiro parto, para animais da raça Nelore. Os seus resultados indicaram que há efeito da IGA nestas características entre os gradientes ambiental de média e alta produtividade, indicando que avaliações genéticas devem ser realizadas de maneira específica para os diferentes níveis de produção animal.

Um dos entraves para os estudos da interação genótipo-ambiente reside na determinação do ambiente de criação, em alguns estudos, os ambientes de criação são definidos como os diferentes locais onde os animais são mantidos, sejam estes definidos como, áreas da fazenda, regiões do mesmo estado, diferentes estados ou países. Outra metodologia utilizada é a definição de gradientes ambientais, os quais variam de acordo com o desempenho dos animais dependendo com o nível de produção (TORAL, et al. 2004; AMBROSINI et al. 2012; CARVALHO et al. 2013; NEPOMUCENO et al. 2013).

Assim, o presente estudo tem como objetivo propor uma metodologia alternativa para determinação dos ambientes de criação para bovinos de corte, por meio de análises estatísticas multivariadas para dados geográficos e climáticos do estado da Bahia. Bem como, avaliar a presença da interação genótipo-ambiente para características reprodutivas de machos e fêmeas da raça Nelore criados nesse estado do nordeste brasileiro.

MATERIAL E MÉTODOS:

Caracterização ambiental:

Os diferentes ambientes de criação foram caracterizados com o uso das técnicas de análises estatísticas multivariadas. Para tal, foram utilizadas informações climáticas e geográficas de 28 estações climatológicas oficiais do Instituto Nacional de Meteorologia (INMET), distribuídas em diferentes municípios do estado da Bahia, localizado no nordeste brasileiro. As informações utilizadas foram as seguintes: altitude, precipitação anual, temperatura média anual, umidade relativa do ar (UR%) e classificação climática de Koppen, sendo os dados utilizados referentes aos anos de 1993 a 2015.

O estado da Bahia possui uma vasta extensão territorial, com 564.732.642 km², sendo o quinto maior estado brasileiro (IBGE, 2016) e maior do que muitos países do mundo. Para melhor ajuste, as estações climatológicas foram agrupadas de acordo com a mesorregião na qual o município está localizado, estando o estado da Bahia dividido em sete mesorregiões: Centro Norte Baiano; Centro Sul Baiano; Extremo Oeste Baiano; Metropolitana de Salvador; Nordeste Baiano; Sul Baiano e Vale São-Franciscano da Bahia (IBGE, 2010). Na tabela 1, estão apresentadas as informações coletadas de cada uma das estações climatológicas, bem como, a localização do município e a sua mesorregião.

Tabela 1. Dados climáticos e geográficos dos municípios baianos coletados por estações climáticas oficiais do INMET

Mesorregião	Município	Alt. (m)	Preci. (mm)	Temp. (°C)	UR (%)	Class. Koppen
Centro Norte	Feira de Santana	230,68	692,4	24,4	80,3	Am
Centro Norte	Irecê	747,16	544,2	23,6	59,8	BSwh
Centro Norte	Itaberaba	249,89	581,5	24,8	69,3	BSwh
Centro Norte	Jacobina	484,74	764,9	24,4	69,03	Aw'
Centro Norte	Morro do Chapéu	1003,27	609,8	20,7	73,9	Cwb
Centro Norte	Senhor do Bonfim	558,2	716,6	24,2	64,2	Aw'
Centro Sul	Caetité	882,47	748,1	22,7	62,9	Aw'
Centro Sul	Itiruçu	755,6	754,9	20,8	82,6	Cwb
Centro Sul	Ituaçu	531,43	560,9	24,3	64,2	BSwh
Centro Sul	Lençóis	438,74	1025,4	24,02	72,3	BSwh
Centro Sul	Vitória da Conquista	874,8	718,7	20,4	79,05	Cwb

Extremo Oeste	Barreiras	439,29	931,5	26,1	65,6	Aw
Extremo Oeste	Correntina	549,47	893,5	24,4	66,5	Aw
Extremo Oeste	Santa Rita de Cássia	450,3	926,9	25,5	59,7	Aw
Metropolitana	Cruz das Almas	225,87	1119,1	23,9	81,4	Af
Metropolitana	Salvador	51,41	1826,5	25,6	81,5	Af
Nordeste baiano	Alagoinhas	130,92	1047,9	25,3	79,5	AS
Nordeste baiano	Cipó	145,3	542,5	25,6	68,8	BSh
Nordeste baiano	Monte Santo	464,6	566,3	24,5	69,7	BSh
Nordeste baiano	Serrinha	359,53	730,7	24,3	74,8	Am
Sul Baiano	Canavieiras	3,87	1705,5	24,75	84,2	Af
Sul Baiano	Caravelas	2,88	1410,9	24,76	81,9	Af'
Sul Baiano	Guaratinga	194,67	1107,1	23,9	72,8	Am
Vale são Franciscano	Barra	401,58	641,5	26,9	55,7	BSwh
Vale são Franciscano	Bom Jesus da Lapa	439,96	774,6	26,6	59,6	Aw'
Vale são Franciscano	Carinhanha	450,18	773,05	25,6	57,9	BSwh
Vale são Franciscano	Paulo Afonso	252,69	473,25	26,2	65,4	BSh
Vale são Franciscano	Remanso	400,51	579,8	26,9	62,5	BSwh

* Alt: altitude; Preci: precipitação anual; Temp: temperatura média anual; UR: umidade relativa do ar (UR%), Class. Joppen: classificação climática de Koppen.

Para verificar similaridade entre as regiões homogêneas no estado, foi realizada a análise de agrupamento pelo método hierárquico *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean* (UPGMA), adotando-se a distância euclidiana média (Cruz & Carneiro, 2006) como medida de dissimilaridade, mediante o uso do programa Genes (versão 6.0). Para a geração do dendrograma foi utilizado o utilitário PAST 2.16 (Hammer et al. 2001). Foram consideradas homogêneas as mesorregiões que apresentaram formações de nódulos do dendrograma com bootstrap acima de 50% (ALMEIDA et al. 2013).

Com os resultados obtidos nessa análise, foram determinados os ambientes de criação para a realização do estudo da interação genótipo-ambiente (IGA). Os ambientes de criação foram definidos conforme a localização do município onde está situada a fazenda, sendo o município localizado na mesorregião no qual ele está situado.

Descrição dos dados:

Foram utilizadas informações de animais da raça Nelore criados no estado da Bahia, participantes do Programa de Melhoramento genético da Raça Nelore (Nelore Brasil), conduzido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O banco de dados foi constituído por animais de ambos os sexos, nascidos entre os anos de 1987 a 2015. Os principais objetivos de produção destes rebanhos são a comercialização de animais para o abate e a produção de matrizes e reprodutores geneticamente superiores. Os animais são mantidos em pastagens durante todo o ano, recebendo suplementação mineral e água *ad libitum*, as fêmeas são submetidas a estação de monta com duração de 90 a 120 dias, submetidas a inseminação artificial ou monta controlada. A desmama é realizada em torno de 6 a 8 meses.

Para as análises foram utilizadas informações de perímetro escrotal padronizada aos 365 (PE365), 450 (PE450) e 550 (PE550) dias de idade medida em centímetros, e da idade ao primeiro parto (IPP), mensurada em dias. As informações são de propriedades localizadas nos seguintes municípios baianos: Feira de Santana, Maracás, Entre Rios, Itagibá, Barreiras, Luís Eduardo Magalhães e Catu. Segundo a classificação de sua mesorregião, as propriedades foram agrupadas diante dos resultados obtidos na análise multivariada, os quais foram obtidas três regiões contrastantes geoclimaticamente. Os números de animais avaliados em cada uma das regiões formadas, bem como os valores de média e desvio-padrão para cada umas das características estudadas, encontram-se na tabela 2.

Tabela 2: Análise descritiva do arquivo para as três regiões estudadas.

Item	Região 1	Região 2	Região 3
Número de animais - PE365	1397	2294	4254
Número de animais - PE450	1401	2100	4132
Número de animais - PE550	303	1204	1559
Número de animais - IPP	981	800	3419
Média ± Desvio padrão - PE365	20,19 ± 3,14	19,30 ± 1,75	22,70 ± 2,41
Média ± Desvio padrão - PE450	22,86 ± 4,04	21,96 ± 2,31	26,28 ± 3,08
Média ± Desvio padrão - PE550	25,82 ± 4,75	25,12 ± 2,81	29,68 ± 3,56
Média ± Desvio padrão - IPP	985,99 ± 112,2	1094,60 ± 73,68	1013,10 ± 106,66

Análise estatística:

Os dados originais foram editados usando o programa SAS 9.2 (SAS Inst., Inc., Cary, NC), nele continha informações de 31801 animais, no entanto, para a preparação das informações necessárias ao presente estudo algumas restrições foram feitas: criação das estações de nascimento (1- Dezembro a Fevereiro; 2- Março a Maio; 3- junho a Agosto; 4- Setembro a Novembro), exclusão das informações dos animais que excederam a média ± 3 desvios-padrão para as características de interesse, criação dos grupos de contemporâneos (GC) com as informações de fazenda de criação, lote de manejo (Lote 365, 450 e 550), estação e ano de nascimento. Foram excluídas informações de GC com menos de 3 animais, assim como as informações de reprodutores com menos de 5 filhos, sendo garantido a conexão genética entre os ambientes avaliados.

Diante dos resultados obtidos na análise de agrupamento, o estado da Bahia foi subdividido em três regiões geoclimáticas distintas entre si. Portanto, as fazendas foram distribuídas de acordo com a localização do município de origem, sendo posteriormente distribuídos entre essas regiões recém formadas. A avaliação da IGA foi realizada entre essas três regiões sendo: região 1 (R1), constituída pelas fazendas localizadas nos municípios de Feira de Santana, Entre Rios e Maracás; a região 2 (R2) pelos municípios de Barreiras e Luís Eduardo Magalhães e a região 3 (R3) pelos municípios de Catu e Itagibá.

Para verificar a presença da IGA foram criados arquivos separados, onde a característica estudada é considerada diferente para cada ambiente de criação, desta maneira, os arquivos continham as seguintes informações: identificação do animal, identificação do touro e da vaca, GC para a característica, característica X na região R1, característica X na região R2, característica X na região R3. O arquivo de pedigree continha as informações de identificação do animal, touro e vaca.

Avaliação da interação:

As análises para identificar a presença da interação genótipo x ambiente (IGA), foram realizadas utilizando análises tri-característica, sendo cada característica considerada como diferente de acordo com a região onde os animais eram criados. Os dados foram analisados utilizando-se o programa computacional GIBBS2F90 (Misztal et al., 2014).

Na forma matricial, o modelo geral pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Za + e$$

em que y , β , a e e são, respectivamente, o vetor de observações, vetor dos efeitos sistemáticos (Seriam os fixos), vetor dos efeitos genéticos aditivo direto e vetor dos erros aleatórios; X e Z são, respectivamente, as matrizes de incidência que associam β e a às observações.

Os vetores β e a são parâmetros de locação de uma distribuição condicional $y | \beta$, a . Foi considerado *a priori* que β tem uma distribuição uniforme, que reflete um conhecimento prévio vago sobre este vetor. Aos demais componentes (efeitos aleatórios) foram atribuídas distribuições Wishart invertidas. Assim, a distribuição de y , dados os parâmetros de locação e escala, foi considerada como:

$$y | \beta, a, R \sim N [X\beta + Za, INR] \quad (\text{Van Tassel \& Van Vleck, 1996}).$$

Um total de 1,000,000 amostras foram geradas com um período de burn-in de 300,000, com amostras tomadas a cada 50 ciclos. A convergência foi verificada utilizando-se o programa POSTGIBBSF90 (Misztal, 2014). As médias das variâncias *a posteriori* estimadas para cada característica foram usadas para a estimação das herdabilidades e correlações médias *a posteriori*.

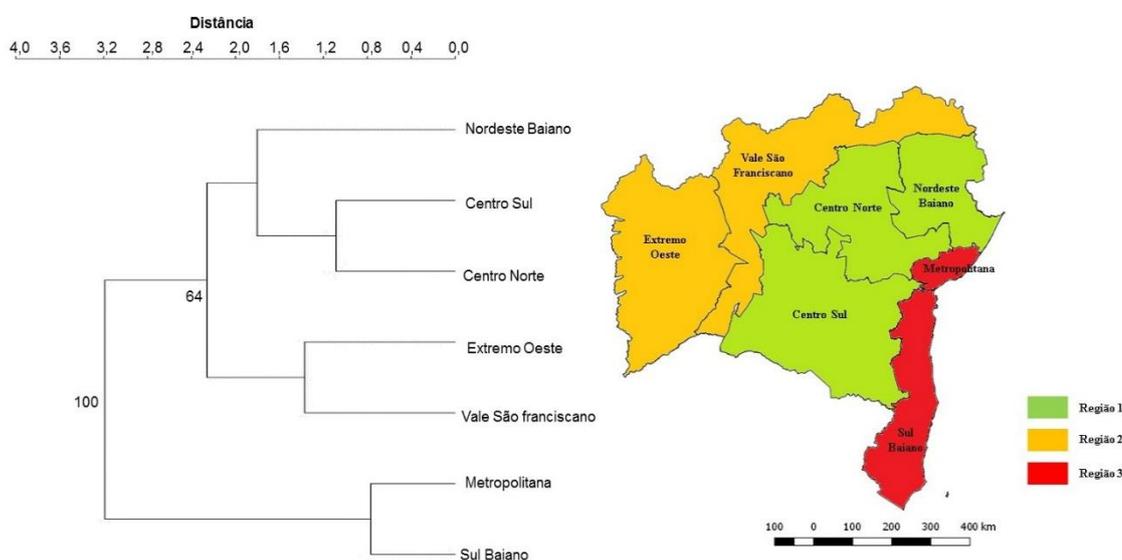
De acordo com Robertson et al. (1959), a identificação da presença da IGA é confirmada quando a correlação genética (r_g) para a característica é menor do que 0,8.

RESULTADOS:

Caracterização ambiental:

Diante dos resultados obtidos na análise de agrupamento realizada com os dados médios dos municípios localizados em cada mesorregião do estado da Bahia (Tabela 1), verifica-se que o mesmo pôde ser subdividido em três novas regiões (Figura 1) como observado pela formação do dendrograma e a nova subdivisão espacial do estado.

Figura 1. Dendrograma para a formação dos grupos homogêneos de regiões baianas e sua nova delimitação



Nota-se no dendrograma da figura 1, que foram formados dois grupos diferentes, onde foram obtidos 100% de bootstraps, desta forma, para a avaliação da IGA poderiam ser formados dois grupos diferentes de municípios, de acordo com a localização das fazendas entre as diferentes regiões do estado. No entanto, de acordo com Almeida et al. (2013), valores de bootstrap acima de 50% indicam maior confiança na formação dos nódulos do dendrograma, ou seja, há uma maior similaridade para as variáveis estudadas dentro desses grupos formados. Portanto, foram utilizados a diversidade ambiental para a formação de três diferentes regiões geoclimáticas no estado da Bahia, como observado no mapa apresentado na figura 1.

De acordo com a classificação das mesorregiões, os municípios onde estão localizadas as propriedades podem ser agrupadas da seguinte maneira: região 1 (R1), constituída pelas fazendas localizadas nos municípios de Feira de Santana, Entre Rios e

Maracás; a região 2 (R2) pelos municípios de Barreiras e Luís Eduardo Magalhães e a região 3 (R3) pelos municípios de Catu e Itagibá.

Avaliação da interação genótipo-ambiente:

Na avaliação tri-característica foram encontradas estimativas de herdabilidade (h^2) alta (Tabela 3) para o perímetro escrotal ajustado em diferentes idades ($h^2 > 0,4$). No entanto, para a idade ao primeiro parto este parâmetro genético se apresentou com valores de baixa a média magnitude ($h^2 < 0,2$), logo, espera-se para PE ganhos com seleção significativos nestes ambientes de criação, bem como, os efeitos genéticos aditivos apresentam importante contribuição para o desempenho da característica nos rebanhos avaliados.

Com o objetivo de verificar a existência da IGA para o perímetro escrotal ajustado em diferentes idades foi observado a presença de interação entre todas as regiões para o PE365, para o Pe450 a IGA está evidenciada entre as regiões R1 x R3, e R2 x R3. Porém para o PE550 só foi possível realizar a avaliação entre as regiões R2 x R3, devido ao reduzido número de animais presentes em R1, mesmo assim, foi encontrado efeito da interação entre as regiões ($r_g < 0,8$) (Tabela 3). No entanto, para a IPP foi encontrado a presença da IGA entre as regiões R1 x R2, e R2 x R3.

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância obtidos pela análise tri-característica para PE365 e IPP, e as estimativas das correlações genéticas (r_g) entre a mesma característica considerada como característica distinta entre as três regiões de estudo, R1, R2 e R3.

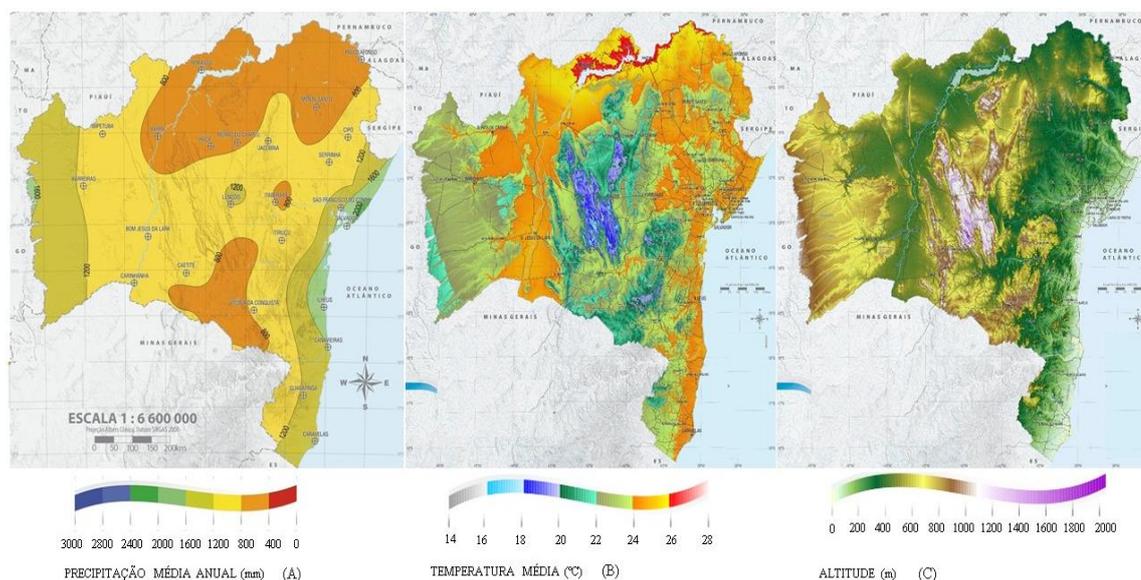
PE365							
	σ^2_A	σ^2_E	σ^2_P	h^2	R1	R2	R3
R1	2,1721	3,7316	5,9037	0,368	1	0,49	0,21
R2	1,1797	1,1901	2,3698	0,498		1	0,54
R3	1,4734	2,0055	3,4789	0,424			1
PE450							
	σ^2_A	σ^2_E	σ^2_P	h^2	R1	R2	R3
R1	2,8148	6,3233	9,1381	0,308	1	0,86	0,56
R2	2,3487	2,1844	4,5331	0,518		1	0,73
R3	2,5754	2,8205	5,3959	0,477			1
PE550							
	σ^2_A	σ^2_E	σ^2_P	h^2	R1	R2	R3
R1	5,7268	10,485	16,212	0,353	1	-	-
R2	3,7170	2,7212	6,4382	0,578		1	0,75
R3	3,2678	3,6495	6,9173	0,472			1
IPP							
	σ^2_A	σ^2_E	σ^2_P	h^2	R1	R2	R3
R1	1545,8	31058	32603,8	0,047	1	0,69	0,95
R2	7033,1	15597	22630,1	0,311		1	0,43
R3	2829,4	12661	15490,4	0,183			1

σ^2_A = Variância genética aditiva; σ^2_E = Variância residual; σ^2_P = Variância fenotípica; h^2 = herdabilidade; r_g = correlação genética em negrito.

DISCUSSÃO:

Diante da extensão territorial e diversidade geoclimática do estado da Bahia (Figura 2), nota-se que há uma diferença entre os ambientes e manejos adotados para a criação de bovinos de corte entre as suas diferentes regiões. Como apresentado na figura 1, o estado foi subdividido em três regiões contrastantes no que tange as variáveis estudadas. No entanto, vale ressaltar que se houvesse a disponibilidade de maior quantidade de informações geoclimáticas oficiais de outros municípios, bem como, se fosse possível identificar a presença de microclimas dentro das regiões, possivelmente maiores números de regiões contrastantes poderiam ser obtidas nas análises.

Figura 2. Mapa da Bahia com informações de precipitação (A); temperatura média anual (B) e relevo (C), obtidos entre os anos de 1961 e 1990 de estações climáticas oficiais do INMET.



FONTE: Adaptado de Secretaria de Ciência e tecnologia do estado da Bahia. (http://www.secti.ba.gov.br/atlasWEB/mapas_eolicos.html)

Quando verificado as estimativas de herdabilidade (Tabela 3), verifica-se que as características apresentaram h^2 de baixa a alta magnitude 0,047 - 0,578 para PE nas diferentes idades e IPP. Para o perímetro escrotal, em todas as idades analisadas, as estimativas de h^2 foram elevadas, indicando que a seleção é um método eficaz para o incremento do desempenho dessa característica nos rebanhos avaliados. Estes resultados são corroborados pelos apresentados por Buzanskas et al. (2017) para animais da raça Nelore criados em diferentes regiões do Brasil, o qual encontrou h^2 de alta a moderada

magnitude para as características, sendo 0,31, 0,38 e 0,24 para PE365, PE450 e IPP respectivamente. Resultados semelhantes foram obtidos por Lemos et al. (2015) para animais da mesma raça distribuídos em rebanhos localizados nas regiões norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil, para os quais de acordo com o gradiente ambiental as estimativas de h^2 foram de média a alta magnitude para a perímetro escrotal (0,32-0,51) e de baixa a média magnitude para a IPP (0,05-0,47).

Ambrosini et al. (2016) encontraram estimativas de h^2 entre 0,06-0,13 para IPP, que variaram de acordo com o gradiente ambiental, para fêmeas Nelore criadas na região Nordeste do Brasil. Assim como Sousa et al. (2015) que encontraram valores de h^2 de baixa magnitude para animais criados na região meio norte brasileira, com estimativa de h^2 igual a 0,026, ou seja, evidenciando que os efeitos genéticos aditivos são pouco pronunciados para o desempenho da característica.

Diante dos elevados valores estimados para a herdabilidade dessas características, esperava-se que a IGA não apresentasse tal importância, como foi encontrado, uma vez que diante das altas estimativas da h^2 verifica-se que os efeitos genéticos aditivos são os de maior importância para a determinação do fenótipo. Dessa maneira, os resultados vão de encontro aos reportados na literatura, onde os perímetros escrotais (PE) mensurados em diferentes idades não sofrem efeitos significativos da IGA, como reportado nos estudos de Matos et al. (2013), Chiaia et al. (2015), Lemos et al. (2015) e Raidan et al. (2015). Esses resultados divergentes aos reportados na literatura podem ser justificados pelo contrastante tamanho da amostra avaliada em cada uma das regiões (Tabela 2), bem como, devido a divergências no manejo geral adotado nas diferentes regiões avaliadas, uma vez que estudos semelhantes nestas regiões nunca foram realizados anteriormente.

Para a idade ao primeiro parto das matrizes, os resultados obtidos para avaliação da interação genótipo-ambiente chamam atenção, haja vista que a interação foi identificada para as combinações que envolveram a região 2. Apesar da herdabilidade encontrada para essa região ser de moderada magnitude (0,311), o menor número de fêmeas avaliadas para a característica encontra-se nessa região (800). Uma hipótese para o resultado está na caracterização climática da região, devido ao maior contraste ambiental entre as fazendas dessa região com as demais, uma vez que nessa região localizam-se municípios com elevadas temperaturas médias anuais e baixos índices pluviométricos (Figura 2), além de possuir a época das águas concentrada em período diferente das outras

mesorregiões. No entanto, entre as regiões 1 e 3 não foi evidenciado o efeito da IGA, possivelmente tal resultado se deva a maior similaridade entre os ambientes de produção fornecidos pelas propriedades distribuídas entre essas regiões, ou então, a melhor distribuição das progênes dos mesmos reprodutores entre as regiões.

Os resultados encontrados ganham maior embasamento quando verificado os encontrados por Ambrosini et al. (2016), avaliando animais da mesma raça distribuídos em diferentes rebanhos localizados em estados da região Nordeste do Brasil, em que foram encontrados efeitos significativos da IGA sobre a IPP nas matrizes criadas sob diferentes gradientes ambientais. Diante da conclusão obtida pelo autor, nota-se que o presente estudo está em consonância com a realidade da região.

Também foi encontrado evidências da IGA sobre a IPP das matrizes por Silveira et al. (2014), realizando avaliação entre três diferentes regiões do estado do Mato Grosso do Sul, encontrando efeito significativo da interação entre as três regiões. Esses resultados são similares aos obtidos no presente estudo, demonstrando que um estado com vasta extensão territorial como a Bahia e o Mato Grosso do Sul, apresentam diferentes condições de ambiente (Figura 2) que podem interferir na resposta do desempenho fenotípico dos indivíduos criados em diferentes regiões dos estados.

Como proposto por Raidan et al. (2015), características de baixa herdabilidade estão mais susceptíveis aos efeitos da IGA, o que pôde ser confirmado diante dos resultados encontrados, sendo a herdabilidade da IPP obtidas nas três diferentes regiões avaliadas de baixa a moderada magnitude. No entanto, tal afirmativa não se aplica para os resultados obtidos para os perímetros tomados em diferentes idades. O presente estudo indica que a interação genótipo-ambiente está presente sobre as características estudadas no estado da Bahia, evidenciando que diferentes grupos gênicos estão envolvidos na determinação dessas características de acordo com a região onde os animais estão mantidos. Portanto, a presença da interação entre as regiões do estado, indicam que progênes de animais geneticamente superiores em uma dessas regiões, podem não expressar resultados semelhantes caso suas progênes sejam mantidas em uma região diferente do estado.

CONCLUSÕES:

A análise de agrupamento evidenciou que o estado da Bahia apresenta três regiões geoclimáticas distintas. Para os animais da raça Nelore criados nesse estado, a característica perímetro escrotal em diferentes idades apresenta alta herdabilidade e sofrem interação genótipo-ambiente entre as regiões avaliados do estado da Bahia. A idade ao primeiro parto, apesar de ser uma medida indicativa da fertilidade em matrizes, apresenta baixa herdabilidade e também sofre interação genótipo-ambiente (fator não considerado na avaliação genética da raça) podendo ocasionar erros de seleção dependendo da região onde ela é feita. Os resultados apresentam aplicação prática, no entanto, recomenda-se realizar novos estudos com maior número de animais avaliados entre as diferentes regiões desse estado.

REFERÊNCIAS:

- ALMEIDA E, C, J.; CARNEIRO, P.L.S.; AMAURI ARIAS WENCESLAU, A.A.; RONALDO VASCONCELOS FARIAS FILHO, R.V.; MALHADO, C.H.M. Características de carcaça de galinha naturalizada Peloco comparada a linhagens de frango caipira. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.48, n.11, p.1517-1523, nov. 2013.
- AMBROSINI, D. P.; et al. Interação genótipo × ambiente para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. **Pesq. agropec. bras.** Brasília, v. 47, n. 10, p. 1489-1495, Oct. 2012.
- AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F.; CARNEIRO, P.L.S. Genotype x environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brasil. **Trop. Anim. Health Prod.** v.48, p.1401-1407, 2016.
- BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Neore. **R. Bras. Zootec.**, v.36, n.3, p.565-571, 2007.
- BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FORMIGONNI, I.B. Desenvolvimento o de índice de seleção em gado de corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Arquivos de Zootecnia**, v.60, p.205-213, 2011.
- BUZANSKAS, M.E.; PIRES, P.S.; CHUD T.C.S., BERNARDES P.A., ROLA L.D., SAVEGNAGO R.P., LOBO R.B., MUNARI D.P. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v.92, p. 204-209. 2017.
- CARVALHO, C.V.D. & BITTENCOURT, T.C.C. Breeding objectives for a Nelore cattle rearing system. **Pesq. agropec. bras.**, v.50, n.9, p.814-820, set. 2015.
- CHIAIA, H.L.; LEMOS, M.V.; VENTURINI, G.C.; ABOUJAOUDE, C.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.B.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L.G.; OLIVEIRA, H.N.; BALDI, F. Genotype × environment interaction for age at first calving, scrotal circumference, and yearling weight in Nelore cattle using reaction norms in multitrait random regression models. **J Anim Sci.** Apr;93(4):1503-10. 2015.
- CHUD, T.C.S.; CAETANO, S.L.; BUZANSKAS, M.E.; GROSSI, D.A.; GUIDOLIN, D.G.F.; NASCIMENTO, G.B. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nelore beef cattle. **Livest. Sci.**, v.170, p. 16-21. 2014.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: Ed. da UFV, 585p, 2006.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J. Seleção de *Bos indicus* para precocidade sexual. **Rev Bras Reprod Anim**, v.31, p.167-171, 2007.
- FERREIRA, J. L.; LOPES, F.B.; GARCIA, J.A.S.; SILVA, M.P.B.; NEPOMUCENO, L.L.; MARQUES, E.G.; SILDA, M.C. Climate spatialization and genotype-environment interaction effects on weaning weights of Nelore cattle in extensive systems in tropical regions of Brazil. **Ciênc. anim. bras.**, Goiânia , v. 18, e39597, 2017 .

FERREIRA, J.L.; LOPES, F.B.; ASSIS, A.S.; LÔBO, R.B. Espacialização climática e análise de dados longitudinais de bovinos Nelore criados nos Estados do Maranhão, Pará e Tocantins por meio de técnicas univariadas e multivariadas. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 4, p. 2197-2210, jul./ago. 2014.

HAMMER, Ø., HARPER, D.A.T., AND P. D. RYAN. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica** 4(1): 9pp, 2001.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Área territorial Brasileira.

Disponível em:

http://www.ibge.gov.br/home/geociencias/cartografia/default_territ_area.shtm >.

Acessado em 22 de março de 2017.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Características da População e dos Domicílios: Resultados do Universo, Censo 2010. Disponível em:

http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/populacao/censo2010/caracteristicas_da_populacao/caracteristicas_da_populacao_tab_municipios_zip_xls.shtm > Acessado em 17 de abril de 2017.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Pesquisa Agropecuária municipal de 2015. Disponível em:

<http://www.ibge.gov.br/estadosat/temas.php?sigla=ba&tema=pecuaria2015> >

Acessado em 15 de abril de 2017.

IRANO, N.; CAMARGO, G.M.F.; COSTA, R.B.; TERAKADO, A.P.N.; MAGALHÃES, A.F.B.; SILVA, R.M.O.; DIAS, M.M.; BIGNARDI, A.B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Genome-wide Association study for Indicator Traits of Sexual Precocity in Nelore Cattle. **PLoS ONE** 11(8): e0159502, 2016.

JORGE JÚNIOR, 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 de Zootecnia**, v.36, p.1549-1558, 2007.

LEMONS, M.V.V; CHIAIA, H.L.J.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.L.B.; ABOUJAOUDE, C.; VENTURINI, G.C.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BALDI, F. Reaction norms for the study of genotype-environment interaction for growth and indicator traits of sexual precocity in Nelore cattle. **Genetics and Molecular Research**. v.4, n.2, p. 7151-7162, 2015.

MATTAR, M.; ALENCAR, M.M.; CARDOSO, F.F.; FERRAUDO, A.S.; SILVA, L.O.C; ESPASANDIN, A.C. Utilização de técnicas estatísticas multivariadas para definição de ambiente de produção do peso ao sobreano para o estudo da interação genótipo-ambiente em bovinos Canchim. **Anais**. 45ª Reunião da Sociedade brasileira de Zootecnia, Lavras, MG, UFLA, , p.1-3, 2008.

McMANUS, C.; BARCELLOS, J.O.J.; FORMENTON, B.K.; HERMUCHE, P.M.; CARVALHO, O.A.JR.; GUIMARÃES, R. Dynamics of Cattle Production in Brazil. **PLoS ONE** 11(1):e0147138, 2016.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; AGUILAR, I.; LEGARA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of

Georgia. Manual for BLUPF90 family of programs. Georgia: Athens: University of Georgia. 2014.

NEPOMUCENO, L. L.; LIRA, T.S.; LOPES, F.B.; LÔBO, R.B.; FERREIRA, J.L. Interação genótipo-ambiente para características sob efeito maternal na raça Nelore nos estados do Maranhão, Mato Grosso e Pará. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.14, n.2, p.269-276 abr./jun., 2013.

RAIDAN, F.S.S.; PASSAFARO, T.L.; FRAGOMENI, B.O.; JOSAHKIAN, L.A.; PEREIRA, I.G.; TORAL, F.L.B. Genotype \times environment interaction in individual performance and progeny tests in beef cattle. **J. Anim. Sci.** v.93, p.920–933, 2015.

ROBERTSON, A. The sampling variance of genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469- 485, 1959.

SILVEIRA, M. V., SOUZA, J.C. DE, SILVA, L.O.C., FREITAS, J.A., GONDO, A., FERRAZ FILHO, P.B. Interação genótipo x ambiente sobre características produtivas e reprodutivas de fêmeas nelore. **Arquivo Zootecnia**. n.63, p.223–226, 2014.

SOUSA, G.G.T.; SANTOS, K.R.; CAMPELO, J.E.G.; OLIVEIRA, M.R.A.; PIRES, L.C.; PEREIRA, R.J.; SOUSA, R.P.R.; SOUSA JÚNIOR, S.C. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características reprodutivas de fêmeas Nelore na região meio norte do Brasil. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.16, n.2, p.290-299. abr./jun., 2015.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.L.; GONDO, A. Interação genótipo-ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **R. Bras. Zootec.** v.33, p.1445-1455, 2004.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK, L.D. Multiple-trait gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. **Journal Animal Science**, v.74, p.2586-2597, 1996.

CAPÍTULO 3

Influência de marcadores do tipo SNP localizados no cromossomo X sobre a precocidade sexual de fêmeas da raça Nelore

INFLUÊNCIA DE MARCADORES DO TIPO SNP LOCALIZADOS NO CROMOSSOMO X SOBRE A PRECOCIDADE SEXUAL DE FÊMEAS DA RAÇA NELORE

RESUMO:

O objetivo desse estudo foi identificar regiões do cromossomo X que estão associadas com a expressão das características: ocorrência de prenhez precoce (P16) e idade ao primeiro parto (IPP) em novilhas da raça Nelore, via teste de associação genômica ampla (GWAS) utilizando marcadores SNPs. Foram utilizadas informações fenotípicas de 76.845 e 76.700 para P16 e IPP, as informações genotípicas utilizadas foram de 1999 fêmeas. Utilizou-se a metodologia single step (WssGBLUP), sendo selecionadas as cinco janelas, com 150 SNPs adjacentes, que explicaram a maior proporção da variância genética, bem como, foi verificado o desequilíbrio de ligação (LD) dos maiores cromossomos da espécie *Bos taurus indicus*, ou seja, cromossomos 1, 2 e X. Os resultados encontrados indicaram que há indícios de efeito dos genes *KLHL4*, *FGF13* e *PCDH11X* sobre a característica P16, e dos genes *KLHL4*, *FGF13* e *TENM1* sobre a IPP. Indicando efeito pleiotrópicos dos genes *KLHL4* e *FGF13*, sendo, portanto, responsáveis também pela correlação genética existente entre as características. Enquanto para o LD, foi verificado que o maior valor encontra-se no cromossomo X, $0,2248 \pm 0,17$, quando comparado com os outros avaliados, $0,1965 \pm 0,14$ e $0,1967 \pm 0,14$, para os cromossomos 1 e 2 respectivamente.

Palavras-chave: Bovinos de corte, GWAS, Idade ao primeiro parto, ocorrência de prenhez precoce,

INFLUENCE OF X CHROMOSOME ON THE REPRODUCTIVE PRECOCITY OF ZEBU FEMALES BY SNP MARKERS

ABSTRACT:

The objective of this study was to identify regions of the X chromosome that are associated with the expression of traits: early pregnancy (P16) and age at first calving (AFC) in Nellore heifers, using genome-wide association study (GWAS) using SNP markers. Phenotypic information of 76,845 and 76,700 were used for P16 and AFC, the genotypic information used was from 1999 females. The single-step method (WssGBLUP) was used, and five windows of 150 adjacent SNPs were selected, which explained the highest proportion of the genetic variance, as well as the linkage disequilibrium (LD) of the largest chromosomes of *Bos Taurus indicus*. The results indicate that there are indications of the effect of the KLHL4, FGF13 and PCDH11X genes on the P16 trait, and the KLHL4, FGF13 and TENM1 genes on AFC. It also indicates pleiotropic effects of the KLHL4 and FGF13 genes, being therefore also responsible for the genetic correlation between the traits. Regarding the LD, the highest value was found on the X chromosome, 0.2248 ± 0.17 , when compared with the other, 0.1965 ± 0.14 and 0.1967 ± 0.14 , for chromosomes 1 and 2 respectively.

Keywords: Beef cattle, GWAS, Age first calving, early pregnancy

INTRODUÇÃO:

A produção de carne bovina em regiões tropicais tem como uma das bases do sistema de produção a escolha de raças zebuínas. Isso se deve principalmente às características inatas de termorregulação e resistência a parasitas. Apesar de possuírem características de adaptação excelentes, essas vacas apresentam desempenho produtivo e reprodutivo inferior quando comparadas às raças taurinas. A melhora desses índices zootécnicos garante maior lucratividade do setor. Estudos mostram que, em propriedades cuja produção destina-se à produção de bovinos da raça Nelore no Brasil, há elevado retorno econômico associado ao aumento das taxas de desmame, considerando-se um bom critério de seleção (JORGE JR. et al. 2007; CARVALHO & BITTENCOURT, 2015).

A melhoria desse critério de seleção, é reflexo do bom desempenho reprodutivo das fêmeas do rebanho. A esse fato, corroboram-se os resultados encontrados por Brumatti et al. (2011) no qual características reprodutivas apresentaram maior importância econômica no rebanho, podendo ser até 13 vezes superiores às características de crescimento e carcaça em estudo com animais da raça Nelore. A importância delas é verificada em sistema de produção intensivo de clima temperado em que Pravia et al. (2014) concluíram que as características reprodutivas são três vezes mais importantes economicamente do que as características de crescimento e eficiência alimentar.

Com o objetivo de incrementar o desempenho reprodutivo do rebanho, sobretudo a manifestação da precocidade reprodutiva das matrizes, têm-se utilizado como critérios de seleção características indicativas, dentre as quais, destacam-se a ocorrência de prenhez precoce e a idade ao primeiro parto (BALDI et al. 2008; IRANO et al. 2016; CLAUS et al. 2017). Fêmeas, que parem precocemente, reduzem o intervalo de geração e contribuem para o ganho genético; além de serem mais longevas e desmamarem bezerros mais pesados do que fêmeas que parem mais tardiamente (TERAKADO et al. 2015).

A característica ocorrência de prenhez precoce (P16), geralmente é avaliada entre os 14-18 meses de idade, período no qual a novilha é exposta ao touro (MATTAR et al. 2007). A resposta para esta característica tem natureza binária, onde os resultados possíveis são da novilha estar prenhe (1) ou não-prenhe (2). Dentre as vantagens desta

característica, destacam-se a simplicidade em obtenção da sua resposta, realizada com um exame de diagnóstico gestacional, e por apresentar altas estimativas de herdabilidade (h^2), próximo a 0,45 (MEIRELLES et al. 2009; BOLIGON & ALBUQUERQUE 2011; ELER et al. 2012; GARCIA et al. 2012).

Porém, a idade ao primeiro parto (IPP), uma das características mais utilizadas como indicativo da precocidade reprodutiva para as fêmeas, está fortemente associada à P16, correlação genética estimada (r_g) igual a -0,85 (ELER et al. 2014), tem apresentando média para a raça Nelore entre 1045-1449,59 dias, com estimativas de h^2 de baixa magnitude, oscilando entre 0,06-0,15 (BOLIGON et al. 2008; LEMOS et al. 2015; SOUSA et al. 2015; AMBROSINI et al. 2016; BUZANSKAS et al. 2017).

As limitações na identificação das fêmeas reprodutivamente precoces, principalmente devido à idade avançada em que essa característica se expressa, fazem com que novas metodologias sejam utilizadas para auxiliar na identificação desses indivíduos. Dessa maneira, estudos de associação genômica ampla (GWAS) buscam identificar genes que estão relacionados com a determinação dessas características. Assim, entende-se melhor o processo biológico por trás da expressão das características e fomenta-se a busca por marcadores genéticos em regiões previamente sinalizadas que possam a ser utilizadas em seleção genômica.

No entanto, esses estudos não costumam avaliar os marcadores localizados nos cromossomos sexuais nas avaliações realizadas em bovinos de leite e de corte (IRANO et al. 2016; REGATIERI et al. 2017). Em geral, os cromossomos sexuais são excluídos da associação, dada a natureza da compensação de dose do X nas fêmeas que não pode ser considerada e pelo fato do macho ser hemizigoto para o X (COULDREY et al. 2017). São poucos os estudos que fazem a incorporação desse cromossomo (MCDANELD et al. 2014, SU et al. 2014; LYONS et al. 2014; DE CAMARGO et al. 2015a; MAO et al. 2016, SEABURY et al. 2017). O cromossomo X, além de sua participação biológica conhecida na reprodução, é o segundo maior cromossomo do genoma, contendo, portanto muitos genes e que podem estar influenciando vários fenótipos. Assim, seu estudo faz-se muito interessante.

Em papel específico, o cromossomo X tem função descrita na fertilidade de fêmeas de mamíferos, mais precisamente na produção de oócitos. As fêmeas inativam um dos seus cromossomos X para compensar a dose a mais de material genético quando

comparada com os machos (COULDREY et al. 2017). Todavia, nas ovôgonias, ambos os cromossomos X estão ativos e participam de sobremaneira na função ovariana e no estoque de folículos (TONIOLO & RIZZOLIO, 2007), sendo que vacas com monossomia de X são inférteis (BERRY et al. 2017).

Segundo Fortes et al. (2013), Lyons et al. (2014), Abdel-shafy et al. (2014) e Teixeira et al. (2017), existem genes relacionados com características produtivas e reprodutivas que estão localizados nos cromossomos sexuais. Tal afirmativa é ratificada por estudos de seleção genômica, que demonstraram uma elevação das estimativas de acurácia com a inclusão das informações contidas no cromossomo X, apresentando aumento nestas estimativas variando entre 0,3 e 0,5% (SU et al. 2014).

Sendo assim, esse trabalho tem como objetivo estimar o desequilíbrio de ligação para o cromossomo X e identificar via associação genômica ampla (GWAS), regiões do cromossomo associadas as características indicadoras de precocidade sexual de fêmeas da raça Nelore por meio da metodologia do single step, fornecendo embasamento para melhor compreensão da influência dos genes localizados nesse cromossomo que afetam as características reprodutivas em fêmeas bovinas, tentando unir conhecimento biológico a subsídios para avaliações genéticas futuras.

MATERIAL E MÉTODOS:

Dados fenotípicos:

Os dados utilizados foram provenientes de oito fazendas distribuídas entre as regiões Sudeste e Nordeste do Brasil, participantes dos programas de melhoramento genético de bovinos de corte DeltaGen®. Sendo os principais objetivos das propriedades a venda de reprodutores jovens e animais para abate.

A estação de monta para vacas tem duração de, aproximadamente, 70 dias. Para as novilhas de 14 a 16 meses de idade, realiza-se uma estação de monta antecipada, entre os meses de fevereiro e abril, com duração de, aproximadamente, 60 dias. Todas as novilhas são expostas à reprodução independentemente do peso e da condição corporal. Os sistemas de acasalamentos utilizados são inseminação artificial, monta controlada e reprodutor múltiplo, com relação touro:vaca de 1:50. As épocas de nascimento dos bezerros concentram-se de agosto a outubro e de novembro a janeiro, e os mesmos são mantidos com suas mães até os sete meses de idade, a pasto. As novilhas são avaliadas quanto à prenhez por palpação retal, aproximadamente, 60 dias após o término da estação de monta antecipada. Novilhas que não concebem na estação de monta antecipada são expostas novamente à reprodução aos dois anos de idade. Os critérios de descarte de fêmeas no rebanho são: falha reprodutiva até os dois anos de idade, falha da vaca em um ano, baixa avaliação de desempenho de progênie e, uma pequena percentagem, por problemas de sanidade.

As características indicadoras de precocidade sexual das novilhas utilizados neste trabalho, foram a ocorrência de prenhez precoce (P16) e a idade ao primeiro parto (IPP) em dias. A característica P16 é definida com base na concepção e parto da novilha, desde que a novilha tenha entrado em estação de monta até os 16 meses de idade. Sendo assim, é atribuído o valor de 1 (sucesso) as novilhas que pariram a menos de 31 meses de idade e aplicado o valor 0 (falha) para novilhas que falharam, ou seja, aos animais que pariram após 31 meses de idade.

Os dados foram editados usando o programa SAS 9.2 (SAS Inst., Inc., Cary, NC), para a criação dos grupos de contemporâneos (GC), para controle dos efeitos fixos, sendo necessárias a realização de algumas restrições: criação das estações de nascimento (1- Dezembro a Fevereiro; 2- Março a Maio; 3- junho a Agosto; 4- Setembro a Novembro), exclusão das informações dos animais que excederam a média ± 3 desvios-padrão para a

IPP. Os GC foram formados incluindo as informações de fazenda, safra e estação de nascimento. Foram excluídos os GC com menos de 3 animais.

Nas análises, as duas características utilizaram no modelo como efeitos aleatórios os componentes genético aditivo e residual, sendo o CG incluído como efeito fixo. A IPP, característica que apresentou distribuição normal, foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (REML). Para a P16, utilizou-se o modelo animal genético aditivo de limiar, aplicando-se a inferência bayesiana. A Tabela 1 apresenta o número de animais utilizados na análise e os resultados da estatística descritiva das características estudadas. Foram utilizados dados fenotípicos de 76.845 e 76.700 para P16 e IPP, respectivamente, na análise.

Tabela 1: Estatística descritiva e herdabilidade para as características indicadoras de precocidade sexual em matrizes da raça Nelore.

Característica	Nº de animais	Média	Mínimo	Máximo	h²*
P16(%)	76.845	21,6%	-	-	0,46
IPP	76.700	1038,44	700	1200	0,15

* Incluindo informações genômicas.

Dados genotípicos:

Os dados de genótipos foram formados por informações de 2017 fêmeas, nascidas entre os anos de 2007 e 2009, e que apresentaram resultado positivo no diagnóstico de gestação. Estes animais foram genotipados com o SNP chip da Illumina de alta densidade, (Bovine HD Assay Illumina, San Diego, CA, USA), que contem 777,962 SNPs. Foram adotados como critérios de qualidade para os genótipos SNPs com MAF < 0,05, call rate < 0,90 e a exclusão de SNPs monomórficos. Após a aplicação dos controles de qualidade adotados, foram utilizadas informações de 1999 animais e de 466205 SNPs. Apenas os resultados do cromossomo X foram apresentados, sendo esse o objetivo do presente estudo. Estudos de associação genômica ampla, com características reprodutivas, usando total ou parcialmente o banco de dados foram feitas anteriormente usando diversas metodologias (MELO et al. 2017; REGATIERI et al. 2017; IRANO et al. 2016; COSTA et al. 2015).

Análise de dados:

As estimativas dos efeitos dos SNPs foram obtidas utilizando-se a metodologia single-step ponderado (WssGBLUP), proposta por Wang et al. (2012). Os fenótipos observados das características P16 e IPP foram utilizados como variáveis dependentes.

Todos os animais com genótipo e fenótipo disponíveis, além dos que tinham informação apenas do fenótipo, foram utilizados aplicando-se modelo animal uni-característica para prever os valores genéticos:

$$y = Xb + z_{\alpha}a + e$$

em que, y é o vetor de fenótipos observados tanto dos animais genotipados quanto dos animais não genotipados; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; b é o vetor dos efeitos fixos, incluindo grupo de contemporâneos e, como covariável, para IPP; z_{α} é a matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos; a é o vetor aleatório dos efeitos genéticos aditivos; e e é o vetor dos efeitos residuais. Para a característica P16 foi assumido modelo de limiar, sendo que este relaciona o fenótipo observado na escala categórica com uma escala subjacente normal contínua.

Para os efeitos genéticos é assumido que $a \sim N(0, \mathbf{H}\sigma_a^2)$, em que \mathbf{H} é a matriz de parentesco baseada tanto na informação genômica quanto na informação de pedigree e σ_a^2 é a variância genética aditiva. Para os efeitos residuais, assumiu-se que $e \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, em que \mathbf{I} é uma matriz identidade e σ_e^2 é a variância residual. Como σ_e^2 não é estimável na escala subjacente (GIANOLA; FOULLEY, 1983), foi atribuído o valor 1 para a σ_e^2 , para a característica P16. A matriz \mathbf{H} possui a seguinte inversa (AGUILAR et al., 2010):

$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

em que, A é a matriz do numerador do coeficiente de parentesco baseada no pedigree para todos os animais; A_{22} é a matriz do numerador do coeficiente de parentesco baseada no pedigree somente para os animais genotipados; e G é a matriz de parentesco genômica para os animais genotipados, calculada conforme apresentado por VanRaden (2008).

$$G = ZDZ'\lambda$$

em que, Z é a matriz obtida da subtração da matriz de genótipos \mathbf{M} pela matriz \mathbf{P} que contém a frequência alélica do segundo alelo; D é uma matriz diagonal de pesos para as variâncias dos SNPs; e λ é uma razão de variâncias ou uma constante de normalização (VANRADEN, 2008):

$$\lambda = \frac{\sigma_u^2}{\sigma_a^2} = \frac{1}{\sum_{i=1}^M 2p_i(1-p_i)}$$

em que, M é o número de SNPs e p_i é a frequência alélica do segundo alelo do marcador i .

As soluções dos efeitos dos SNPs (\hat{u}) foram obtidas a partir dos valores genéticos, seguindo o algoritmo de Wang et al. (2012). Com um total de três interações, dessa forma, a matriz foi recalculada para a predição dos efeitos dos SNPs a cada iteração, enquanto o foi obtido uma única vez, não sendo alterado durante as iterações. Os programas da família BLUPF90 (MISZTAL, 2012) foram utilizados para as análises de WssGBLUP.

A análise para P16 foi executada por abordagem Bayesiana e consistiu em uma única cadeia de 500.000 ciclos, com um burn-in conservativo de 100.000 ciclos. O período de descarte amostral foi de 50, assim 9.000 amostras foram efetivamente utilizadas. Os resultados das análises de GWAS foram apresentados com base na proporção da variância explicada por janelas de 150 SNPs adjacentes. Foram identificadas as 5 janelas que capturaram a maior proporção da variância explicada pelos marcadores para ambas as características no cromossomo X.

Foram calculados os desequilíbrios de ligação (LD) para os maiores cromossomos, ou seja, os cromossomos 1, 2 e o X. O LD entre dois SNPs foi avaliado usando o r^2 e o valor absoluto de D' . Sendo o valor de r^2 calculado (HILL & ROBERTSON, 1968) pela expressão:

$$r^2 = \frac{(freq.AB * freq.ab - freq.Ab * freq.aB)^2}{(freq.A * freq.a * freq.B * freq.b) * (D)^2}$$

Onde,

$$D = freq.AB - freq.A * freq.B$$

e

$$D' = \begin{cases} \frac{D}{\min(freq.A * freq.b, freq.a * freq.B)} \wedge \text{if } D > 0 \\ \frac{D}{\min(freq.A * freq.B, freq.a * freq.b)} \wedge \text{if } D < 0 \end{cases}$$

Neste caso, $freq.A$, $freq.a$, $freq.B$ e $freq.b$ são as frequências dos alelos A, a, B e b, respectivamente. E $freq.AB$, $freq.ab$, $freq.aB$ e $freq.Ab$ são as frequências dos haplótipos AB, ab, aB e Ab, respectivamente, na população. Se dois loci são

independentes, a frequência estimada do genótipo AD (freq..AB) é calculada como o produto entre a freq.A e freq.B. Uma freq.AB maior ou menor do que o valor esperado indica que estes dois loci em particular tendem a segregar juntos e estão em DL.

Para a identificação dos genes foi utilizada a ferramenta Map Viewer do genoma bovino disponível no NCBI, utilizando o mapa de referência UMD 3.1.1 (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9913&build=104.0). Foram considerados somente os genes que estavam dentro das janelas de 150 SNPs. Foi realizada pesquisa manual para conhecimento da função dos genes identificados, afim de entender a ação desses genes sobre as características estudadas.

RESULTADOS:

Apresentam-se as cinco janelas localizadas no cromossomo X que mais explicaram a variância genética aditiva para P16 e IPP. Essas podem ser observadas nas Figuras 1 e 2, que apresentam as distribuições das janelas compostas por 150 SNPs adjacentes. As janelas selecionadas representaram 0,094% e 0,134% da variância genética aditiva total, para P16 e IPP respectivamente (Tabelas 2 e 3).

Figura1. Manhattan Plot para ocorrência de prenhez precoce (P16) em matrizes da raça Nelore. O eixo y representa a proporção da variância explicada pelas janelas de 150 SNPs adjacentes e a identificação do cromossomo está indicado no eixo x.

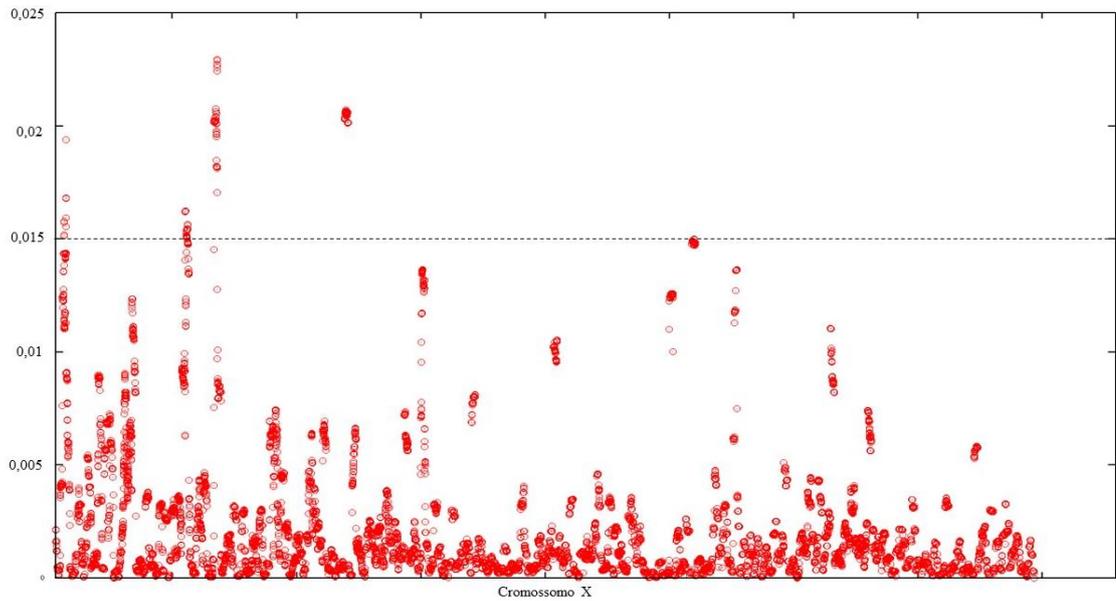


Figura2. Manhattan Plot para idade ao primeiro parto (IPP) em matrizes da raça Nelore. O eixo y representa a proporção da variância explicada pelas janelas de 150 SNPs adjacentes e a identificação do cromossomo está indicado no eixo x.

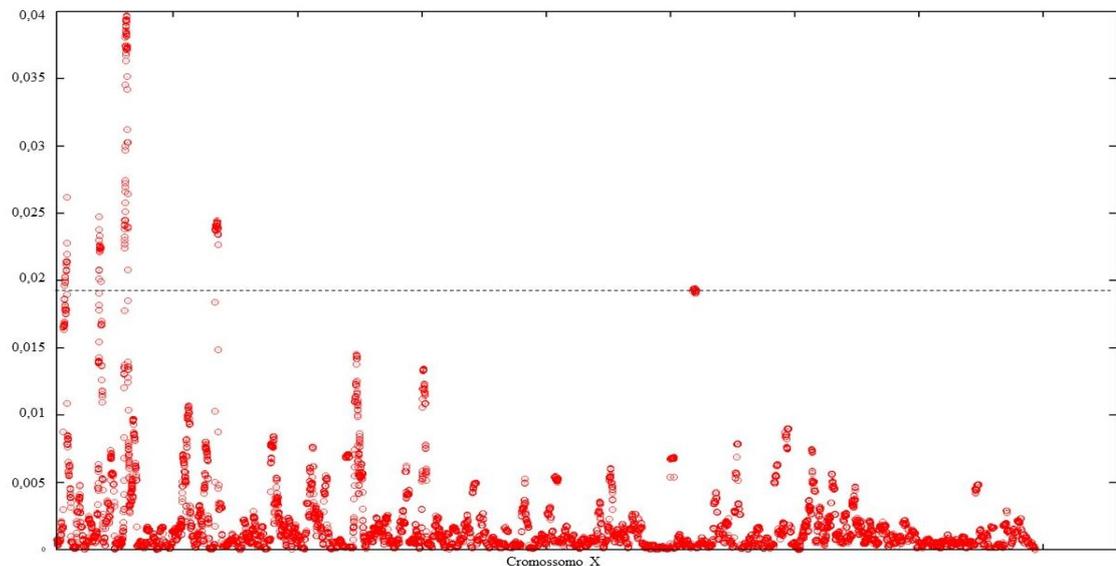


Tabela 2. Identificação dos genes relacionados com ocorrência de prenhez precoce (P16) em matrizes da raça Nelore, com base nas 5 janelas de 150 SNPs localizados no cromossomo X, que explicaram a maior variância genética.

Janelas	Posição (pb)	Genes	Var (%)
22	22207818-22552533	<i>FGF13, IL13RA2, LOC617499</i>	0,023
43	43257794-44085398	<i>PCDH11X, LOC788244, LOC788853, LOC100139929</i>	0,021
1	1419314-1889665	<i>KLHL4, LOC104969988</i>	0,019
17	17647347-18089897	<i>GPC3, TRNAG-CCC, PHF6, LOC101906407, LOC104969798, MIR363, MIR92A-2, MIR19B-2, MIR20B, MIR18B, MIR106A, LOC104969799, CCDC160, LOC104969800</i>	0,016
106	106153571-106630065	<i>LOC520057, LOC104970581, LOC104970582</i>	0,015

Tabela 3. Identificação dos genes relacionados com idade ao primeiro parto (IPP) em matrizes da raça Nelore, com base nas 5 janelas de 150 SNPs localizados no cromossomo X, que explicaram a maior variância genética.

Janelas	Posição (pb)	Genes	Var (%)
9	9061590-9633300	<i>TENM1, MIR2483, LOC101902870, LOC104970464, LOC101904092</i>	0,040
1	1419314-1889665	<i>KLHL4, LOC104969988</i>	0,026
5	5811045-6290752	<i>LOC100140451</i>	0,025
22	22071047-22367783	<i>FGF13, MIR504</i>	0,024
106	106153571-106630065	<i>LOC520057, LOC104970581, LOC104970582</i>	0,019

Dentre os genes encontrados com suposto efeito sobre P16 nessas regiões significativas do cromossomo X, destacam-se os genes *KLHL4*, localizado na janela 1, 1,42-1,89Mb. O *FGF13*, localizado na janela 22, 22,20-22,55Mb e o gene *PCDH11X*, localizado na janela 43, 43,25-44,08Mb.

Para a IPP, destaca-se os genes *KLHL4*, localizado na janela 1, 1,42-1,89Mb. O *TENM1*, localizado na janela 9, 9,06-9,63Mb e o gene *FGF13* localizado na janela 22, 22,20-22,55Mb.

Foram calculados o desequilíbrio de ligação (DL) para os marcadores distribuídos nos cromossomos 1, 2 e X (NCBI, 2017). Esses são o primeiro, o terceiro e o segundo

maiores cromossomos da espécie bovina, respectivamente. O intuito foi verificar se há diferenças entre as frequências de recombinação apresentado pelo cromossomo X, e pelos outros dois autossomos de tamanhos equivalente a ele. Os resultados do DL estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 4. Desequilíbrio de ligação (DL) médio e desvio padrão para os cromossomos 1, 2 e X.

Cromossomo	Nº de SNPs	Média ± Desvio-padrão
1	46495	0,1965±0,14
2	40056	0,1967±0,14
X	39367	0,2248±0,17

Os resultados encontrados para o DL dos autossomos estão de acordo com os reportados por Espigolan et al. (2013) e Regatieri et al. (2017) usando dados parciais do presente estudo. Os resultados obtidos no presente estudo são mais consistentes, devido as menores estimativas de desvio-padrão, provavelmente este melhor ajuste tenha se dado por conta do maior tamanho da amostra de animais genotipados utilizados neste estudo.

DISCUSSÃO:

Ao se analisar a biologia dos genes presentes nas janelas associadas a ocorrência de prenhez precoce (P16), as evidências recaem sobre os genes *KLHL4*, *FGF13* e *PCDH11X*. O gene *KLHL4* não possui relatos da sua ação em bovinos, porém, esse gene é homólogo em humanos, e está ligado com o desenvolvimento do sistema reprodutivo das fêmeas, isto é, formação do corpo uterino, tuba uterina, cérvix e vagina anterior, por meio do desenvolvimento dos ductos paramesonéfricos ou de Müller (TICIANELLI et al. 2011). Segundo Cheroki et al. (2008), esse gene está envolvido na determinação da aplasia mülleriana em mulheres. Uma síndrome que entre outras anormalidades, provoca alterações renais, cardíacas e vertebrais, comprometendo principalmente o desenvolvimento do sistema reprodutivo. Essa síndrome tem como principal característica a malformação do trato reprodutivo interno, com a ausência ou formação rudimentar do útero e corpo uterino.

Os genes da família *FGF* (Fator de crescimento do fibroblasto), estão relacionados com a função ovariana, incluindo a mitose das células da granulosa, esteroidogênese, diferenciação folicular e apoptose (NILSSON et al. 2001). Estão também associados com a pré-implantação embrionária, diretamente ligado com o reconhecimento materno fetal. No entanto, quando avaliado a expressão do gene *FGF13* em tecidos de mulheres e ratas, o mesmo não foi detectado (ZHONG et al. 2006).

Cory et al. (2007) encontraram indícios da ação do *FGF13* como gene responsável pela diferenciação sexual em ratos, através da detecção de sua expressão em células precursoras das células de Sertoli. A ligação deste gene com a diferenciação sexual, foi descrita por Quaynor et al. (2016), evidenciando que alterações nesse gene estão ligadas ao desenvolvimento do hipogonadismo hipogonadotrófico em humanos, sendo caracterizado pela ausência ou desenvolvimento incompleto da puberdade, por comprometimento do eixo hipotálamo-hipófise-gonadal (TUSSET et al. 2011).

Ainda sobre a P16, foram encontradas evidências da ação do gene *PCDH11X*. Esse gene está associado significativamente com o surgimento da insuficiência ovariana primária em mulheres (KNAUFF et al. 2011). Essa insuficiência caracteriza-se pela ocorrência de amenorreia precoce, ou seja, a ausência de menstruação e supressão da ovulação antes da menopausa, o que determina o comprometimento precoce da fertilidade das mulheres portadoras (ROSSETI et al. 2017). A insuficiência ovariana, está ligada a queda da taxa do número de oócitos, sendo essa taxa determinada por fatores individuais,

em sua maior parte desconhecidos, todavia, já se sabe que uma parte significativa dos fatores que a determinam, se devem aos efeitos genéticos (BROEKMANS et al. 2007).

Para a idade ao primeiro parto (IPP), verificou-se que além dos genes *KLHL4* e *FGF13* possuem indícios de efeitos significativos, e que já foram associados a P16, houve também a identificação da ação do gene *TENMI*, localizado na janela 9, sendo essa a de maior contribuição (0,040%) para o efeito genético da característica. Esse último gene possui homologia em humanos, ratos e na espécie caprina, estando associado nessa última espécie, segundo Lai et al. (2016), com o tamanho da ninhada das matrizes. Essa característica está muito associada com o número de oócitos ovulados no período fértil e de certa maneira tem relação direta com IPP, uma vez que, para a fêmea ser fertilizada e apresentar uma menor idade ao parto, é necessário que além da manifestação do estro, esse seja acompanhado de uma ovulação. O gene *TENMI*, está ligado também com o desenvolvimento embrionário e diferenciação sexual do feto, como reportado por Zhu et al. (2016) é um dos genes responsáveis por anormalidades do desenvolvimento do ducto Mülleriano, dessa forma, contribuindo com a presença de infertilidade em mulheres.

Diante dos resultados encontrados, observa-se que dentre as cinco janelas de maior contribuição para a variância genética, três delas foram similares a ambas características, indicando o efeito pleiotrópico dos genes localizados nessas janelas, portanto, espera-se que os genes *KLHL4* e *FGF13* possuam efeitos pleiotrópicos, pois atua em duas características diferentes, sendo ainda a pleiotropia uma das causas de correlação genética.

Esses resultados corroboram as avaliações quantitativas de estimação da correlação genética entre as características estudadas. Os resultados encontrados indicam que elas têm correlações altas e negativas, como reportado por Eler et al. (2014) e Paterno et al. (2017), apresentando estimativas iguais a -0,85 e -0,91 respectivamente. Apesar de essas características serem interdependentes, ou seja, fêmeas que concebem mais precocemente possuem menor idade ao parto, o resultado encontrado no presente estudo confirma a hipótese de que os mesmos genes estão atuando sobre a expressão fenotípica delas.

Quando comparado os resultados encontrados com as avaliações dos marcadores distribuídos nos autossomos, verifica-se que as janelas localizadas no cromossomo X contribuíram com pouca informação para a determinação genética das características

indicativas de precocidade reprodutiva nas fêmeas. Para animais da mesma raça, nota-se que os marcadores distribuídos nos autossomos apresentaram maior contribuição para a determinação das características.

De acordo com Irano et al. (2016), 10 janelas significativas foram localizadas em autossomos, essas juntas explicaram 8,91% da variância genética. Essa mesma característica também foi estudada por Regatieri et al. (2017), sendo encontrados SNPs significativos distribuídos entre os autossomos. Estudos de associação avaliando a IPP identificaram SNPs significativos distribuídos entre os cromossomos autossomos. Para a raça Nelore, Costa et al. (2015) encontraram 19 SNPs significativos distribuídos entre autossomos, os quais explicaram 6,42% da variância fenotípica da característica. A mesma característica foi avaliada para estudo de precocidade reprodutiva em vacas da raça Hanwoo, por Hyeong et al. (2014), sendo encontrados 15 SNPs significativos distribuídos entre os autossomos, onde em apenas dois deles explicaram-se 22% da variância fenotípica.

Perante os resultados encontrados, algumas hipóteses podem ser sugeridas. Uma delas se deve ao elevado desequilíbrio de ligação encontrado no cromossomo X ($0,2248 \pm 0,17$) quando comparado aos outros autossomos compatíveis em tamanho (BTA1 e BTA2) ($0,1965 \pm 0,14$ e $0,1967 \pm 0,14$, respectivamente), indicando uma menor possibilidade de variabilidade genética para o cromossomo. O resultado indica que os genes localizados nesse cromossomo se encontram parcialmente ligados, apresentando baixa taxa de recombinação. Porto Neto et al. (2014), avaliaram o DL para bovinos de raças taurinas, zebuínas e compostas, sendo encontrado maior DL no cromossomo X, quando comparado com demais autossomos, como o encontrado no presente estudo. Esses resultados de maior DL para o cromossomo X, deve-se ao efeito da hemizigose nos machos, o que não possibilita a ocorrência de crossing-over entre os cromossomos sexuais nesses indivíduos, visto que possuem apenas um cromossomo X. A baixa recombinação resulta em menor variabilidade e por consequência menor influência aditiva, podendo explicar a pequena participação das janelas do X nos estudos de associação.

Outra hipótese para os resultados, se devem à elevada autozigose do cromossomo X na raça Nelore, quando comparado aos demais cromossomos (ZAVAREZ et al. 2015). Ou seja, os pais possuem o mesmo genótipo e portanto a progênie não possui

probabilidade de ter variabilidade advinda de combinação de alelos. Isso pode ser consequência do pequeno número de reprodutores utilizados na formação da raça no Brasil, bem como, aliado ao modo de herança desse cromossomo, sendo hemizigoto nos machos, susceptível aos efeitos de gargalo e deriva genética.

A baixa participação do cromossomo X em características de fertilidade de fêmeas no presente estudo pode ser explicada pelas duas hipóteses levantadas (desequilíbrio de ligação e autozigose) que geram uma menor variabilidade e por consequência uma menor participação do cromossomo no valor genético/fenótipo. Pode ser ainda um efeito de amostragem, pois todas as vacas genotipadas emprenharam. Assim, alelos indesejáveis para prenhez poderiam ter sido eliminados no processo de escolha dos animais.

Todavia, esses resultados trazem à luz um pensamento de que o cromossomo X possa ter uma importância menor na sub-espécie zebuína no que diz respeito à fertilidade desses animais. Além do presente resultado, Utsonomyia et al. (2014) e Reveter et al. (2016) trabalhando com características fertilidade em machos Nelore e em fêmeas Brahman, acharam uma participação muito maior dos autossomos do que no próprio X. Os outros trabalhos que relatam contribuição significativa do cromossomo sexual, foram feitos em taurinos ou cruzados (MCDANELD et al. 2014; SU et al. 2014; LYONS et al. 2014; DE CAMARGO et al. 2015a; MAO et al. 2016; SEABURY et al. 2017). Diferenças entre os cromossomos sexuais já foram reportados entre taurinos e zebuínos (ANDERUNG et al. 2007) e estudos recentes de translocação dos cromossomos sexuais foram encontrados em taurinos (McDANELD et al. 2012), mas não em zebuínos (DE CAMARGO et al. 2015b). Algumas poucas evidências sugerem que sub-especiação pode ter afetado o mecanismo de ação dos cromossomos sexuais, ajudando a explicar os resultados aqui encontrados. Contudo, para melhor entender e interpretar a veracidade da suposição, outros trabalhos devem ser feitos para chegarmos a melhores conclusões.

CONCLUSÕES:

Os resultados encontrados sugerem baixa participação do cromossomo X na variância genética de características reprodutivas em bovinos, sendo esse um fato pouco esperado e convencional. Algumas características do cromossomo X em bovinos como o desequilíbrio de ligação e a autozigose podem ajudar a explicar os fatos. Também, hipóteses sobre os efeitos da sub-especiação em bovinos, no cromossomo, foram lançadas. Entretanto, estudos futuros para melhor entender a dinâmica dos cromossomos sexuais em animais de produção, fazem-se necessários.

REFERÊNCIAS:

- ABDEL-SHAFY, H.; BORTFELDT, R.H.; TETENS, J. BROCKMANN, G.A. Single nucleotide polymorphism and haplotype effects associated with somatic cell score in German Holstein cattle. **Genetics Selection Evolution**, 46:35, 2014.
- AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D.L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T.J. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **J. Dairy Sci.** 93:743–752, 2010.
- AMBROSINI, D.P.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARDOSO, F.F.; CARNEIRO, P.L.S. Genotype x environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brasil. **Trop. Anim. Health Prod.** v.48, p.1401-1407, 2016.
- ANDERUNG, C.; HELLBORG, L.; SEDDON, J.; HANOTTE, O.; GÖTHERSTÖM. Investigation of X- and Y-specific single nucleotide polymorphisms in taurine (*Bos taurus*) and indicine (*Bos indicus*) cattle. **Animal Genetics**. 38: 595-600, 2007.
- BALDI, F.; ALENCAR, M.M. de; FREITAS, A.R.; BARBOSA, R.T. Parâmetros genéticos para características de tamanho e condição corporal, eficiência reprodutiva e longevidade em fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, p.247-253, 2008.
- BERRY, D.P.; WOLFE, A.; O'DONOVAN, J.; BYRNE, N.; SAYERS, R.G.; DODDS, K.G.; MCEWAN, J.C.; O'CONNOR, R.E.; MCCLURE, M.; PURFIELD, D.C. Characterization of an X-chromosomal non-mosaic monosomy (59,X0) dairy heifer detected using routinely available single nucleotide polymorphism genotype data. **J. anim.Sci.** v.95, p.1042-1049, 2017.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v.141, p.12–16, 2011.
- BOLIGON, A.A.; VOZZI, P.A.; NOMELINI, J.; RORATO, P.R.N.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Parâmetros genéticos para idade ao primeiro parto estimados por diferentes modelos para rebanhos da raça Nelore. **Revista Ciência Rural**, v.38, n.2, p.432-436, 2008.
- BROEKMANS, F.J.; KNAUFF, E.A.; VELDE, E.R.; MACKLON, N.S.; FAUSER, B.C. Female reproductive ageing: current knowledge and future trends. **Trends Endocrinol Metab.** 18, 58-65, 2007.
- BRUMATTI, R.C.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; FORMIGONNI, I.B. Desenvolvimento de índice de seleção em gado de corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. **Archivos de Zootecnia**, v.60, p.205-213, 2011.
- BUZANSKAS, M.E.; PIRES, P.S.; CHUD T.C.S., BERNARDES P.A., ROLA L.D., SAVEGNAGO R.P., LOBO R.B., MUNARI D.P. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v.92, p. 204-209. 2017.

- CARVALHO, C.V.D. & BITTENCOURT, T.C.C. Breeding objectives for a Nelore cattle rearing system. **Pesq. agropec. bras.**, v.50, n.9, p.814-820, set. 2015.
- CHEROKI, C.; KREPISCHI-SANTOS, A.C.V.; SZUHAI, K.; BRENNER, V.; KIM, C.A.E.; OTTO, P.A.; ROSENBERG, C. Genomic imbalances associated with müllerian aplasia. **J. Med. Genet.** 45 :228–232. 2008.
- CLAUS, L. A. M.; KOETZ JÚNIOR, V.; BORGES, M.H.F.; BARCELLOS, J.O.J.; RIBEIRO, E.L.A. Genetic parameters of age at first calving, weight gain, and visual scores in Nelore heifers. **R. Bras. Zootec.**, Viçosa , v. 46, n. 4, p. 303-308, 2017.
- CORY, A.T.; BOYER, A.; PILON, N.; LUSSIER, J.G.; SILVERSIDES, D.W. Presumptive Pre-Sertoli Cells Express Genes Involved in Cell Proliferation and Cell Signalling During a Critical Window in Early Testis Differentiation. **Molecular Reproduction and Development.** 74:1491–1504. 2007
- COSTA, R. B.; CAMARGO, G. M.; DIAZ, I. D.; IRANO, N.; DIAS, M. M.; CARVALHEIRO, R.; ALBUQUERQUE, L. G. Genome-wide association study of reproductive traits in Nelore heifers using Bayesian inference. **Genetics, Selection, Evolution : GSE**, 47(1), 67, 2015.
- COULDREY, C.; JOHNSON, T.; LOPDELL, T.; ZHANG, I.L.; LITTLEJOHN, M.D.; KEEHAN, M.; SHERLOCK, R.G.; TIPLADY, K.; SCOTT, A.; DAVIS, S.R.; SPELMAN, R.J. Bovine mammary gland X chromosome inactivation. **Journal of Dairy Science.** v.100, p.5491-5500, 2017.
- DE CAMARGO, G. M. F.; PORTO-NETO, L. R.; KELLY, M. J.; BUNCH, R. J.; MCWILLIAM, S. M.; TONHATI, H.; FORTES. M.; MOORE, S. S. Non-synonymous mutations mapped to chromosome X associated with andrological and growth traits in beef cattle. **BMC Genomics**, 16(1), 384. 2015 (a).
- DE CAMARGO, G.M.F.; PORTO NETO, L.R.; FORTES, M.R.S.; BUNCH, R.J.; TONHATI, H.; REVERTER, A.; MOORE, S.; LEHNERT, S.A. Low frequency of Y anomaly detected in Australian Brahman cow-herds. **Meta Gene.** 3:59-61, 2015 (b).
- ELER, J.P.; BIGNARDI, A.B.; FERRAZ, J.B.S.; SANTANA JR., M.L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, V. 82, P. 708–714, 2014.
- ELER, J.P.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; FERRAZ, J.B.F. Seleção para precocidade sexual e produtividade da fêmea em bovinos de corte. **Estudos**, Goiânia, 339, n. 2, p. 227-235, abr./jun. 2012.
- ESPIGOLAN, R.; BALDI, F.; BOLIGON, A.A.; SOUZA, F.R.; GORDO, D.M.; TONUSSI, R.L.; CARDOSO, D.F.; OLIVEIRA, H.N.; TONHATI, H.; SARGOLZAEI, M. ET AL. Study os whole genome linkage disequilibrium in Nelore cattle. **BMC Genomics**, 14, 305-312, 2013.
- FORTES, M.R.S.; REVERTER, A.; KELLY, M.; MCCULLOCH, R.; LEHNERT. Genome-wide association study for inhibin, luteinizing hormone, insulin-like growth factor 1, testicular size and semen traits in bovine species. **Andrology**, v.1, p.644-650, 2013.
- GARCIA, D.A.; PEREIRA, I.G.; FONSECA E SILVA, F.; PIRES, A.V.; PESSOA, M.C.; OLIVEIRA, R.A.M. Modelos lineares generalizados mistos na avaliação genética

da prenhez precoce na raça Nelore. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, Belo Horizonte , v. 64, n. 3, p. 675-682, 2012 .

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genet Sel Evol.** 15(2):201–224, 1983.

HILL, W.G.; ROBERTSON, A. Linkage disequilibrium in finite populations. **Theor Appl Genet.** 38: 226–231, 1968.

HYEONG, K.E.; IQBAL, A; KIM, J.J. A Genome Wide Association Study on Age at First Calving Using High Density Single Nucleotide Polymorphism Chips in Hanwoo (*Bos Taurus Coreanae*). **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, 27.10, 1406–1410, 2014.

IRANO, N.; CAMARGO, G.M.F.; COSTA, R.B.; TERAKADO, A.P.N.; MAGALHÃES, A.F.B.; SILVA, R.M.O.; DIAS, M.M.; BIGNARDI, A.B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Genome-wide Association study for Indicator Traits of Sexual Precocity in Nellore Cattle. **PLoS ONE** 11(8): e0159502, 2016.

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

KNAUFF, E.A.H.; BLAUW, H.M.; PEAROSN, P.L.; KOK, K.; WIJMENGA, C.; VELDINK, J.H.; VAN DER BERG, L.H.; BOUCHARD, P.; FAUSER, B.C.J.M.; FRANKE, L. Copy number variants on the X chromosome in women with primary ovarian insufficiency. **Fertility and Sterility.** V. 95, N. 5, 2011.

LAI, F.N.; ZHAI, H.L.; CHENG, M.; MA, J.Y.; CHANG, S.F.; GE, W.; ZHANG, G.L.; WANG, J.J.; ZHANG, R.Q.; WANG, X.; MIN, L.J.; SONG, J.Z.; SHEN, W. Whole-genome scanning for the litter size trait associated genes and SNPs under selection in dairy goat (*Capra hircus*). **Sci. Rep.**6, 38096, 2016.

LEMOS, M.V.V; CHIAIA, H.L.J.; BERTON, M.P.; FEITOSA, F.L.B.; ABOUJAUDE, C.; VENTURINI, G.C.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BALDI, F. Reaction norms for the study of genotype-environment interaction for growth and indicator traits of sexual precocity in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research.** v.4, n.2, p. 7151-7162, 2015.

LYONS, R.E.; LOAN, N.T.; DIERENS, L.; FORTES, M.R.S.; KELLY, M.; MCWILLIAM, S.S. Evidence for positive selection of taurine genes within a QTL region on chromosome X associated with testicular size in Australian Brahman cattle. **BMC Genet.** 15:10, 2014.

MAO, X.; JOHANSSON, A.M.; SAHANA, G.; GULDBRANDTSEN, B.; KONING, D.J. Imputation of markers on the bovine X chromosome. **J.Dairy Sci.** v.99, p.1-6. 2016.

MATTAR, M.; MEIRELLES, S.L.; OLIVEIRA, J.A.; ESPASANDIN, A.C.; QUEIROZ, S.A. Fatores genéticos e ambientais sobre a probabilidade de prenhez precoce em bovinos Caracu. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.37, n.5, p.1405-1410, 2007.

- McDANELD, T.G.; KUEHN, L.A.; THOMAS, M.G.; SNELLING, W.M.; SMITH, T.P.L.; POLLAK, E.J.; COLE, J.B.; KEELE, J.W. Genomewide association study of reproductive efficiency in female cattle. **J. Anim. Sci.** 92:1945-1957, 2014.
- McDANELD, T.G.; KUEHN, L.A.; THOMAS, M.G.; SNELLING, W.M.; SONSTEGARD, T.S.; MATUKUMALLI, L.K.; SMITH, T.P.L.; POLLAK, E.J.; KEELE, J.W. Y are you not pregnant: Identification of Y chromosome segments in female cattle with decreased reproductive efficiency. **J. Anim. Sci.** 90:2142-2151, 2012.
- MEIRELLES, S.L., ESPASANDIN, A.C., MATTAR, M., QUEIROZ, S.A. Genetic and environmental effects on sexual precocity traits in Nellore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.8, p.1488-1493, 2009.
- MELO, T.P.; DE CAMARGO, G.M.F.; ALBUQUERQUE, L.G.; CARVALHEIRO, R. Genome-wide association study provides strong evidence of genes affecting the reproductive performance of Nellore beef cows. **PLoS ONE**, 12(5), 2017.
- MISZTAL, I. BLUPF90—a flexible mixed model program in Fortran 90. User Manual. Animal and Dairy Science. Athens, GA, USA: University of Georgia; <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90.pdf> document. 2012.
- NCBI - National Center for Biotechnology Information. Disponível em:< <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome?term=bos%20taurus>> Acessado em 23 de abril de 2017.
- NILSSON, E.; PARROT, J.A.; SKINNER, M.K. Basic fibroblast growth factor induces primordial follicle development and initiates folliculogenesis. **Molecular and Cellular Endocrinology** . 175: 123 – 130, 2001.
- PATERNI, F.M.; BUZANSKAS, M.E.; KOURY FILHO, W.; LÔBO, R.B.; QUEIROZ, S.A. Genetic analysis of visual assessment and body weight traits and their relationships with reproductive traits in Nellore cattle. **Journal of Agricultural Science**, 155, 679–68, 2017.
- PORTO NETO, L.R.; KIJAS, J.W.; REVERTER, A. The extent of linkage disequilibrium in beef cattle breeds using high-density SNP genotypes. **Genet Sel Evol.** 46:5. 2014.
- PRAVIA, M.I.; RAVAGNOLO, O.; URIOSTE, J.I.; GARRICK, D.J. Identification of breeding objectives using a bioeconomic model for a beef cattle production system in Uruguay. **Livestock Science**, v.160, p.21-28, 2014.
- QUAYNOR, S.D.; BOSLEY, M.E.; DUCKWORTH, C.G.; PORTER, K.R.; KIM, S.H.; KIM, H.G.; CHORICH, L.P.; SULLIVAN, M.E.; CHOI, J.H.; CAMERON, R.S.; LAYMAN, L.C. Targeted next generation sequencing approach identifies eighteen new candidate genes in normosmic hypogonadotropic hypogonadism and Kallmann syndrome. **Molecular and Cellular Endocrinology**. 437: 86-96, 2016.
- REGATIERI, I.C.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; SOUZA, F.R.P.; BALDI, F.; TAKADA, L.; VENTURINI, G.C.; DE CAMARGO, G.M.F.; FERNANDES JÚNIOR, G.A.; TONHATI, H.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Association between single nucleotide polymorphisms and sexual precocity in Nellore heifers. **Animal Reprod. Sci.** v.177, p.88-96, 2017.

- REVERTER, A.; PORTO NETO, L.R.; FORTES, M.R.S.; MCCULLOCH, R.; LYONS, R.E.; MOORE, S.; NICOL, D.; HENSHALL, J.; LEHNERT, S.A. Genomic analyses of tropical beef cattle fertility based on genotyping pools of Brahman cows with unknown pedigree. **J.Anim.Sci.** 94:4096-4108, 2016.
- ROSSETTI, R.; FERRARI, I.; BONOMI, M.; PERSANI, L. Genetics of primary ovarian insufficiency. **Clinical Genetics**, 91(2), p. 183-198, 2017.
- SEABURY, C.M.; OLDESCHULTE, D.L.; SAATCHI, M.; BEEVER, J.E.; DECKER, J.E.; HALLEY, Y.A.; BHATTARAL, E.K.; MOLAEI, M.; FREETLEY, H.C.; ET AL. Genome-wide association study for feed efficiency and growth traits in U.S. beef cattle. **BMC Genomics**, 18:386, 2017.
- SOUSA, G.G.T.; SANTOS, K.R.; CAMPELO, J.E.G.; OLIVEIRA, M.R.A.; PIRES, L.C.; PEREIRA, R.J.; SOUSA, R.P.R.; SOUSA JÚNIOR, S.C. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características reprodutivas de fêmeas Nelore na região meio norte do Brasil. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.16, n.2, p.290-299. abr./jun., 2015.
- SU, G.; GULDBRANDTSEN, B.; AAMAND, G.P.; STRANDÉN, I.; LUND, M.S. Genomic relationships based on X chromosome markers and accuracy of genomic predictions with and without X chromosome markers. **Genetics Selection Evolution**. 46(1):47.2014.
- TAREKADO, A.P.N.; PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; ALBUQUERQUE, L.G. Evaluation of productivity of sexually precocious Nelore heifers. **Animal**. 9:6, 938-943, 2015.
- TEIXEIRA, D.B.A.; FERNADES JÚNIOR, G.A.; SILVA, D.B.S.; COSTA, R.B.; TAKADA, L.; GORDO, D.G.M.; BRESOLIN, T.; CARVALHEIRO, R.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L.G. Genomic analysis of stayability in Nelore cattle. **PLoS ONE**, 12(6), 2017.
- TICIANELLI, J.S.; OLIVEIRA, B.M.M.; ZOGNO, M.A.; ARRUDA, R.P.; CELEGHINI, E.C.C. Intersexo e outras anomalias do desenvolvimento do aparelho reprodutor nos animais domésticos e o auxílio da citogenética para o diagnóstico. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.35, n.1, p.26-32, jan./mar. 2011.
- TONIOLO, D.; RIZZOLIO, F. X chromosome and ovarian failure. **Semin. Reprod. Med.** 25, p. 264-271, 2007.
- TUSSET, C.; TRARBACH, E.B.; SILVEIRA, L.F.G.; BENEDUZZI, D.; MONTENEGRO, L.; LATRONICO, A.L. Aspectos clínicos e moleculares do hipogonadismo hipogonadrotófico isolado congênito. **Arq. Bras. Endocrinol. Metab.** 55:8, 2011.
- UTSUNOMIYA, Y.T.; CARMO, A.S.; NEVES, H.H.R.; CARVALHEIRO, R.; MATOS, M.C.; ZAVARES, L.B.; ITO, P.K.R.K.; O'BRIEN, A.M.P. et al. Genome-Wide Mapping of Loci Explaining Variance in Scrotal Circumference in Nelore Cattle. **PLoS ONE**. 9(2): e88561. 2014.
- VANRADEN, P.P. Efficient methods to compute genomic predictions. **J. Dairy Sci.** v.91, p.4414-4423, 2008.

WANG, H.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; MUIR, W.M. Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. **Genet Res.** 94:73–83. 2012.

ZAVAREZ, L.B.; UTSUNOMIYA, Y.T.; CARMO, A.S.; NEVES, H.H.R.; CARVALHEIRO, R.; FERENCAKOVIC, M.; O'BRIEN, A.M.P.; CURIK, I.; COLE, J.B.; VAN TASSEL, C.P.; SILVA, M.V.G.B. et al. Assessment of autozygosity in Nellore cows (*Bos indicus*) through high-density SNP genotypes. **Frontiers in Genetics.** 6(5), p.1-8, 2015.

ZHONG, W.; WANG, Q.T.; SUN, T.; WANG, F.; LIU, J.; LEACH, R.; JOHNSON, A.; PUSCHECK, E.E. FGF Ligand Family mRNA Expression Profile for Mouse Preimplantation Embryos, Early Gestation Human Placenta, and Mouse Trophoblast Stem Cells. **Molecular Reproduction and Development.** 73:540–550, 2006.

ZHU, Y.; LUO, M.; HUANG, H.; DU, X.; CHEN, D.; XING, Q.; WANG, B.; CAO, Y. HOXA10, EMX2 and TENM1 expression in the mid-secretory endometrium of infertile women with a Müllerian duct anomaly. **Reproductive BioMedicine Online** 32, 388–393, 2016.

CONSIDERAÇÕES FINAIS GERAIS:

Os resultados obtidos demonstram a importância da avaliação da interação genótipo-ambiente (IGA) para as características reprodutivas: perímetro escrotal em diferentes idades e a idade ao primeiro parto para a raça Nelore. Portanto, os efeitos da IGA devem ser levados em consideração pelos programas de avaliação genética, devido à importância significativa que ela exerce sobre as características estudadas, tanto para as diferentes regiões do Brasil, quanto para as diferentes regiões geoclimáticas do estado da Bahia.

A caracterização ambiental, realizada com dados do estado da Bahia com a utilização de avaliação geoclimática, demonstrou ser uma boa alternativa para a definição dos diferentes ambientes de criação de bovinos. Desta maneira, o procedimento proposto pode ser utilizado para a definição dos diferentes ambientes para as avaliações da interação genótipo-ambiente.

Para a análise de associação genômica ampla (GWAS) realizada, ficou evidenciado que existem regiões genômicas localizadas no cromossomo X que são responsáveis por influenciar na expressão das características: ocorrência de prenhez precoce e idade ao primeiro parto. Os resultados corroboram as análises de correlação genética entre elas, uma vez que, dois genes: *KLHL4* e *FGF13*, apresentam efeito pleiotrópico, agindo sobre as duas características.