

# ANÁLISES ALTERNATIVAS NO ESTUDO DA RECONCEPÇÃO DE NOVILHAS NELORE<sup>1</sup>

JOSINEUDSON AUGUSTO II DE VASCONCELOS SILVA<sup>2</sup>, ANNAIZA BRAGA BIGNARDI<sup>3</sup>, JOANIR PEREIRA ELER<sup>4</sup>, JOSÉ BENTO STERMAN FERRAZ<sup>4</sup>, MARIA EUGÊNIA ZERLOTTI MERCADANTE<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Recebido para publicação em 02/04/07. Aceito para publicação em 03/03/08.

<sup>2</sup>Alta Genetics Brasil Ltda. , Av. Edilson Lamartine Mendes, 613, Parque das Américas, CEP 38045-000, Uberaba, MG, Brasil. E-mail: [augusto@altagenetics.com.br](mailto:augusto@altagenetics.com.br)

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” (UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil.

<sup>4</sup>Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA), Universidade de São Paulo (USP), Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>5</sup>Centro de Apoio a Pesquisa Tecnológica dos Agronegócios de Bovinos de Corte (CAPTA - Bovinos de Corte), Instituto de Zootecnia, Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo (SAA), Sertãozinho, SP, Brasil.

**RESUMO:** Dados de 1727 fêmeas primíparas da raça Nelore, nascidas entre 1993 e 1999, foram utilizados com o objetivo de comparar os valores das estimativas de herdabilidade da característica reconcepção (REC), utilizando-se os modelos linear e não linear. As fêmeas foram expostas aos touros pela primeira vez em torno de 14 meses de idade, sendo consideradas para a característica REC aquelas que pariram e entraram na segunda estação de monta. Os efeitos considerados nos modelos foram: grupo de contemporâneo (fazenda, ano e mês de nascimento) e período de descanso como efeitos fixos, além do animal e resíduo como efeitos aleatórios. Foram usadas as metodologias de máxima verossimilhança restrita (REML) e inferência bayesiana para estimar os componentes de variância, por modelo linear e não linear, respectivamente. As estimativas de herdabilidade utilizando-se modelo linear ficaram entre 0,05 a 0,11 sendo as superiores obtidas após a transformação da estimativa para a escala normal subjacente. A estimativa de herdabilidade obtida utilizando-se modelo não linear foi superior (0,16). A inclusão da característica reconcepção de novilhas nos índices de seleção de bovinos Nelore pode contribuir para o aumento da fertilidade dos rebanhos.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, herdabilidade, precocidade sexual, reprodução.

## ALTERNATIVE ANALYSIS FOR THE STUDY OF SUBSEQUENT REBREEDING IN NELORE HEIFERS

**ABSTRACT:** Data of 1727 Nelore heifers born from 1993 to 1999 were analyzed in order to compare heritability estimate values of subsequent rebreeding (SR) using linear and non-linear models. SR was defined as the observation of two years old heifers conceiving and remaining pregnant to palpation, given a previous pregnancy around 14 months and exposure during the breeding season. Restricted maximum likelihood (REML) and Bayesian inference were used to estimate variance components for linear and non-linear models. These models included contemporary group and service period as fixed effects and animal and residual as random effects. Heritability estimates from linear models were from 0.05 and 0.11, and the higher values were obtained after transformed them to an underlying normal scale. The heritability estimate obtained using non linear model was even higher (0.16). The inclusion of heifer subsequent rebreeding trait in the selection indexes of Nelore cattle can contribute to increase the fertility of the herds.

**Key words:** beef cattle, heritability, sexual precocity, reproduction.

## INTRODUÇÃO

As características reprodutivas são de extrema importância quando consideradas como objetivo de seleção. BRUMATTI *et al.* (2002), em um estudo de simulação levando-se em conta as condições típicas dos sistemas de produção de bovinos de corte brasileiros, relataram que as características de reprodução de fêmeas foram 3,4 vezes mais importantes economicamente que as características de crescimento, quando consideradas em um índice de seleção. Apesar disso, a utilização dessas características não têm sido amplamente considerada nos programas de melhoramento genético no Brasil (por exemplo, LOBO *et al.*, 2007, entre outros), possivelmente por apresentarem baixa herdabilidade e por tratar-se de características categóricas, que não apresentam expressão fenotípica contínua.

A reconcepção de novilhas de corte, dentre as várias características reprodutivas de fêmeas, é de grande importância, pois após o primeiro parto, a novilha que concebe na estação de monta seguinte permite que o investimento feito para sua criação retorne mais rapidamente. As novilhas que parem aos 24 meses, ou seja, que concebem aos 14 meses, se tornam lucrativas ao sistema mais cedo quando comparadas com as que concebem somente aos 24 meses. Em ambas as idades de concepção, a não parição subsequente fará com que o criador perca um ano de receita, pois matrizes bovinas de corte somente geram receita quando desmamam um bezerro vivo ao ano e quando são vendidas para abate. NUNEZ-DOMINGUEZ *et al.* (1991) relataram que novilhas da raça Brahman que pariram aos dois anos de idade, produziram mais crias durante a vida reprodutiva do que aquelas que tiveram o primeiro parto aos três anos de idade.

A utilização de modelos lineares para análise de características categóricas como a reconcepção pode subestimar o valor da herdabilidade, o que sugere que uma análise com modelos não lineares pode ser mais apropriada (BUDDENBERG *et al.*, 1989, SNEELING *et al.*, 1996). Entretanto, MARTINEZ *et al.* (2005) sugeriram que o modelo linear, que é mais fácil de ser implementado, pode ser suficientemente efetivo na análise de características de resposta binomial, uma vez que as estimativas de herdabilidade da habilidade de permanência de vacas no rebanho foram semelhantes em modelos linear e não linear. O objetivo deste estudo foi comparar os valores das estimativas de herdabilidade da característica

reconcepção de novilhas paridas aos dois anos de idade (REC), obtidas em modelos linear e não linear.

## MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo são de fêmeas da raça Nelore, nascidas entre 1993 e 1999 e criadas em três fazendas pertencentes à AgroPecuária CFM Ltda, situadas nos estados de São Paulo, Mato Grosso e Goiás. As fêmeas foram mantidas em regime de pasto e receberam suplementação mineral à vontade. A estação de monta ocorreu entre novembro e janeiro, com duração de 90 dias. Os sistemas de acasalamento foram inseminação artificial e monta natural em lotes com reprodutores únicos ou múltiplos.

A reconcepção (REC) foi definida como a prenhez ou não da fêmea, considerando que ela pariu anteriormente, ao redor dos 24 meses de idade. A característica é binária, sendo atribuído sucesso (1) para as fêmeas que reconceberam e fracasso (0) para aquelas que não apresentaram prenhez após 60 dias do término da estação de monta, por meio de diagnóstico por toque retal. Estavam disponíveis registros de 1727 novilhas que participaram das estações de monta de 1994 a 2000, das quais 53% apresentaram REC=1.

Foram estudados os seguintes efeitos fixos: fazenda ( $i=1, \dots, 3$ ), ano ( $j=1993, \dots, 1999$ ), mês de nascimento ( $k=$ agosto, ..., novembro) e sexo do primeiro bezerro da novilha ( $l=1, 2$ ), além das covariáveis peso no momento do diagnóstico de prenhez, peso ao nascer do bezerro do parto anterior (primeiro parto) e o período de descanso, ou seja, os dias pós-parto até o início da segunda monta. O período de descanso foi analisado de dois modos, como covariável linear e como classes: <52 dias, >51 a <74 dias, >73 a <96 dias, >95 a <118 dias, >117 dias.

A análise dos efeitos fixos descritos acima foi feita utilizando-se os procedimentos CATMOD e LOGISTIC, com função de ligação logit (SAS Inst., Inc., Cary, NC) e os resultados foram utilizados para formar os grupos de contemporâneo (GC) e para definir o melhor modelo, quanto aos efeitos fixos, para ser usado nas análises genéticas. Foram mantidos no modelo os efeitos que apresentaram nível de significância menor que 0,01. O procedimento MIXED (SAS Inst., Inc., Cary, NC) foi utilizado para

obter os valores iniciais da variância genética aditiva e residual para posterior uso na análise genética, ajustando modelo touro, pai da novilha analisada, e desconsiderando o parentesco entre eles.

Os componentes de variância da característica REC foram estimados por meio de modelo animal linear pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando-se o MTDFREML (BOLDMAN *et al.*, 1995) e, por meio de modelo animal não linear, por inferência bayesiana, utilizando-se programas desenvolvidos por Luis Varona, do IRTA-Espanha. A matriz de parentesco, com 7123 animais, foi usada em ambas as análises (REML e inferência bayesiana). As estimativas de herdabilidade obtidas nas análises considerando modelo linear foram transformadas para a escala normal subjacente usando a fórmula descrita por ROBERTSON e LERNER (1949):  $h^2u = h^2p(1-p)/z^2$ , em que  $h^2u$  é a estimativa de herdabilidade na escala normal subjacente,  $h^2$  é a estimativa de herdabilidade obtida utilizando-se modelo linear,  $p$  é a fração das fêmeas com observação 1 (sucesso), e  $z$  é a altura da ordenada no ponto de truncamento para a área de  $p$  sob a curva normal.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os efeitos de rebanho, ano e mês de nascimento da novilha foram significativos e, portanto, o GC foi definido considerando esses três efeitos. O peso e o sexo do primeiro bezerro não foram significativos, ou seja, o fato da novilha estar mais pesada 60 dias após a saída da estação de monta ou ter parido um bezerro mais pesado não apresentou efeitos na segunda concepção.

O efeito do período de descanso, ajustado tanto como uma covariável ou como um efeito classificatório, foi significativo, e as análises genéticas foram feitas incluindo-o como classe. O efeito de classe do período de descanso foi incluído no modelo como efeito principal, e não dentro de GC, para evitar a ocorrência de GC sem variabilidade, ou seja, só com REC 0 ou 1, fator que tem sido declarado como responsável pela dificuldade de convergência nas iterações no uso de inferência bayesiana (HOESCHELE *et al.*, 1995). Como esperado, foi observado que, quanto maior o período de descanso após o primeiro parto, maior a chance da fêmea reconceber na segunda estação de monta.

## Análises com modelo linear misto sem parentesco

A análise no MIXED (SAS Inst., Inc., Cary, NC) foi realizada utilizando um modelo contendo os efeitos aleatórios do touro e do resíduo, e os efeitos fixos de grupo contemporâneo (GC) e classe de período de descanso pós-parto (CPD). Para esta análise, foram retiradas as fêmeas cujos pais não eram conhecidos, num total de 273 animais, e dessa forma o arquivo analisado continha 1454 fêmeas. O número de GC e CPD foi 39 e 5 respectivamente. O número de touros foi 144, com percentagem observada de reconcepção variando de 8% a 88% entre os touros.

Os valores estimados para a variância de touro e residual foram 0,004 e 0,220, respectivamente, resultando em estimativa de herdabilidade de 0,07 na escala normal, e de 0,11 quando transformada para a escala normal subjacente. Essas estimativas estão entre os valores relatados por BUDDENBERG *et al.* (1989) para reconcepção de novilhas Angus e Hereford utilizando modelos lineares e por MERCADANTE *et al.* (2003) para reconcepção de novilhas Nelore (aos 3 anos de idade) utilizando modelo de limiar.

## Análises com modelo linear misto com uso do parentesco

Nesta análise, o efeito genético aditivo foi estimado com modelo animal, com uso de dois arquivos, um que continha todas as novilhas, incluindo aquelas com pais desconhecidos (REC\_PD), e o outro somente com as novilhas cujos pais eram conhecidos (REC\_PC), arquivo igual ao usado na análise com modelo touro. Além disso, em cada arquivo descrito acima foram retiradas (REC\_PDS e REC\_PCS) ou não (REC\_PD e REC\_PC) as novilhas que estavam em grupos de contemporâneos (GC) sem variabilidade. No arquivo de pais conhecidos (REC\_PCS) foram retirados seis GC e no arquivo de pais desconhecidos (REC\_PDS) oito GC. Com a saída destes GC o arquivo REC\_PDS ficou com 1701 observações e o REC\_PCS com 1432.

Na Tabela 1 são apresentados os componentes de variâncias e as estimativas de herdabilidade, para a característica REC em todos os arquivos, além das estimativas de herdabilidade transformadas para a escala normal subjacente. Esses valores foram similares aos estimados com modelo touro sem parentesco. A retirada dos grupos contemporâneos sem

**Tabela 1. Componentes de variância e estimativa de herdabilidade da reconcepção de novilhas Nelore, com pai desconhecido e com grupo de contemporâneos com (REC\_PD) e sem variabilidade (REC\_PDS) e com pai conhecido e com grupo de contemporâneos com (REC\_PC) e sem (REC\_PCS) variabilidade**

	Va <sup>1</sup>	Ve	Vp	h <sup>2</sup>	h <sup>2</sup> u
REC_PD	0,012	0,209	0,220	0,05	0,08
REC_PDS	0,012	0,211	0,223	0,05	0,08
REC_PC	0,016	0,209	0,224	0,07	0,11
REC_PCS	0,016	0,211	0,227	0,07	0,11

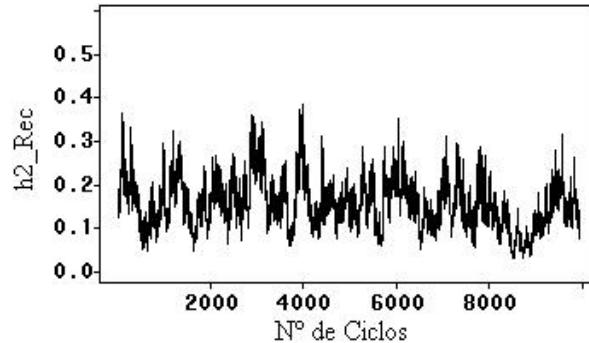
<sup>1</sup>Va, variância genética aditiva; Ve, variância residual; Vp, variância fenotípica; h<sup>2</sup>, herdabilidade na escala normal, h<sup>2</sup>u, herdabilidade transformada para a escala normal subjacente.

variabilidade não alterou os componentes de variância, mas esse resultado deve ser visto com certo cuidado devido ao pequeno número de dados e ao pequeno número de GC retirados. As estimativas de herdabilidade foram superiores nos arquivos em que foram retirados os registros das novilhas sem pai conhecido, mas a diferença em relação às outras análises foi muito pequena, o que pode não justificar a retirada desses animais na estimação de parâmetros genéticos para esta característica. As estimativas de herdabilidade obtidas com modelo linear e transformadas para a escala normal subjacente foram levemente superiores que as não transformadas.

#### **Análises com modelo não linear misto com uso do parentesco**

Essas análises foram realizadas com o arquivo contendo todas as novilhas. Com inferência bayesiana, foi obtida uma cadeia de 310.000 ciclos. Após a plotagem da variância genética aditiva por ciclo e análise visual, foram descartados os primei-

ros 10.000 ciclos, e, posteriormente, tomada amostra a cada 30 ciclos, resultando em uma cadeia com 10.000 ciclos. Na Figura 1 estão plotadas as estimativas posteriores da herdabilidade de REC, por ciclo, que variaram entre 0,10 e 0,30.



**Figura 1. Estimativas posteriores da herdabilidade para a característica reconcepção em novilhas Nelore**

A análise de convergência da cadeia completa foi realizada com o programa GIBANAL, contendo o procedimento de RAFTERY e LEWIS (1992). Foi recomendado retirar os 3.658 primeiros ciclos como período de descarte amostral e utilizar um intervalo amostral de 8.528 ciclos, resultando em uma cadeia com 36 ciclos. Como observado na Tabela 2, as medidas de tendência central das estimativas posteriores de herdabilidade obtidas na cadeia completa e na recomendada pelo GIBANAL possuem valores similares, sugerindo que qualquer dos valores pode ser considerado como o valor da estimativa da herdabilidade para REC. A semelhança entre os valores da média, mediana e moda mostram simetria. Pode-se considerar que a cadeia convergiu levando-se em conta o baixo desvio padrão e o IC\_95% relativamente curto.

**Tabela 2. Média, desvio-padrão (DP), mediana, moda e intervalo de credibilidade a 95% (IC 95) da distribuição posterior da herdabilidade da reconcepção de novilhas Nelore, utilizando a cadeia completa e a cadeia recomendada pelo programa GIBANAL**

Cadeia	Nº Ciclos	Média	DP	Mediana	Moda	IC_95%
Completa	10.000	0,160	0,058	0,155	0,134	0,075 - 0,264
GIBANAL	36	0,163	0,055	0,163	0,160	0,071 - 0,275

Os valores médios das estimativas de herdabilidade estão próximos ao relatado por PEREIRA *et al.* (2006) de 0,16, mas inferiores ao descrito por SILVA *et al.* (2002) de 0,25, ambos analisando REC de novilhas Nelore colocadas na primeira monta antes de 20 meses de idade, por meio de modelos não lineares. DOYLE *et al.* (2000) relataram estimativa de herdabilidade superior (0,18) para reconcepção de novilhas Angus, utilizando modelo não linear implementado por meio do Método R, entretanto, colocaram esse resultado em dúvida, já que metade das subamostras produziram estimativas de herdabilidade fora do espaço paramétrico.

A característica REC, analisada por modelo não linear e inferência bayesiana, apresentou maior estimativa média da herdabilidade, sugerindo que esta análise possui pressuposições mais adequadas para estimar da variabilidade genética da característica. O valor da herdabilidade encontrado nessa análise sugere que a inclusão da REC nos índices de seleção de bovinos Nelore pode contribuir para o aumento da fertilidade dos rebanhos.

### CONCLUSÃO

A herdabilidade da reconcepção de novilhas Nelore é de baixa magnitude (0,07) quando estimada por modelo misto linear, que desconsidera a natureza categórica da característica, mas é maior quando estimada por modelo misto não linear (0,16), mais adequado para análise de dados categóricos.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOLDMAN, K.G. et al. **A manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. [DRAFT]. Beltsville: U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 125p. 1995.
- BRUMATTI, R.C. et al. Application of a bio-economical model to estimate economical weights for traits used in selection index in beef cattle. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., Montpellier, 2002. **Proceedings/CD-ROM...** Montpellier: 2002.
- BUDDENBERG, B.J. et al. Heritability of pregnancy rate in beef cows under mating. **Journal of Animal Science**, v.67, p.2589-2594, 1989.
- DOYLE, S.P. et al. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. **Journal of Animal Science**, v.78, p.2091-2098, 2000.
- HOESCHELE, I.; TIER, B. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. **Genetic, Selection, Evolution**, v.27, p.519-540, 1995.
- LÓBO, R.B. et al. Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore: Sumário 2007. Ribeirão Preto: ANCP, 2007. 128 p.
- MARTINEZ, G. E. et al. Genetic parameters for stayability, stayability at calving, and stayability at weaning to specified ages for Hereford cows. **Journal of Animal Science**, v.83, p.2033-2042, 2005.
- MERCADANTE, M.E.Z. et al. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, v.81, p.376-384, 2003.
- NUNEZ-DOMINGUEZ, R. et al. Lifetime production of beef heifers calving first at two vs three years age. **Journal of Animal Science**, v.69, p. 3467-3479, 1991.
- PEREIRA, M.C. et al. Variabilidade genética da característica reconcepção de novilhas Nelore utilizando inferência bayesiana. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 43., 2005, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2006.
- RAFTERY, A.E.; LEWIS, S.M. One Long Run with Diagnostics: implementation strategies for markov chain Montecarlo. **Statistical Science**, v. 7, p. 493-497, 1992.
- ROBERTSON, A.; LERNER, I.M. The heritability of all or none traits: Viability of poultry. **Genetics**, v.34, p.395-411, 1949.
- SILVA, J.A. II.V. et al. Heritability for subsequent rebreeding in Nelore cows estimated with bayesian inference. In: WORLD CONGRESS ON GENETIC APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., Montpellier, 2002. **Proceedings/CD-ROM...** Montpellier: 2002.
- SNELLING, W. M.; MacNEIL, M. D.; GOLDEN, B. L. Application of continuous and binary trait methods to reproductive measures of Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v.74 (Sup.1), p.115, 1996 (Abstr.).