

ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VOLUME TESTICULAR MÉDIO E CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À QUALIDADE SEMINAL DE TOUROS NELORE JOVENS

Dyomar Toledo Lopes¹, Marco Antônio de Oliveira Viu¹, Claudio de Ulhôa Magnabosco², Carina Ubirajara de Faria³, Henrique Trevizoli Ferraz⁴, Vanessa Barbosa⁵

¹Prof. Adj. Curso de Medicina Veterinária/UFG/CAJ, Jataí-GO. E-mail: dyomix@yahoo.com.br; marcoviu@yahoo.com.br;

²Pesquisador da Embrapa Cerrados/Arroz e Feijão, Planaltina-DF. E-mail: mclaudio@cpac.embrapa.br

³Profª. Adj. Depto. de Zootecnia/UFU, Uberlândia-MG. E-mail: carinauf@yahoo.com.br

⁴Pós-graduando em Ciência Animal/UFG, Goiânia-GO. E-mail: htferraz@gmail.com

⁵Chefe do Escritório Regional da ABCZ, Belo Horizonte-MG. E-mail: barbosa_v@hotmail.com

Resumo: Objetivou-se estimar parâmetros genéticos, utilizando a inferência bayesiana, para as características perímetro escrotal (PE), volume testicular médio (VTM) e algumas características associadas à qualidade seminal, visando identificar o melhor critério de seleção para qualidade seminal em touros jovens da raça Nelore. Submeteu-se à avaliação andrológica e aferição da biometria testicular 1.265 touros Nelore com idade média de 21 meses, criados a pasto, nos anos de 2001 a 2007. As estimativas de herdabilidade para PE, VTM e defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT) foram 0,45; 0,32; 0,13; 0,06; e 0,14, respectivamente. As correlações genéticas do PE com VTM, DMA, DME e DT foram 0,82; -0,24; -0,04; e -0,18, respectivamente. As correlações do VTM com DMA, DME e DT foram -0,56; -0,26; e -0,53, respectivamente. Os resultados permitem concluir que as características PE e VTM possuem variância genética aditiva suficiente para serem utilizadas como critério de seleção. As correlações mostraram que entre as características biométricas estudadas o VTM seria a característica mais adequada para seleção, quando o objetivo é obter progresso genético para qualidade seminal de touros da raça Nelore.

Palavras-chave: andrologia, inferência bayesiana, zebuínos

GENETIC ASSOCIATIONS AMONG TESTICULAR MEDIUM VOLUME AND TRAITS ASSOCIATED TO SEMINAL QUALITY OF NELORE YOUNG BULLS

Abstract: This work aimed to estimate genetic parameters for scrotal perimeter (PE), testicular medium volume (VTM) and some other traits associated with the seminal quality, using the bayesian inference, in order to identify the best selection criterion for seminal quality in young Nelore bulls. The animals, ranging at the pasture with medium age of 21 months, were submitted to breeding soundness examination and was checked their testicular biometry, during the period from 2001 to 2007. The heritability estimates for PE, VTM, larger defects (DMA), smaller defects (DME) and total ones (DT) were 0.45, 0.32, 0.13, 0.06 and 0.14, respectively. The correlations between PE with VTM, DMA, DME, DT were 0.82, -0.24, -0.04 and -0.18, respectively. The correlations between VTM with DMA, DME and DT were -0.56, -0.26 and -0.53, respectively. The results allow to conclude that, among the studied traits, PE and VTM have additive genetic variance enough to be used as selection criterion. The correlations, among all evaluated traits, showed that VTM would be more appropriate for use as selection criterion, when the objective is to obtain genetic progress for seminal quality of Nelore bulls.

Keywords: andrology, bayesian inference, zebu cattle

Introdução

A seleção dos machos que serão utilizados como reprodutores é uma das etapas mais importantes para os rebanhos que adotam o sistema de monta natural, principalmente ao considerar que o touro transmite 50% do seu patrimônio genético a um grande número de filhos

(QUIRINO, 1999). Embora poucos deles sejam estéreis, existe grande variação em sua fertilidade, especialmente nos rebanhos não selecionados.

O perímetro escrotal (PE), atualmente, é a principal característica reprodutiva utilizada como critério de seleção. No entanto, na preocupação de aumentar a precisão da escolha de reprodutores, estão sendo introduzidos novos conceitos além do PE, como por exemplo, o volume testicular médio (VTM). No entanto, para que se possa introduzir novas características como critério de seleção é importante estimar seus componentes de (co)variância e parâmetros genéticos, para que se conheça a possibilidade de sucesso com a seleção para essas novas características.

Objetivou-se com o presente estudo estimar, utilizando a inferência bayesiana, os parâmetros genéticos e associações das características PE, VTM e defeitos espermáticos maiores (DMA), defeitos espermáticos menores (DME) e defeitos espermáticos totais (DT), visando identificar o melhor critério de seleção para qualidade seminal em touros jovens da raça Nelore.

Material e Métodos

O banco de dados foi obtido a partir de 1.265 avaliações andrológicas realizadas em touros Nelore criados a pasto, com idade entre 17 e 24 meses, nos anos de 2001 a 2007, em quatro fazendas localizadas no Centro-Oeste do Brasil.

As avaliações andrológicas foram realizadas seguindo os critérios preconizados pelo Colégio Brasileiro de Reprodução Animal. A mensuração do PE foi realizada com fita métrica no maior diâmetro da bolsa testicular; as medidas de largura e comprimento dos testículos foram obtidas com o uso do paquímetro digital Starret® cat. nº 727-6/150. O volume testicular foi calculado segundo Bailey et al. (1998), empregando-se a fórmula: $VT = 4/3(\pi)(L/2)(W/2)^2$ onde VT é o volume testicular; L é o comprimento testicular; W é a largura testicular; e π é a constante 3,14. O volume testicular médio (VTM) foi a média aritmética do volume dos testículos esquerdo e direito, calculados segundo Bailey et al. (1998).

As análises de crítica e consistência dos dados foram realizadas por meio do procedimento UNIVARIATE (SAS, 2000).

Na estimação dos parâmetros genéticos, utilizou-se a inferência bayesiana por meio do software THRGIBBS1F90 (TSURUTA e MIZTAL, 2006), sob modelo animal. Considerou-se como efeitos fixos o grupo de contemporâneos e o ano de coleta, além da idade do animal no momento da coleta como covariável. O modelo completo pode ser representado em notação matricial como: $y = X\beta + Z_1a + e$ em que 'y' é o vetor das observações (características andrológicas), ' β ' é o vetor dos efeitos fixos, 'a' é o vetor dos efeitos aleatórios residuais, 'e' o vetor de efeitos aleatórios residuais, 'X' e 'Z₁' são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos, aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e aos efeitos aleatório residuais, respectivamente. O arquivo de genealogia incluiu 2.224 animais da raça Nelore.

As características foram analisadas de forma univariada com intuito de obter as estimativas de componentes de variância e, posteriormente, de forma bivariada, obtendo-se, assim as variâncias e covariâncias, as correlações genéticas aditivas e as herdabilidades das características em estudo.

Na implementação da Amostragem de Gibbs foi utilizado um tamanho de cadeia inicial de 1.000.000 de ciclos, sendo que os primeiros 300.000 ciclos foram descartados e as amostras retiradas a cada 1.000 ciclos, totalizando 700 amostras iniciais.

Neste estudo, para o parâmetro ν , que corresponde ao grau de liberdade da distribuição Wishart Invertida indicando o grau de confiabilidade da distribuição inicial, foi de valor zero, ou seja, não refletia nenhum grau de conhecimento sobre os parâmetros.

O erro de Monte Carlo, de grande utilidade para garantir a convergência das cadeias de Monte Carlo, foi estimado calculando a raiz da variância das amostras retiradas para cada componente de (co)variância e dividindo esta variância pelo número de amostras.

Resultados e Discussão

O uso de animais precoce em estações reprodutivas é uma questão importante, dado o déficit de touros devidamente testados e selecionados para trabalhar como reprodutores, além de acelerar o

ganho genético através da seleção por reduzir o intervalo de gerações. No presente estudo dos 1.265 touros avaliados, 880 (69,56%) foram considerados aptos à reprodução e 385 (30,43%) foram considerados imaturos sexualmente. Corroborando assim a possibilidade de uso de animais precoces.

Os valores médios do PE, VTM e defeitos espermáticos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT) foram $32,04 \pm 2,99$ cm; $293,33 \pm 110,30$ cm³; $12,63 \pm 10,8\%$; $6,40 \pm 6,34\%$; e $19,03 \pm 12,47\%$, respectivamente. Estes valores estão próximos aos encontrados na literatura especializada (QUIRINO, 1999; SILVEIRA, 2004).

Na Tabela 1 está sumarizada a estatística descritiva da herdabilidade das características estudadas. Observa-se que os valores de média, moda e mediana foram próximos para quase todas as características reprodutivas estudadas. Este comportamento das estimativas sugere que a convergência da cadeia de Gibbs foi atingida, sendo que as distribuições marginais posteriores dos componentes de variância tenderam a uma distribuição normal (SILVA et al., 2005). Ressalta-se também o pequeno Erro de Monte Carlo, indicando que o tamanho da cadeia de Gibbs foi suficiente para obter estimativas precisas das médias posteriores.

Tabela 1. Estatística descritiva das estimativas de herdabilidade das características perímetro escrotal (PE), peso testicular médio (VTM) e os defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT), obtidas a partir de análises bayesianas univariadas sob modelo animal.

	Herdabilidades				
	PE	VTM	DMA	DME	DT
Média	0,45	0,32	0,13	0,06	0,14
Moda	0,46	0,32	0,08	0,04	0,08
Mediana	0,45	0,32	0,11	0,05	0,13
EMC ¹	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001
RC ²	0,26 – 0,64	0,15 – 0,52	0,01 – 0,31	0,00 – 0,13	0,02 – 0,29

¹ Erro Padrão de Monte Carlo; ² Região de Credibilidade a 95%

O uso da inferência bayesiana em estudo de melhoramento genético para características reprodutivas ainda é carente, o que dificulta a comparação dos resultados do presente estudo com outros obtidos usando a mesma metodologia.

Observa-se que as estimativas de herdabilidade para as características PE (0,46) e VTM (0,33) podem ser consideradas de moderada a alta magnitude. Estes resultados evidenciam a existência de variabilidade genética para estas características dentro da raça Nelore, sendo assim, é possível o melhoramento genético via seleção direta para as mesmas.

Em se tratando de defeitos espermáticos os valores de herdabilidade para DMA (0,08), DME (0,04) e DT (0,08) podem ser considerados de baixa magnitude. Esse resultado reflete a baixa variância genética aditiva. Sendo assim, o ganho genético por seleção seria muito pequeno, porém permanente e benéfico do ponto de vista econômico, dado a importância da eficiência reprodutiva em um sistema de produção animal.

Na Tabela 2, observa-se alta correlação entre PE e VTM (0,82), indicando que ao selecionar para uma característica haverá melhoria da outra e também que a expressão dessas características é determinada, em grande parte, pelo mesmo conjunto de genes.

Tabela 2. Correlações genéticas aditivas (diagonal superior) e Erro Padrão de Monte Carlo (diagonal inferior) entre perímetro escrotal (PE), peso testicular médio (VTM) e os defeitos maiores (DMA), menores (DME) e totais (DT), obtidas a partir de análises bayesianas bivariadas sob modelo animal.

Características	PE	VTM	DMA	DME	DT
PE	-	0,82	-0,24	-0,04	-0,18
VTM	0,0038	-	-0,56	-0,26	-0,53
DMA	0,0019	0,0022	-	-	-
DME	0,0045	0,0072	-	-	-
DT	0,0077	0,0021	-	-	-

De maneira geral, as correlações entre PE e as características relacionadas à qualidade seminal DMA (-0,24), DME (-0,04) e DT (-0,18) foram negativas e de baixa magnitude, isto reforça a idéia de que esta característica estaria mais associada à precocidade sexual do que aos aspectos qualiquantitativos do sêmen. No entanto, as correlações entre VTM e defeitos espermáticos DMA (-0,56), DME (-0,26) e DT (-0,53) podem ser consideradas de moderada magnitude. Sugere-se assim que, dentre as características biométricas estudadas, o VTM é a melhor opção para a seleção indireta das características relacionadas à qualidade seminal. Resultados semelhantes foram relatados por Silveira (2004).

Conclusões

Os resultados sugerem que as características PE e VTM podem ser usadas como critério de seleção. Quando o objetivo é obter progresso genético para qualidade seminal, a seleção para VTM mostrou-se mais adequada, dado a herdabilidade de moderada magnitude e suas associações com os aspectos qualiquantitativos do sêmen.

Referências Bibliográficas

BAILEY, T. L.; HUDSON, R. S.; POWE, T. A.; et al. Caliper and ultrasonographic measurements of bovine testicle and mathematical formula for determining testicular volume and weight in vivo. **Theriogenology**, Stoneham, v.49, n.10, p.581-598, 1998.

QUIRINO, C. R. **Herdabilidades e correlações genéticas entre medições testiculares, características seminais e libido em touros Nelore**. Belo Horizonte, 1999. 104p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal de Minas Gerais.

SAS - User's Guide: statistics. 5.ed. Cary: SAS Institute, 2000. 1028p.

SILVA, J.A.V.; DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1568-1572, 2005.

SILVEIRA, T. S. **Estádio de maturidade sexual e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de características reprodutivas e ponderais, em touros da raça Nelore**. 2004, 137p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa - UFV. Viçosa - Minas Gerais.

TSURUTA, S.; MIZTAL, I. THRGIBBS1F90 for estimation of variance components with threshold and linear models. In: PROC. 8th WORLD CONGR. GENET. APPL., 2006. **Proceedings...** Livestok Production, 2006, p. 253.