



Avaliação genômica do número de oócitos e de embriões de touros Gir Leiteiro¹

Renata de Fátima Bretanha Rocha², Fabrício Pilonetto³, Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva⁴, Marta Fonseca Martins⁴, João Claudio do Carmo Panetto⁴, Marco Antônio Machado⁴

¹Pesquisa realizada em parceria com a Embrapa Gado de Leite, financiada pelo CNPq, CAPES e FAPEMIG

²Pós-doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV. Bolsista do CNPq. e-mail: renata.bretanha@ufv.br

³Pesquisador na Associação Brasileira dos Criadores de Giroldo. e-mail: fpilonetto@alumni.usp.br

⁴EMBRAPA Gado de Leite. e-mail: marcos.vb.silva@embrapa.br; marta.martins@embrapa.br; joao.panetto@embrapa.br; marco.machado@embrapa.br

Resumo: O Brasil é o segundo maior produtor de embriões *in vitro*, com mais de um milhão de palhetas para transferência de embriões vendidas apenas em 2023. O objetivo deste trabalho foi realizar a avaliação genômica de animais da raça Gir para o número de oócitos e embriões para publicação em sumário de touros. O banco de dados com 102.836 fenótipos de número total de oócitos (TO), número de oócitos viáveis (OV) e número de embriões (EMBR) de 11.649 doadoras Gir, das quais 8.646 tinham dados genômicos. Os dados foram transformados em escala logarítmica para obter distribuição normal e as avaliações foram feitas com o programa BLUPF90+. Os valores genômicos foram usados para calcular a habilidade de transmissão predita (PTA, do inglês *Predicted Transmitting Ability*) e PTA padronizada (STA). O número médio de estruturas obtidas foi de 15,52 para OV, 20,07 para TO e 3,95 para EMBR e máximo de 268 (OV), 320 (TO) e 81 (EMBR). O número mínimo de aspirações por doadora foi de 2 e máximo de 85. Os valores genômicos médios foram -0,012, -0,016, -0,032, os mínimos foram -1,211, -1,213 e -1,066 e os máximos foram 1,211, 1,163 e 1,219 para OV, TO e EMBR, respectivamente. Os valores PTA variaram de -0,538 até 0,419, e a STA variou -6 a 6. Em conclusão, no sumário podem ser apresentados os resultados para total de oócitos, por ser o primeiro fenótipo obtido. A forma de apresentar os resultados para os produtores nos sumários de touros pode ser feita por meio de tabela com os valores genômicos.

Palavras-chave: gado de leite, PTA, reprodução, STA

Abstract: Brazil is the second largest producer of *in vitro* embryos, with over one million straws sold for embryo transfer in 2023 alone. The aim of this study was to perform a genomic evaluation of Gir animals for the number of oocytes and embryos for publication in a sire summary. The database included 102,836 phenotypes of total oocyte (TO), viable oocyte (OV), and embryo number (EMBR) from 11,649 Gir donors, of which 8,646 had genomic data. The data were log transformed to obtain a normal distribution, and the evaluations were performed with the BLUPF90+ program. The genomic values were used to calculate the Predicted Transmitting Ability (PTA) and standardized PTA (STA). The average number of structures obtained was 15.52 for OV, 20.07 for TO and 3.95 for EMBR and a maximum of 268 (OV), 320 (TO) and 81 (EMBR). The minimum number of aspirations per donor was 2 and a maximum of 85. The average genomic values were -0.012, -0.016, -0.032, the minimum were -1.211, -1.213 and -1.066 and the maximum were 1.211, 1.163 and 1.219 for OV, TO and EMBR, respectively. The PTA values ranged from -0.538 to 0.419, and the STA ranged from -6 to 6. In conclusion, the results for total oocytes can be presented in the summary, as it was the first phenotype obtained. The way to present the results to producers in the bull summaries can be done through a table with the genomic values.

Keywords: dairy cattle, PTA, reproduction, STA

Introdução

O Brasil é o segundo maior produtor de embriões *in vitro*, superado apenas pelos EUA. Em 2023, mais de um milhão de palhetas de transferência de embriões (TE) foram vendidas no Brasil (VIANA, 2024). Apesar da sua importância prática, características de produção de oócitos e embriões são pouco exploradas em sumários de avaliação genética e genômica da raça Gir, o gado zebuíno mais utilizado para produção de leite no país. O objetivo deste trabalho foi realizar a avaliação genômica de animais da raça Gir Leiteiro para o número de oócitos e embriões para publicação em sumário de touros.

Material e Métodos

Foram utilizados 102.836 fenótipos para o número total de oócitos (TO), número de oócitos viáveis (OV) e número de embriões (EMBR) de 11.649 doadoras Gir, das quais 8.646 foram genotipadas para 420.561 mil marcadores moleculares do tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*), fornecidos pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a



Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro. O arquivo de pedigree continha informações de 198.770 animais. Todas as estimativas foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), utilizando o software BLUPF90+ (LOURENÇO et al., 2022). Para obter uma distribuição normal dos resíduos, as características foram transformadas utilizando a escala logarítmica: $LN(X + 1)$, sendo LN o Logaritmo Neperiano e X o valor original. O modelo proposto para avaliar as características foi:

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

onde y , β , a , p e e são os vetores de observações, efeitos fixos, efeito aleatório genético aditivo, efeito de ambiente permanente e efeito residual, respectivamente; X , W e Z são as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente. Para OV, TO, lnOV e lnTO foi considerado efeito fixo de GC, que incluía fazenda ($n = 304$), empresa responsável pela aspiração de oócitos ($n = 9$), ano (2005 - 2025) e estação de aspiração (1: jan-mar, 2: abr-jun, 3: jul-set, 4: out-dez). Idade foi usada como covariável (linear e quadrática). Para EMBR, o touro usado na fertilização *in vitro* ($n = 962$) e a raça do touro (3; Gir: $n = 25.399$; Holandês: $n = 76.067$; Jersey: $n = 381$) foram efeitos fixos adicionais. Assumiu-se que $a \sim N(0, H\sigma^2_a)$, $p \sim N(0, I\sigma^2_p)$ e $e \sim N(0, I\sigma^2_e)$, onde σ^2_a , σ^2_p e σ^2_e são as variâncias genética aditiva, de ambiente permanente e residual, respectivamente. H é a matriz de relacionamento que combina pedigree e informação genômica e I é a matriz identidade. Para os touros, foram calculados os valores de habilidade de transmissão predita (PTA, do inglês *Prediction Transmission Ability*) dividindo o valor genômico do touro por 2 e a PTA padronizada (STA, do inglês *Standard Transmitting Abilities*), considerando o ponto médio STA = 0.

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas para as características na escala original estão na Tabela 1. O número médio de estruturas obtidas foi de 15,52 para OV, 20,07 para TO e 3,95 para EMBR e máximo de 268 (OV), 320 (TO) e 81 (EMBR). As estatísticas descritivas variaram proporcionalmente de acordo com um estudo realizado anteriormente com uma amostra menor deste banco de dados (ROCHA et al., 2022). O número mínimo de aspirações por doadora foi de 2 e máximo de 85. Os valores genéticos médios foram -0,012, -0,016, -0,032, os valores mínimos foram -1,211, -1,213 e -1,066 e os máximos foram 1,211, 1,163 e 1,219 para OV, TO e EMBR, respectivamente.

Tabela 1. Estatísticas descritivas^a para número de oócitos viáveis (OV), número total de oócitos (TO), número de embriões (EMBR), idade na data da aspiração, intervalo de aspiração (IAsp) e número de aspirações (NAsp) por doadora.

	Número de observações	Quantidade de estruturas	Média±DP	MIN	MAX	CV	VG médio	VG MIN	VG MAX
OV	102.832	1.596.351	15,52±12,10	0	268	77,95	-0,012	-1.211	1.211
TO	99.399	1.995.405	20,07±14,39	0	320	71,67	-0,016	-1.213	1.163
EMBR	102.804	406.206	3,95±4,27	0	81	108,09	-0,032	-1.066	1.219
Idade (anos)	--	--	5,95±3,10	1	17	52,14			
IAsp (dias)	--	--	83,67±160,94	0	4163	192,35			
NAsp	--	--	17,96±14,10	2	85	78,49			

^aDP: desvio padrão; MIN: mínimo (0 é mínimo no intervalo de aspiração quando houve duas amostras da mesma vaca coletada no mesmo dia e fertilizada com sêmen de touros diferentes); MAX: máximo; CV: coeficiente de variação; VG: valor genômico; OV, TO e EMBR estão na escala original.

Para inclusão no sumário de touros Gir Leiteiro, foi selecionada apenas a característica TO para o cálculo da PTA e da STA dos 9.251 touros do arquivo de pedigree, devido a sua alta correlação com OV e EMBR identificada anteriormente em uma amostra menor deste banco de dados (ROCHA et al., 2022) e, também, por ser a primeira característica obtida das três avaliadas. Os valores de PTA variaram de -0,54 até 0,42 a STA variou -6 a 6 (Figura 1). A STA é usada para representar as médias de forma padronizada pela forma da curva de distribuição normal, que nos sumários de touros Gir geralmente varia de -3 a +3 (PANETTO et al., 2025). As características no sumário de touros Gir Leiteiro foram avaliadas na escala original, enquanto as características de oócitos e embriões neste estudo foram transformadas em escala logarítmica, o que explicaria os valores de STA ultrapassarem o padrão (-3 a 3). Isso sugere que a forma gráfica que geralmente é usada nos sumários de touros não seria a melhor forma de apresentação dos resultados.

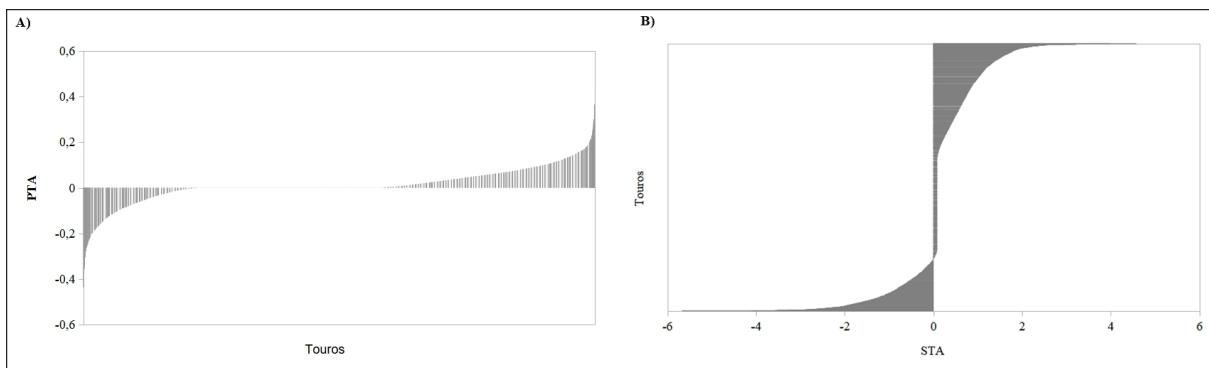


Figura 1. Valores de (A) habilidade de transmissão predita (PTA) e de (B) PTA padronizada (STA) para a característica número total de oócitos para 9.251 touros da raça Gir

Em sumários de touros, quando se compara a PTA para produção de leite de dois touros, por exemplo, a interpretação é de que a diferença entre as PTAs desses touros represente o quanto as filhas do touro com PTA mais alta vão produzir em média a mais comparado às filhas do touro de PTA mais baixa (PANETTO et al, 2025). No entanto, essa interpretação só pode ser aplicada diretamente às características avaliadas na escala original. Assim, para as PTAs obtidas para oócitos e embriões, a mesma interpretação não seria viável, devido aos valores estarem transformados em escala logarítmica. Foi cogitada a transformação reversa dos valores genômicos usando exponencial para a apresentação dos resultados em sumários de touros, mas não seria recomendável por serem estimativas dos valores transformados, isto é, valores esperados e não observações diretas. Assim, a transformação causaria viés de interpretação, pois o modelo ajustado não foi construído para prever a escala original.

Ainda assim, os valores genômicos obtidos para oócitos e embriões transformados em escala logarítmica são proporcionais às medidas originais coletadas, ou seja, espera-se que as filhas de touros com o valor genômico positivo e alto para número total de oócitos produzirão em média mais oócitos do que as filhas de touros com valor genômico baixo ou negativo.

Conclusões

Os resultados em sumários de touros podem ser apresentados para apenas uma das características, como o total de oócitos por ser o primeiro fenótipo obtido. Esses resultados proporcionam uma nova característica que pode ser explorada por produtores de gado Gir Leiteiro na seleção dos animais por meio dos sumários de touros e, desta forma, promover o avanço no ganho genético dos rebanhos leiteiros. A forma de apresentar os resultados para os produtores nos sumários de touros pode ser feita por meio de tabela com os valores genômicos, mas pode ser aprimorada futuramente para as PTA ou STA.

Agradecimentos

Aos produtores que forneceram os dados, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à FAPEMIG (APQ-02750-2), Embrapa Gado de Leite, à Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG), ao Ministério da Ciência Tecnologia e Inovação (MCTI) e ao Instituto Nacional de Ciências e Tecnologia em Ciência Animal (INCT-CA) pelo apoio financeiro.

Literatura citada

LOURENCO, D.; TSURUTA, S.; MASUDA, Y.; BERMANN, M.; LEGARRA, A.; MISZTAL, I. **Recent updates in the BLUPF90 software suite.** In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 12., 2022, Rotterdam. *Proceedings*. Rotterdam, 2022.

PANETTO, J. C. C. et al. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro:** sumário brasileiro de touros: 8^a avaliação genômica de touros: resultado do teste de progénie. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 125 p., 2025.

ROCHA, R. F. B. et al. Repeatability and random regression models to estimate genetic parameters for oocyte and embryo production in the Gir breed. *Animal Production Science*, v. 62, n. 17, p. 1661-1670, 2022.

VIANA, J.H.M. **2023 statistics of embryo production and transfer in domestic farm animals.** In: Embryo Technology Newsletter, v. 42, n. 4, 2024. Disponível em: <https://www.iets.org>. Acesso em: 20 set. 2025.