

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA**

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PERÍODO DE GESTAÇÃO  
EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.**

Caroline Pereira de Abreu  
*Magister Scientiae*

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2024**

**CAROLINE PEREIRA DE ABREU**

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PERÍODO DE GESTAÇÃO  
EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Delvan Alves da Silva

Coorientadores: Paulo Savio Lopes  
Cláudio Napolis Costa

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2024**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

A162e  
2024

Abreu, Caroline Pereira de, 1999-  
Estimação de parâmetros genéticos para período de  
gestação em bovinos da raça holandesa / Caroline Pereira de  
Abreu. – Viçosa, MG, 2024.  
1 dissertação eletrônica (62 f.): il. (algumas color.).

Inclui apêndices.

Orientador: Delvan Alves da Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Zootecnia, 2024.

Referências bibliográficas: f. 47-53.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.798>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Bovinos - Melhoramento genético. 2. Bovinos -  
Reprodução - Medição. I. Silva, Delvan Alves da, 1991-.  
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Zootecnia.  
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 636.20821

**CAROLINE PEREIRA DE ABREU**

**ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PERÍODO DE GESTAÇÃO  
EM BOVINOS DA RAÇA HOLANDESA.**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 2 de setembro de 2024.

Assentimento:

---

Caroline Pereira de Abreu  
Autora

---

Delvan Alves da Silva  
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pela autora em 28/11/2024 às 18:13:27 e pelo orientador em 02/12/2024 às 10:21:05. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **18X3.13PO.YDZQ** e clique no botão 'Validar documento'.

*A minha amada avó, Dona Maria, sua presença eterna me guia nos momentos de dificuldade e ilumina minhas vitórias. Sua memória é um tesouro que carrego comigo todos os dias e para sempre.*

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por ser refúgio nos momentos difíceis e por ter me sustentado até aqui. Sem Ele nada disso seria possível.

Aos meus pais, Aparecida e Ivair (in memoriam), por sempre apoiarem minhas escolhas e por nunca medirem esforços para que nada me faltasse.

À minha família, por ter sido minha base e inspiração ao longo desses anos, e por me mostrarem que, independentemente de tudo, sempre terei para onde voltar.

Ao meu orientador, por toda ajuda, apoio e paciência. Serei sempre grata por sua orientação e pela confiança depositada em mim.

Ao professor Paulo Sávio, Dr. Cláudio e Alessandra por toda ajuda e ensinamento. Suas orientações foram fundamentais para a concretização deste trabalho.

Aos professores do departamento por todo conhecimento passado, em especial aos professores da área do melhoramento, Renata, Daniele, Simone.

Aos meus amigos que sempre me encorajaram e fizeram meus dias mais leves, principalmente aos amigos que fiz no GDMA, os quais me ajudaram e apoiaram quando tudo parecia não dar certo.

À banca examinadora, pela honra em aceitar o convite para participarem dessa defesa.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia pela oportunidade e acolhimento por todos esses anos.

A todos que fizeram parte dessa jornada, meu mais sincero muito obrigada!

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

## RESUMO

ABREU, Caroline Pereira de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2024. **Estimação de parâmetros genéticos para período de gestação em bovinos da raça Holandesa.** Orientador: Delvan Alves da Silva. Coorientadores: Paulo Savio Lopes e Cláudio Napolis Costa.

A inclusão do período de gestação (PG) nos programas de melhoramento da raça de bovinos Holandesa pode ser importante para selecionar animais com um PG ideal, com objetivo de reduzir partos distócicos e abortos. A modelagem genética do PG tem sido variada, definindo-o como fenótipo da vaca ou do bezerro. Neste contexto, considera-se avaliar essa característica como fenótipo do bezerro para se proporcionar maior oportunidade de resposta à seleção. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos utilizando diferentes modelos para ajustar período de gestação como fenótipo da vaca ou do bezerro em bovinos da raça Holandesa no Brasil. O banco de dados incluindo informações de 339.510 registros de PG foi fornecido pela Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) e disponibilizado pela Embrapa Gado de Leite. Para definir o melhor modelo para avaliar o PG, foram contrastados um total de 16 modelos, nos quais o PG foi definido em dois conjuntos de oito modelos: como fenótipo da vaca (MOD1 a MOD8) ou como fenótipo do bezerro (MOD9 a MOD16). Os modelos diferiram em relação aos efeitos maternos, efeitos do touro de serviço, efeito ambiental permanente da vaca e efeito ambiental permanente paterno e foram comparados por: qualidade do ajuste usando o Deviance Information Criterion (DIC), estimativas de parâmetros genéticos e capacidade preditiva (usando o método de regressão linear – LR). O coeficiente de correlação de classificação de Spearman entre os valores genéticos preditos (EBVs) foi usado para avaliar a potencial reclassificação de animais entre os modelos. A contribuição de informações genômicas, por meio da abordagem da ssGBLUP, na predição genética para o PG também foi avaliada. As estimativas de herdabilidade diferiram entre os modelos, variando de 0,20 a 0,21 para os modelos em que o PG foi avaliado como fenótipo da vaca e de 0,14 a 0,69 para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. O MOD4 (que incluiu os efeitos genético aditivo direto da vaca e ambiental permanente do touro de serviço) e MOD16 (que incluiu os efeitos genético aditivo direto do bezerro, materno, paterno, ambiental permanente materno e ambiental permanente paterno) apresentaram melhores resultados para o DIC e capacidade preditiva. O MOD16 apresentou maior acurácia (0,38) e menor viés (0,55) em comparação com

o MOD4 (acurácia de 0,31 e viés de 0,68). Os modelos MOD15 e MOD16, apresentaram os maiores valores de correlação de rank com os demais modelos, variando de 0,71 a 0,94 e 0,68 a 0,95, respectivamente. A inclusão de informação genômica nos modelos resultou em maior acurácia e dispersão, menor viés e maior correlação entre os valores genéticos-genômicos (GEBVs) preditos usando o arquivo de dados reduzidos e GEBVs preditos usando os dados completos. No contexto geral, o MOD16, considerando o PG como fenótipo do bezerro, resultou em melhor ajuste e melhor capacidade preditiva para a avaliação genética de bovinos Holstein no Brasil. Os resultados com a inclusão de informação genômica reforçam sua importância nas avaliações genéticas.

Palavras-chave: avaliação genética. componentes de variância. efeito materno. eficiência reprodutiva. parâmetros genéticos. seleção genômica.

## ABSTRACT

ABREU, Caroline Pereira de, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September, 2024. **Estimation of genetic parameters for gestation length in Holstein cattle.** Adviser: Delvan Alves da Silva. Co-advisers: Paulo Savio Lopes and Cláudio Napolis Costa.

The inclusion of gestation length (GL) in Holstein cattle breeding programs can be crucial for selecting animals with an optimal GL, aiming to reduce dystocia and abortion rates. Genetic modeling of GL has varied, with some approaches defining it as a trait of either the cow or the calf. Here, we focus on evaluating GL as a calf phenotype to enhance selection response opportunities. This study aimed to estimate variance components and genetic parameters using various models to adjust GL as either a cow or calf phenotype in Holstein cattle in Brazil. The dataset, comprising 339,510 GL records, was provided by the Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) and made available by Embrapa Gado de Leite. Sixteen models were tested to determine the optimal model for evaluating GL, divided into two sets of eight models each: one where GL was defined as a cow phenotype (MOD1 to MOD8) and another as a calf phenotype (MOD9 to MOD16). Models differed in terms of maternal effects, service sire effects, permanent environmental effects of the cow, and permanent paternal environmental effects. Model comparisons were based on the Deviance Information Criterion (DIC), genetic parameter estimates, and predictive capacity (using linear regression - LR). The Spearman rank correlation coefficient between predicted genetic values (EBVs) was used to assess potential animal reclassification between models. The contribution of genomic information through the ssGBLUP approach was also evaluated for genetic prediction of GL. Heritability estimates varied by model, ranging from 0.20 to 0.21 for models where GL was considered a cow phenotype, and from 0.14 to 0.69 where GL was evaluated as a calf phenotype. MOD4 (including direct additive genetic effects of the cow and permanent environmental effects of the service sire) and MOD16 (including direct additive genetic effects of the calf, as well as maternal, paternal, permanent maternal environmental, and permanent paternal environmental effects) showed superior results in terms of DIC and predictive capacity. MOD16 achieved higher accuracy (0.38) and lower bias (0.55) than MOD4 (accuracy of 0.31 and bias of 0.68). Models MOD15 and MOD16 had the highest rank correlation values with other models, ranging from 0.71 to 0.94 and 0.68 to 0.95, respectively. Including genomic information in the models led to higher accuracy and dispersion, reduced bias, and higher correlation

between genomic breeding values (GEBVs) derived from reduced and complete datasets. Overall, MOD16, considering GL as a calf phenotype, provided a better fit and predictive capacity for genetic evaluation of Holstein cattle in Brazil. Results underscore the importance of genomic information in enhancing genetic evaluations.

Keywords: genetic evaluation. variance components. maternal effect. reproductive efficiency. genetic parameters. genomic selection.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	<b>10</b>
<b>2. OBJETIVO</b> .....	<b>12</b>
2.1 Objetivo geral .....	12
2.2 Objetivos específicos .....	12
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>12</b>
3.1. A Raça Holstein.....	12
3.2. Fisiologia .....	13
3.2.1 Reprodução.....	13
3.2.2 Gestação .....	14
3.3 Características reprodutivas e de parto.....	16
3.4 Análise do período de gestação .....	18
<b>4. MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	<b>19</b>
4.1 Dados de pedigree, fenótipos e genótipos .....	19
4.2 Análise Estatística.....	20
4.3 Comparação de modelos .....	24
4.4 Predição e validação genômica.....	26
<b>5. RESULTADOS</b> .....	<b>27</b>
5.1 Estatística descritiva .....	27
5.2 Comparação de modelos baseado na qualidade de ajuste .....	28
5.2.2 Comparação de modelos nas estimativas de componentes de covariâncias e parâmetros genéticos.....	29
5.2.3 Comparação de modelos na capacidade preditiva.....	36
5.3 Predição genômica .....	38
<b>6. DISCUSSÃO</b> .....	<b>39</b>
6.1 Estatística descritiva para PG .....	39
6.2 Comparação de modelos .....	41
6.3 Predição genômica .....	45
<b>7. CONCLUSÕES</b> .....	<b>46</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>46</b>
<b>ANEXO 1 – FÓRMULAS</b> .....	<b>54</b>
<b>MATERIAL SUPLEMENTAR</b> .....	<b>58</b>

## 1. INTRODUÇÃO

A raça Holandesa é a raça mais amplamente utilizada no mundo para produção de leite. No Brasil, vem sendo utilizada desde o início do século XX, com uma produção de 34.609.218 milhões de litros de leite no ano de 2022 (IBGE, 2023). Além de maior volume de produção entre as raças especializadas, também se destaca por uma maior eficiência reprodutiva, com primeira cobertura esperada entre 16 e 18 meses, e idade ao primeiro parto com cerca de 25 a 27 meses de idade, apresentando duração média da gestação de 277 dias e intervalos de partos entre 15 a 17 meses (ABCBRH, 2019).

A eficiência reprodutiva é um dos principais fatores que influenciam a produtividade do rebanho leiteiro (Silveira et al., 2018). No geral, as características reprodutivas de idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, taxa de concepção, dias em aberto, facilidade de parto, índice de natimortos e período de gestação estão associadas a maior produtividade e, portanto, têm sido as mais incluídas nas avaliações genéticas em programas de melhoramento para a raça Holandesa (Bergamaschi et al., 2010; Nogalski e Piwezynski, 2012).

O período de gestação (PG) é definido pelo período de intervalo entre a fertilização efetiva e o parto subsequente. Embora o PG tenha uma duração média relatada na maioria dos estudos de 280 dias, gestações com duração mais longas ou mais curtas podem estar associadas a um maior número de bezerros natimortos (Norman et al., 2009). Gestações mais curtas podem estar associadas a mortalidade de bezerros com baixo peso, devido à baixa capacidade de sobrevivência no parto prematuro, enquanto em gestações longas, as perdas podem ser ocasionadas por dificuldades no parto (distocia) de bezerros nascidos com maiores pesos (Nogalski e Piwezynski, 2012). Isso ocorre porque o PG possui correlação genética positiva com facilidade de parto e natimortos, apresentando uma correlação positiva moderada de 0,63 e 0,56, indicando que longas gestações estão associadas a redução de desempenho do parto (Nogalski e Piwezynski, 2012). Altas porcentagens de partos distócicos e natimortos têm sido observadas (8%) na maioria dos rebanhos nos EUA (Eaglen e Cole, 2020), indicando que é necessário encontrar um período ideal de gestação (Eaglen et al., 2012; Meijering, 1984; Nogalski e Piwezynski, 2012; Norman et al., 2011).

O PG também possui correlação genética positiva com outras características de importância econômica, tal como a produção de leite, gordura e proteína, indicando que um aumento na média do PG poderia levar a um melhor desempenho na lactação subsequente, talvez devido que com um PG mais longo haja um maior tempo de preparação do úbere para a

próxima lactação (Norman et al., 2011). Como relatado por Silva et al. (1992), essa correlação positiva entre PG e produção de leite poderia explicar o aumento do PG ao longo dos anos.

Os fatores ambientais também influenciam no PG. Vacas mais velhas tendem a ter um PG mais longo do que vacas mais jovens; bezerros machos apresentam um PG maior do que as fêmeas; vacas com alto nível de produção tendem a parir mais tarde quando comparadas com vacas de baixa produção; a duração da gestação para gêmeos é consideravelmente menor do que para parto simples; as raças possuem diferentes PG; o ambiente e outros fatores não-genéticos associados ao touro de serviço têm influência sobre a fertilidade, podendo impactar o PG. A época do ano também influencia diretamente a gestação; vacas que concebem na primeira metade do ano tendem a ter maior PG do que aquelas que concebem nos últimos meses do ano, e vacas que parem da primavera ao verão tendem a ter um PG mais curto do que as que parem no final do outono e durante o inverno (Weigel e Rekaya, 2000; Norman et al., 2009 e Tomasek et al., 2016).

A definição dos efeitos genéticos que influenciam o PG não está bem consolidada na literatura. Alguns estudos têm sugerido avaliar o PG como efeito genético direto da vaca (Chen et al., 2021), enquanto em outros há evidências de que os efeitos que influenciam a duração da gestação estão mais ligados aos bezerros do que às vacas, suas mães (Mucari et al., 2011; Meyer et al., 2000; Norman et al., 2009; Rocha et al., 2005). Por outro lado, o PG também é influenciado pelos genes que o bezerro herda do pai (Haile-Mariam e Pryce, 2019; Norman et al., 2011; Shi et al., 2023), podendo também ser importante avaliar o efeito genético direto do pai no modelo.

Dada a importância do PG para eficiência reprodutiva, avaliar a inclusão do PG nos programas de melhoramento da raça Holandesa pode ser importante para selecionar animais com um PG ideal, com objetivo de reduzir partos distócicos e abortos. Portanto, é essencial avaliar a melhor forma de definir o PG e o modelo mais apropriado para avaliar o PG nas avaliações genéticas futuras.

Vários estudos têm mostrado que a combinação simultânea de fenótipos, pedigree e informações genômicas na abordagem de predição genômica em único passo (ssGBLUP; Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010; Christensen e Lund, 2010) aumenta a acurácia do GEBV e pode ser menos tendencioso (por exemplo, Oliveira et al., 2019). No ssGBLUP, a matriz de relacionamento tradicional baseada em pedigree ( $A$ ) é substituída pela matriz  $H$  que integra  $A$  com uma matriz de relacionamento genômica ( $G$ ). Estudos têm mostrado a importância da inclusão da predição genômica ao avaliar o PG em vacas leiteiras (Haile-Mariam e Pryce, 2019; Kasná et al., 2020; Shi et al., 2023). Portanto, avaliar a inclusão de

informações genômicas na avaliação do PG é de grande importância para resultados mais acurados.

## **2. OBJETIVO**

### **2.1 Objetivo geral**

Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos utilizando diferentes modelos considerando o período de gestação como fenótipo da vaca ou do bezerro em bovinos, e avaliar a inclusão de informações genômicas, por meio da abordagem da ssGBLUP, na predição de valores genéticos para o período de gestação da raça Holandesa no Brasil.

### **2.2 Objetivos específicos**

- Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos para período de gestação em bovinos da raça Holandesa no Brasil;
- Definir o melhor modelo para a avaliação genética do período de gestação;
- Avaliar a contribuição da informação genômica para a avaliação genética do período de gestação em bovinos da raça Holandesa no Brasil.

## **3. REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.1. A Raça Holandesa**

A Raça de bovinos Holandês é uma raça europeia (*Bos taurus taurus*), entre as mais importantes e reconhecidas no mundo por sua produção de leite em volume. A raça é utilizada também no Brasil, principalmente no Sul do país, com sua chegada no país entre os anos de 1530 a 1535 (ABCBRH, 2015). Segundo a Associação Paulista dos Criadores de Gado Holandês (APCGH, 2023), mais de 2 milhões de animais da raça holandesa estão registrados no Brasil, com uma média de produção de 26 a 29 litros/dia. Além da alta produção, outra característica leiteira evidente nessa raça é a persistência na lactação, ou seja, a capacidade de manter a níveis elevados de produção após atingir o pico (Cobuci, et al. 2004).

As vacas Holandesas possuem pelagem fina e macia, comumente preta e branca ou vermelha e branca. Elas apresentam cabeça estreita com rosto longo, narinas amplas, chifres voltados para frente e uma natureza dócil, o que facilita o manejo (Rodrigues, 2016). Os animais são exigentes em relação ao clima, conforto e manejo, tendo dificuldade em se adaptar a climas mais quentes, como os encontrados em muitas regiões do Brasil. Apesar dessas exigências

relacionadas ao clima, é uma das raças mais importadas em termos de material genético devido à sua alta produção de leite. A temperatura crítica para esses animais, onde o consumo de alimentos e a produção de leite começam a cair, está na faixa de 24 a 26° C (ABCBRH, 2015).

## **3.2. Fisiologia**

### **3.2.1 Reprodução**

A puberdade das fêmeas Holandesa ocorre entre 9 e 12 meses (SimBrasil, 2009). É essencial observar as condições corporais das novilhas destinadas à reprodução para garantir que elas estejam aptas a suportar uma gestação, minimizando riscos de complicações durante o parto. Avaliar a maturidade sexual associada ao desenvolvimento adequado das novilhas é crucial para um manejo reprodutivo eficiente.

O ciclo estral das fêmeas bovinas ocorre em intervalos de 19 a 23 dias, sendo geralmente mais curtos nas novilhas do que nas vacas. Esses ciclos são divididos em quatro fases: proestro, estro, metaestro e diestro. A fase do proestro antecede o estro e é marcada pelo crescimento e maturação dos folículos ovarianos. Durante o estro, que dura de 8 a 18 horas, a fêmea está receptiva à cópula. A ovulação ocorre no metaestro, seguida pelo desenvolvimento do corpo lúteo, e é comum observar sangramento pela vulva nas fêmeas, especialmente nas raças europeias. O diestro é a fase mais longa do ciclo, caracterizada pela presença de um corpo lúteo ativo (Niciura, 2008; Santos et al., 2012; Silva, 2022).

Como descrito por Niciura (2008), a regulação dos eventos do ciclo estral das fêmeas bovinas é controlada pelos hormônios do eixo hipotálamo-hipófise-ovários. O Hormônio Liberador de Gonadotrofinas (GnRH), produzido pelo hipotálamo, estimula a liberação de gonadotrofinas pela hipófise anterior: Hormônio Folículo Estimulante (FSH) e Hormônio Luteinizante (LH). Estes hormônios, induzem a produção de estradiol e progesterona, pelos ovários, os quais regulam as distintas fases do ciclo estral (Moraes et al., 2002; Niciura, 2008). Assim, o ciclo estral se divide em duas principais fases: a fase folicular, com alta secreção de estradiol, e a fase luteínica, com alta secreção de progesterona. Os períodos de proestro e estro ocorrem durante a fase folicular, enquanto o diestro ocorre na fase luteínica (Niciura, 2008; Santos et al., 2012). A secreção de progesterona é mantida até o reconhecimento materno da gestação. Nesse momento, se a gestação não é estabelecida, o endométrio passa a secretar prostaglandina F2 $\alpha$  (PGF2 $\alpha$ ), induzindo a lise do corpo lúteo (luteólise), e iniciando um novo ciclo estral (Silva, 2022).

Caso ocorra a fertilização, inicia-se o período gestacional, caracterizado pela presença de conceito no útero. A produção de progesterona é inicialmente mantida pelo corpo lúteo e posteriormente pela placenta, impedindo assim o início de um novo ciclo estral. A gestação de vacas de origem europeia tem uma duração média de 280 dias, podendo variar fisiologicamente em 15 dias, durante esse período, o útero se dilata para acomodar o feto em desenvolvimento (Niciura, 2008).

### 3.2.2 Gestação

A gestação em bovinos envolve uma série de adaptações fisiológicas que suportam o desenvolvimento do feto até o parto, sendo este o principal objetivo dos programas reprodutivos (Silva, 2022; Soma-Pillay et al., 2016). O processo se inicia com a fertilização, onde os gametas se unem para formar o zigoto, dando início ao desenvolvimento de um novo indivíduo. Esse processo pode ser prejudicado por diversos fatores, como a alta produção de leite em vacas, o aumento da ordem de parição, e por fatores ambientais como o estresse térmico (Bergamaschi, et al. 2010).

Após a fertilização, o zigoto se divide rapidamente, formando uma estrutura de duas células, sendo então chamado de embrião. O embrião continua a se dividir, formando quatro, oito, dezesseis células, e por volta do sétimo dia, já possui mais de 80 células. Esse estágio embrionário se mantém até a conclusão da organogênese, que ocorre entre 42 a 45 dias de gestação, quando os órgãos começam a se desenvolver e o embrião adquire características fenotípicas da espécie, passando a ser denominado feto. A gestação total dura cerca de 280 dias (Alfieri et al., 2019; Campos et al., 2011; Niciura, 2008; Silva, 2022).

Uma alta proporção de embriões não sobrevive até o reconhecimento materno da gestação nas vacas leiteiras devido a diversas causas, podendo ser relacionadas ao embrião ou ao ambiente uterino. A principal razão pela falha na concepção é o atraso no desenvolvimento embrionário, que leva a uma insuficiência na produção interferon- $\tau$  pelo embrião (Silva, 2022). Para que a gestação seja mantida, é importante que o embrião suprima a secreção de PGF2 $\alpha$ , o que é feito pela produção de interferon- $\tau$ .

O parto resulta de uma interação complexa entre os hormônios maternos e sinais relacionados ao feto (Facciotti, 2009; Silva, 2020). À medida que o parto se aproxima, ocorrem alterações nos níveis dos hormonais: há uma diminuição nos níveis de progesterona circulante e um aumento nos estrogênios. Esses estrógenos estimulam a síntese e secreção de PGF2 $\alpha$ , um componente crucial para o início do parto, responsável por induzir contrações uterinas e promover o relaxamento do colo do útero.

Quando o feto atinge a maturidade, através do desenvolvimento do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal, há um aumento na concentração de corticosteroides plasmáticos. Esses corticosteroides estimulam as enzimas placentárias responsáveis por transformar a progesterona em estrogênio. Isso resulta na diminuição dos níveis de progesterona e no aumento na concentração de estrogênios, que, por sua vez, estimulam a liberação de PGF2 $\alpha$ . Essas alterações hormonais necessárias são necessárias no organismo materno para iniciar o parto (Silva, 2020). Portanto, nos animais domésticos, o feto tem um papel decisivo na determinação da data do parto, sinalizando sua maturidade para nascer.

A gestação pode ser influenciada por fatores genéticos da vaca, do feto e do reprodutor paterno do feto. Além da contribuição epigenética e genética, o touro pode interferir na gestação e na formação do feto por meio de fatores biológicos, comportamentais e ambientais (Giannubilo, et al. 2024). Em humanos, por exemplo, Giannubilo et al. (2024) mencionaram que a qualidade do esperma, obesidade e nutrição paterna estão relacionadas à taxa de fertilização e ao desenvolvimento do embrião, podendo impactar na placentação, bem como na saúde fetal e da futura prole. A idade paterna avançada é um fator de risco conhecido em casos de aborto espontâneo. Fang et al. (2019) demonstraram a importância do genoma paterno e do epigenoma para a duração da gestação, fornecendo evidências de que as alterações na metilação dos espermatozoides influenciam no desenvolvimento fetal e, conseqüentemente, a duração da gestação.

Fang et al. (2019) ao realizarem um Estudo de Associação Genômica Ampla (GWAS), encontraram nove regiões de QTL nos cromossomos *Bos Taurus* (BTA) 4, 5, 7, 10, 14, 18, 19 e 28. Através de um mapeamento fino dessas regiões, foram determinados 25 genes candidatos para o PG, sugerindo que todos esses genes afetam a gestação. O QTL mais significativo para o PG foi encontrado no BTA18, com o *ZNF613* identificado como gene candidato para contribuições paternas ao PG. Trabalhos adicionais, como os de Chen et al. (2021) e Müller et al. (2017), também destacaram o cromossomo BTA18 como potencialmente de importância para o desempenho do parto.

Fang et al. (2019) mostraram que o gene *ZNF613* possui uma Região Diferencialmente Metilada (DMR) em seu segundo íntron, a qual também está associada a características como facilidade de parto do touro, profundidade corporal e taxa de concepção da vaca. Com isso, observaram que animais com gestação prolongada possuíam níveis de metilação mais baixos na DMR dessas características. Isso sugere que a perda de metilação no segundo íntron de *ZNF613* pode estar associada a uma maior taxa de concepção, gestação mais longa, maior dificuldade no parto e maior tamanho corporal.

### 3.3 Características reprodutivas e de parto

Para que a alta e eficiente produção de leite das vacas Holandesa seja mantida, é crucial considerar a saúde reprodutiva dos animais. É de suma importância o acompanhamento reprodutivo constante, tanto das fêmeas quanto dos machos. Além disso, observar e identificar causas potenciais que possam comprometer a produção e conseqüentemente a reprodução deve ser uma prioridade para o produtor (Bergamaschi et al., 2010). A atenção a esses detalhes não só assegura a maximização da produção, mas também a lucratividade da bovinocultura leiteira.

A crescente percepção da importância econômica da eficiência reprodutiva tem incentivado a inclusão dessas características nos programas de avaliação genética. O que visa a obtenção de mérito genético, tanto para a seleção direta quanto para inclusão em índices de seleção, com o objetivo de identificar animais de maior eficiência, os quais impactarão diretamente no desempenho do rebanho e na rentabilidade da atividade leiteira (Bergamaschi et al., 2010). Algumas das importantes características que determinam a eficiência reprodutiva de um rebanho são a idade ao primeiro parto, números de serviços por concepção, dias abertos e intervalo entre partos.

A idade ao primeiro parto é o período do nascimento da novilha até atingir a puberdade e se reproduzir pela primeira vez. Na raça Holandesa, a herdabilidade dessa característica varia entre 0,034 a 0,10 (Atashi et al., 2021; BrzÁková et al., 2019; Heise et al., 2018). O número de serviços por concepção é a razão entre o número de acasalamentos pelo número de animais que conceberam, variando na raça Holandesa de 0,02 a 0,06 (Bergamaschi et al., 2010; Kgari et al., 2022). Os dias abertos (ou período de serviço), que representam o intervalo entre o parto até a concepção subsequente, têm uma herdabilidade reportada entre 0,038 a 0,05, indicando uma baixa influência genética (BrzÁková et al., 2019; Kgari et al., 2022). O intervalo entre partos, período entre dois partos consecutivos, também apresenta uma herdabilidade baixa, entre 0,034 a 0,06 em vacas Holstein (Atashi et al., 2020; BrzÁková et al., 2019).

As respostas à seleção das características reprodutivas são baixas devido às herdabilidades baixas. Porém, é crucial incluir essas características nos objetivos de seleção para evitar o comprometimento de níveis desejados, devido ao seu antagonismo genético com produção de leite e características funcionais, que geralmente recebem maior atenção nos programas de seleção (Bergamaschi et al., 2010; Silveira et al., 2018). Essa correlação desfavorável pode ter sido o que resultou em um declínio de saúde e fertilidade, gerando perdas econômicas devido a partos prolongados, aumento do custo de inseminação e maiores taxas de abate.

Quanto às características relacionadas com o parto, podemos destacar a facilidade de parto, índice de natimortos, taxa de abortos, taxa de prenhez, peso ao nascimento, e a duração da gestação. As características relacionadas com parto também apresentam uma baixa resposta à seleção devido à baixa herdabilidade. Eaglen e Colen (2020) mencionam que uma maior dificuldade de parto é associada a um maior índice de natimortos, que é a taxa de mortalidade de bezerros ao nascer ou nas primeiras 48 horas após o nascimento. No entanto, segundo Eaglen e Colen (2020), a raça Holandesa não têm apresentado mais elevadas taxas de partos difíceis, resultando em menos animais nascidos mortos. Isso se deve ao fato que a seleção genética nessas características é cumulativa e permanente.

A ocorrência de partos difíceis também está associada a uma maior taxa de abortos. O aborto causa grandes prejuízos econômicos em rebanhos leiteiros, principalmente quando ocorre no final da gestação (Molarinho et al., 2015; Norman, et al. 2012). A taxa de prenhez refere-se à razão entre o número de animais com prenhez e o número de animais expostos à reprodução em um determinado período. Apesar de sua importância, essa característica apresenta uma baixa herdabilidade, geralmente abaixo de 0,1 (Bergamaschi et al. 2010; Otto et al., 2021).

Outra característica importante é o peso ao nascimento. Tanto a vaca quanto o touro contribuem para o tamanho do bezerro, sendo o peso ao nascimento um importante preditor da ocorrência de partos distócicos, especialmente quando os bezerros nascem muito pesados (Mee, 2008). Por fim, a duração da gestação está associada ao risco de distocia e de natimortos em vacas leiteiras, tanto quando a gestação é muito curta quanto muito longa (Nogalski e Piwezynski, 2012).

A duração da gestação de vacas leiteiras, definida como o intervalo entre a concepção até o parto subsequente, é uma característica de grande importância econômica. Os custos relacionados com a perda de prenhez tendem a aumentar de acordo com a duração da gestação, que também está geneticamente associada a outras características de importância econômica, podendo influenciá-las (Vries, 2006; Norman, et al. 2011). Para a raça Holandesa, a duração de gestação é frequentemente considerada em torno de 280 dias, podendo variar de acordo com diversos fatores (Niciura, 2008). Mee (2008) cita fatores como a paridade, sexo fetal, a raça ou linhagem do pai e da mãe e nutrição materna.

A genética, tanto do touro quanto da vaca, influencia diretamente a duração da gestação. Raças ou linhagens específicas podem ter períodos gestacionais ligeiramente diferentes, Resende et al. (2021) citam que a diferença de períodos de gestação para as raças é devido à capacidade prevista de transmissão (PTA- Predicted Transmitting Abilities) dos touros

utilizados no rebanho. Além disso, a nutrição materna é crucial para minimizar o risco de doenças metabólicas e não interferir na duração da gestação (Tomasek, et al. 2017).

A seleção direta visando a facilidade de parto ou a redução do peso ao nascer resulta em gestações mais curtas. Rocha et al. (2005) relataram que gestações consideradas curtas, com menos de 265 dias, estão associadas a uma maior taxa de mortalidade em bezerros nascidos pequenos em comparação com aqueles de tamanho médio, evidenciando que a taxa de mortalidade está intimamente relacionada à duração da gestação (Rocha, et al. 2005). Por outro lado, gestações prolongadas, que ultrapassam 285 dias, podem resultar em partos mais difíceis, aumentando o risco de natimortos (Salehi, et al. 2016).

Além disso, o período de gestação também está ligado às características de produção. De acordo com Nogalski e Piwezynski (2012), em um período de 50 anos, a duração da gestação de vacas Guernsey, Holandesas e Jersey em várias fazendas da Flórida aumentou em média quatro dias. Silva, et al. (1992) sugerem que esse aumento possa ser atribuído a um crescimento significativo nos níveis de produção durante esse tempo. Períodos de gestação com uma média baixa estão mais associados à menor produção de leite, gordura e proteína, do que a média alta de tempo de gestação nas vacas Holandesas.

Em geral, não parece existir vantagem de seleção para duração de gestação diferente das médias (Dechow, 2017).

### **3.4 Análise do período de gestação**

As características de parto são influenciadas por dois componentes diferentes: o efeito direto do bezerro, decorrente por exemplo do tamanho, equilíbrio hormonal, peso, e o efeito materno, decorrente por exemplo de medidas pélvicas, capacidade de responder à sinalização do parto. Esta dualidade complicada torna a análise estatística desafiadora (Wilham, 1963; Eaglen, et al. 2012). O PG pode ser considerado um fenótipo do feto (bezerro) ou da vaca. O PG como fenótipo do bezerro é medido a partir da perspectiva do bezerro, que considera a influência genética aditiva direta do bezerro e o efeito materno e paterno na duração da gestação, enquanto o PG como fenótipo da vaca é a partir da perspectiva da vaca, levando em conta o efeito genético aditivo direto, de ambiente permanente e do touro de serviço, que pode impactar a duração da gestação (Mucari et al., 2011).

Assim, o modelo estatístico utilizado para características de parto deve possibilitar a separação e a estimativa dos efeitos genético diretos, maternos, do touro de serviço e paterno (Eaglen, et al. 2012; Chen et al., 2021). Contudo, não há consenso claro sobre como modelar o período de gestação para realização da avaliação genética (Eaglen 2012). Em termos gerais,

os modelos estatísticos podem incorporar os efeitos diretos e maternos de duas maneiras principais: através de modelos animais, que ajustam diretamente os efeitos do bezerro e da mãe; e através de modelos sire-maternal grandsire (S-MGS) que ajustam os efeitos diretos e maternos através do touro pai do bezerro e da mãe (Jorjani, et al. 2001).

A covariância genética entre os efeitos direto e materno é crucial para interpretar os parâmetros genéticos estimados e prever resposta à seleção. No entanto, é sugerido que essa covariância genética pode ser suscetível ao viés de estimativa (Koch, 1972; Eaglen, et al. 2012). As teorias sobre a origem desse viés nas estimativas de correlações genéticas direto-maternas variam desde a omissão de covariâncias ambientais até a desconsideração de grupos contemporâneos (Koch, 1972; Robinson, 1996).

Rocha, et al. (2005) demonstraram que é possível alterar o período de gestação por meio de seleção, considerando-o como característica do bezerro, pois os principais fatores que determinam a duração da gestação dependem mais do feto do que da vaca. Smith, et al. (1976) destacam a contribuição do pai do bezerro nas características de parto, indicando a importância significativa do efeito do touro na variância genético-aditiva na progênie.

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1 Dados de pedigree, fenótipos e genótipos**

Um total de 339.510 registros do período de gestação (PG) de vacas primíparas e multíparas de rebanhos da raça Holandesa no Brasil, observados entre 1994 à 2020 foram utilizados neste estudo. Este banco de dados foi fornecido pela Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH) e disponibilizado pela Embrapa Gado de Leite.

O conjunto de dados foi editado para eliminar registros de animais com datas de nascimento, parto e cobertura fértil desconhecidas. Além disso, somente animais com idade ao parto entre 18 a 48,4, 28 a 64,4 e 39,9 a 78,4 para primeira, segunda e terceira ordem de parto respectivamente, foram mantidos para as análises posteriores. Além disso, a base de dados foi editada para estruturar dezesseis classes de idade (9-69 meses), com intervalos de 4 meses entre essas classes. A média do PG foi de  $280 \pm 15$  dias.

Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos concatenando rebanho, ano e estação de cobertura (quatro classes: janeiro-março, abril-junho, julho-setembro e outubro-dezembro). O arquivo de pedigree incluiu 638.176 animais (8.764 touros e 29.8311 vacas). Um total de

4,16% e 4,48% dos indivíduos apresentaram respectivamente, pai e mãe desconhecidos. A endogamia média foi  $0,0214 \pm 0,0206$ .

Informações de 854 touros genotipados contidos no pedigree foram utilizados neste estudo. Os genótipos destes animais foram obtidos a partir de 18 chips comerciais, sendo 113 animais genotipados por meio do 50Kv1, 289 animais com 50Kv2 (Bovine SNP50v.1, e Bovine SNP50v.2 BeadChips, Illumina, San Diego, CA, USA), 60 animais com 57K (USDA Illumina, San Diego, CA, USA), 140 animais com 77K, 76 animais com HDv2 e 258 animais com HDv3 (GeneSeek Genomic Profiler, Neogen Corp., Lincoln, NE, USA), incluindo respectivamente, 54001, 54609, 56947, 76883, 138892 e 139376 marcadores SNPs, os demais chips incluíram menos que seis animais.

No controle de qualidade (CQ) dos genótipos, foram descartados animais com call-rate  $< 0,90$ . O controle de desvios da heterozigosidade foi feito pela remoção de animais com  $\pm 3$  desvios padrão, e os pares de pais-filhos foram testados para conflito mendeliano. Além disso, SNPs com call-rate menor que 95%, frequência alélica (MAF) menor que 0,02 e equilíbrio de Hardy-Weinberg com  $\chi^2$  menores que  $10^{-6}$  foram excluídos. SNPs com posições desconhecidas ou localizados nos cromossomos sexuais foram desconsiderados nas análises. Os genótipos foram imputados para o chip 50Kv2 usando o programa FImpute 2.2 (Sargolzaei et al., 2014). Maiores detalhes sobre as análises de imputação estão descritos em Silva et al. (2020). Dos 854 touros genotipados, 581 apresentaram mais do que 19 filhas, 195 touros tiveram entre 1 a 19 filhas e 78 touros não tiveram filhas.

## 4.2 Modelagem Estatística

As análises do PG foram realizadas utilizando modelos animal unicaracterísticos. Foram avaliados dois conjuntos de oito modelos, sendo oito modelos (MOD1 ao MOD8) avaliados considerando o PG como fenótipo da vaca, e oito modelos (MOD9 ao MOD16) considerando o PG como fenótipo do bezerro (feto).

Os modelos diferiram quanto à inclusão dos efeitos: genético aditivo materno, efeito genético aditivo do touro, efeito ambiental permanente da vaca, efeito ambiental permanente materno, efeito ambiental permanente do touro.

Em notação matricial, os modelos podem ser descritos, como abaixo:

$$\text{MOD1: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD2: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpc} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD3: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD4: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD5: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD6: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Wpc} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD7: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpc} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD8: } \mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Wpc} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD9: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD10: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD11: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ypm} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD12: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD13: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD14: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ypm} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD15: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ypm} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

$$\text{MOD16: } \mathbf{y}^* = \mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ypm} + \mathbf{Ups} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

Sendo  $\mathbf{y}$  o vetor de observações de PG como fenótipo da vaca para as primeira, segunda e terceira ordens de parto, com as seguintes pressuposições:

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD1,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{pc}, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpc}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD2,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{s}, \mathbf{G}_0, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_s^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD3,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{ps}, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD4,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{s}, \mathbf{ps}, \mathbf{G}_0, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_s^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD5,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{s}, \mathbf{pc}, \mathbf{G}_0, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_s^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Wpc}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD6,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{pc}, \mathbf{ps}, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpc} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD7,}$$

$$\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{s}, \mathbf{pc}, \mathbf{ps}, \mathbf{G}_0, \sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_s^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za} + \mathbf{Js} + \mathbf{Wpc} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD8.}$$

E, alternativamente, tendo  $\mathbf{y}^*$  sendo o vetor de observações do PG como fenótipo do bezerro, com as seguintes pressuposições:

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^*, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD9,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{G}_{01}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD 10,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{pm}, \mathbf{G}_{01}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ypm}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD 11,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{s}, \mathbf{G}_{02}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_s^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD12,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}, \mathbf{m}, \mathbf{ps}, \mathbf{G}_{01}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD13,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{s}, \mathbf{pm}, \mathbf{G}_{02}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_s^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ypm}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD14,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{pm}, \mathbf{G}_{01}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Ypm} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD15,}$$

$$\mathbf{y}^*|\mathbf{b}, \mathbf{hys}, \mathbf{a}^*, \mathbf{m}, \mathbf{s}, \mathbf{pm}, \mathbf{G}_{02}, \sigma_{hys}^2, \sigma_{a^*}^2, \sigma_m^2, \sigma_s^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_{ps}^2, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb} + \mathbf{Khys} + \mathbf{Za}^* + \mathbf{Mm} + \mathbf{Js} + \mathbf{Ypm} + \mathbf{Ups}, \mathbf{I}\sigma_e^2) \text{ para o MOD16,}$$

onde  $\sigma_{hys}^2, \sigma_a^2, \sigma_{a*}^2, \sigma_m^2, \sigma_s^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_{ps}^2$  e  $\sigma_e^2$  os componentes de variância de rebanho-ano-estação, genética aditiva direta da vaca, genética aditiva direta do bezerro, materna, do touro de serviço (MOD 1 a MOD8) ou paterno (MOD9 a MOD16), do ambiente permanente da vaca, ambiente permanente materno, permanente do touro de serviço (MOD1 a MOD8) ou paterno (MOD9 a MOD16) e residual, respectivamente;  $\mathbf{b}$  é o vetor dos efeitos sistemáticos de sexo, classes de idade e de ordem de parto,  $\mathbf{hys}$  é o vetor de efeito aleatório de rebanho-ano-estação de cobertura;  $\mathbf{a}$  é o vetor do efeito aleatório genético aditivo direto da vaca;  $\mathbf{a}^*$  o vetor do efeito aleatório genético aditivo direto do bezerro;  $\mathbf{s}$  é o vetor de efeito aleatório genético aditivo do touro de serviço (MOD1 a MOD8) ou paterno (MOD9 a MOD16);  $\mathbf{pc}$  é o vetor do efeito aleatório de ambiente permanente da vaca;  $\mathbf{ps}$  é o vetor do efeito aleatório de ambiente permanente do touro de serviço (MOD1 a MOD8) ou paterno (MOD9 a MOD16);  $\mathbf{m}$  é o vetor de efeito aleatório genético aditivo materno;  $\mathbf{pm}$  é o vetor do efeito aleatório de ambiente permanente materno;  $\boldsymbol{\varepsilon}$  é o vetor do efeito aleatório residual.  $\mathbf{X}, \mathbf{K}, \mathbf{Z}, \mathbf{M}, \mathbf{J}, \mathbf{W}, \mathbf{Y}$  e  $\mathbf{U}$  são as matrizes de incidência para associação dos registros aos efeitos sistemáticos e efeitos aleatórios.

Para os efeitos  $\mathbf{hys}$ ,  $\mathbf{pc}$ ,  $\mathbf{pm}$ ,  $\mathbf{ps}$  e  $\boldsymbol{\varepsilon}$  em todos os modelos analisados, foram consideradas as seguintes pressuposições:  $hys | \sigma_{hys}^2 \sim N(0, I \sigma_{hys}^2)$ ;  $pc | \sigma_{pc}^2 \sim N(0, I \sigma_{pc}^2)$ ;  $pm | \sigma_{pm}^2 \sim N(0, I \sigma_{pm}^2)$ ;  $ps | \sigma_{ps}^2 \sim N(0, I \sigma_{ps}^2)$ ; e  $\varepsilon | \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$ , respectivamente. Foi assumida distribuição de qui-quadrado escalada para  $\sigma_{hys}^2, \sigma_{pc}^2, \sigma_{pm}^2, \sigma_{ps}^2$  e  $\sigma_e^2$ .

Para os modelos MOD1, MOD2, MOD4, MOD7 foram consideradas as seguintes pressuposições:  $a | \sigma_a^2 \sim N(0, I \sigma_a^2)$  e para o modelo MOD9  $a^* | \sigma_{a*}^2 \sim N(0, I \sigma_{a*}^2)$ . Para  $\sigma_a^2$  e  $\sigma_{a*}^2$  também foi considerada uma distribuição de qui-quadrado escalada.

Para os modelos MOD3, MOD5, MOD6 e MOD8, foram consideradas as seguintes pressuposições:  $\begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{s} \end{bmatrix} | \mathbf{G}_0 \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G})$ , onde  $\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0$ , em que  $\mathbf{A}$  é a matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco.

Para os modelos MOD10, MOD11, MOD13 e MOD15 foram consideradas as seguintes pressuposições:  $\begin{bmatrix} \mathbf{a}^* \\ \mathbf{m} \end{bmatrix} | \mathbf{G}_{01} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G})$ , onde  $\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_{01}$ .

Para os modelos MOD12, MOD14 e MOD16 foram consideradas as seguintes pressuposições:  $\begin{bmatrix} \mathbf{a}^* \\ \mathbf{s} \end{bmatrix} | \mathbf{G}_{02} \sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \mathbf{G})$ , onde  $\mathbf{G} = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_{02}$ . A distribuição Wishart invertida foi assumida para as matrizes de covariâncias genéticas  $\mathbf{G}_0, \mathbf{G}_{01}$  e  $\mathbf{G}_{02}$ , em que:

$$\mathbf{G}_0 = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{a,s} \\ & \sigma_s^2 \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{G}_{01} = \begin{bmatrix} \sigma_{a^*}^2 & \sigma_{a^*,m} \\ & \sigma_m^2 \end{bmatrix} e,$$

$$\mathbf{G}_{02} = \begin{bmatrix} \sigma_{a^*}^2 & \sigma_{a^*,m} & \sigma_{a^*,s} \\ & \sigma_m^2 & \sigma_{m,s} \\ & & \sigma_s^2 \end{bmatrix}.$$

Os componentes de (co)variância foram estimados por inferência Bayesiana usando o algoritmo amostrador de Gibbs via cadeias de Markov Monte Carlo (MCMC implementado no programa GIBBSF3F90+ ([//nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=readme.gibbs3](http://nce.ads.uga.edu/wiki/doku.php?id=readme.gibbs3)), considerando um total de 500.000 iterações, um burn-in de 200.000 iterações e intervalo de amostragem de 10 iterações (thin = 10), o que resultou em 40.000 amostras para as análises posteriores. A convergência foi definida com base no critério Geweke (Geweke, 1991).

### 4.3 Comparação de modelos

Os modelos avaliados considerando PG como fenótipo da vaca ou como fenótipo do bezerro foram comparados com base na qualidade do ajuste, nas estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos e nas respectivas capacidades preditivas. Tais comparações são detalhadas a seguir.

#### 4.3.1 Qualidade do ajuste

As comparações para avaliar a qualidade do ajuste dos modelos foram baseadas no critério de Deviance Information Criterion (DIC, Spiegelhalter et al.2002):

$$DIC = D(\bar{\theta}) + 2p_D,$$

onde  $D(\bar{\theta})$  é uma estimativa pontual da deviance obtida pela substituição dos parâmetros pelas suas estimativas de médias *a posteriori* na função de verossimilhança e  $2p_D$  é o número efetivo de parâmetros no modelo. Os valores de DIC mais baixos indicam os modelos com melhor ajuste.

#### 4.3.2 Parâmetros genéticos

As estimativas da herdabilidade para os efeitos genético aditivo direto ( $h_a^2$ ), efeito genético aditivo materno ( $h_m^2$ ) e para efeito genético aditivo do touro ( $h_s^2$ ) para os diferentes modelos foram calculadas conforme as fórmulas descritas no ANEXO 1.

As estimativas de correlação genética entre os efeitos genético aditivo direto e efeito genético aditivo materno ( $r_{am}$ ), efeitos genético aditivo direto e genético aditivo do touro ( $r_{as}$ ) e efeitos genético aditivo materno e do touro ( $r_{ms}$ ) também foram obtidas por meio das fórmulas descritas no ANEXO 1.

Neste mesmo Anexo são descritos os cálculos das estimativas de repetibilidade para os efeitos genético aditivo direto ( $t_a$ ) e genético aditivo do touro de serviço ( $t_s$ ).

A inferência estatística sobre os resultados também foi baseada na sobreposição dos intervalos de credibilidade (IC).

### 4.3.3 Capacidade preditiva

A avaliação do impacto dos diferentes modelos definidos para PG na capacidade preditiva e viés foi realizada pelo método de regressão linear (LR) proposto por Legarra e Reverter (2018). As comparações foram baseadas em um conjunto de dados completos (registros até 2020) e um conjunto de dados reduzidos, obtidos pelo truncamento dos dados completos até 2016 (excluindo os registros fenotípicos de filhas de touros jovens). A população de validação incluiu 407 e 571 touros para avaliar o PG como fenótipo da vaca ou do bezerro, respectivamente. Para validação destes modelos, os valores genéticos (EBV) preditos para PG no conjunto de dados completos foram regredidos no EBV predito usando o conjunto de dados reduzidos.

A regressão é descrita por:

$$y_f = 1b_0 + b_1x_i + e,$$

onde  $y_f$  refere-se ao EBV dos touros de validação calculado com base no conjunto de dados completo;  $b_0$  e  $b_1$  referem-se aos coeficientes de intercepto e dispersão;  $x_i$  refere-se ao EBV do touro predito usando o conjunto de dados reduzido; sendo  $e$  o erro residual. O  $b_1$  foi utilizado como um indicador de inflação ou deflação, com valor ótimo esperado de 1.

O viés foi calculado como:

$$u_{wp} = \hat{u}_p - \hat{u}_w,$$

Onde  $u_{wp}$  é a diferença dos valores genéticos estimados para os dados parciais ( $\hat{u}_p$ ) e totais ( $\hat{u}_w$ ). Com valor esperado de zero se a avaliação não for viesada.

A acurácia da predição foi calculada por:

$$p_{cov(w,p)}^2 = \frac{cov(\hat{u}_w, \hat{u}_p)}{(1 + \bar{F} - 2\bar{f})\sigma_{u,\infty}^2}$$

onde  $\bar{F}$  refere-se a média do coeficiente de endogamia para os animais de validação,  $2\bar{f}$  é a média do coeficiente de parentesco e  $\sigma_{u,\infty}^2$  é a variância genética dos animais do conjunto de validação. O coeficiente de determinação ( $R^2$ ) também foi utilizado como um indicativo de confiabilidade da predição. O coeficiente de correlação de classificação de *Spearman* entre os EBV preditos usando o conjunto de dados completos foi usado para avaliar a potencial reclassificação dos valores genéticos dos animais, entre os modelos.

#### 4.4 Predição e validação genômica

A contribuição da inclusão da informação genômica foi avaliada com o melhor modelo previamente definido. Os componentes de variâncias foram fixados, portanto foram estimados sem a inclusão de informação genômica.

Os valores genéticos-genômicos (GEBV) foram preditos por meio da metodologia *single-step genomic BLUP* (ssGBLUP), onde a inversa da matriz  $\mathbf{H}$ , construída com base na informação genômica e de pedigree (Aguilar et al 2010) em substituição à matriz  $\mathbf{A}$ , nas equações de modelos mistos como abaixo descrita:

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \tau(0.95\mathbf{G} + 0.05\mathbf{A}_{22})^{-1} - \omega\mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix},$$

onde  $\mathbf{G}$  refere-se a matriz de relacionamento genômico,  $\mathbf{A}_{22}$  é a matriz de relacionamento do numerador baseada em pedigree para os animais genotipados e  $\mathbf{A}^{-1}$  é a matriz de relacionamento do numerador baseada no pedigree de todos os animais.

$\mathbf{G}$  foi obtida com base no primeiro método proposto por VanRaden (2008), onde as frequências alélicas são calculadas com base nas informações dos animais genotipados. As ponderações de  $\mathbf{G}$  (0,95) e  $\mathbf{A}_{22}$  (0,05) foram consideradas para evitar problemas de singularidade (VanRaden, 2008). Quanto aos parâmetros  $\tau$ , o fator de escala para  $\mathbf{G}^{-1}$  e  $\omega$ , fator de escala para  $\mathbf{A}_{22}^{-1}$ ,  $\tau$  foi fixado em 1.0 e  $\omega$  variou de 1.0, 0.5 e 0.1 para avaliar o melhor ajuste para  $\mathbf{H}^{-1}$ , de acordo com a acurácia e o viés dos GEBV preditos.

A validação genômica foi realizada por meio da mesma metodologia previamente descrita, baseada no método de regressão linear (LR) (Legarra e Reverter, 2018), em que, nos dados reduzidos foram consideradas somente informações até 2017. A população de validação

foi composta por 177 e 114 touros genotipados para avaliar PG como fenótipo da vaca e do bezerro, respectivamente.

## **5. RESULTADOS**

### **5.1 Estatística descritiva**

O número de registros e estatísticas descritivas para o PG após a edição estão descritos na Tabela 1. O número de registros diminuiu de acordo com a ordem de parto. O maior número de registros de PG observado quando a gestação é referente a fetos fêmeas se comparado a fetos machos na primeira ordem de parto, pode estar associado ao uso de sêmen sexado ou mesmo à transferência de embriões sexados. Os dados foram analisados utilizando os pacotes *car* e *emmeans* do software R (R Development Core Team, Vienna, AT). O PG variou entre 265 a 295 dias, com média geral de  $277,3 \pm 4,99$  dias. O PG foi significativamente maior quando o feto era macho se comparado a fetos fêmeas, de acordo com o teste de Tukey ( $P \leq 0,05$ ) com médias de  $278 \pm 5,06$  e  $276,9 \pm 4,89$  dias, respectivamente. O PG aumentou entre a terceira e a primeira ordem de partos, com médias significativamente diferentes, de acordo com o teste de Tukey ( $P \leq 0,05$ ), nos valores de 1,2 dias no PG de partos de fetos fêmeas e 1,43 dias nos partos de fetos machos.

**Tabela 1.** Estatística descritiva para período de gestação (PG) em bovinos da raça Holstein

Variável	Geral	OP1		OP2		OP3	
		FFêmea	FMacho	FFêmea	FMacho	FFêmea	FMacho
<b>Número de registros</b>	339510	112072	53311	58381	51593	32946	31207
<b>Média PG - dias</b>	277,3	276,42	277,33	277,32	278,35	277,62	278,76
<b>(DP)</b>	(4,99)	(4,80)	(4,99)	(4,90)	(5,04)	(4,98)	(5,08)
<b>Min PG – dias</b>	265	265	265	265	265	265	265
<b>(Máx)</b>	(295)	(295)	(295)	(295)	(295)	(295)	(295)
<b>PG (CV%)</b>	1,79	1,74	1,80	1,77	1,82	1,79	1,82
<b>Número de GC</b>	27063	18995	12617	16345	13694	11732	10804
<b>Média animais por GC</b>	12,55	5,90	4,23	3,57	3,77	2,81	2,89
<b>(Máx)</b>	(586)	(249)	(321)	(128)	(130)	(48)	(47)
<b>Média idade ao parto - mês</b>	35,75	26,64	27,24	41,41	41,15	55,41	55,22
<b>(DP)</b>	(12,53)	(5,23)	(5,22)	(6,76)	(6,38)	(7,31)	(7,11)
<b>Min idade ao parto - mês</b>	18,01	18,01	18,01	28,05	27,98	39,91	40,08
<b>(Máx)</b>	(78,38)	(48,41)	(48,34)	(64,41)	(64,34)	(78,38)	(78,38)

OP1: primeira ordem de parto; OP2: segunda ordem de parto; OP3:terceira ordem de parto; FFêmea: fetos fêmeas; FMacho: fetos machos. PG: Período de Gestação; DP: Desvio-Padrão; CV: Coeficiente de variação; GC: Grupo de contemporâneos; Max: Máximo; Min: Mínimo.

## 5.2 Comparação de modelos baseado na qualidade de ajuste

O número de parâmetros e os valores de DIC obtidos para os modelos avaliados são apresentados na Tabela 2. O número de parâmetros estimados variou de 3 a 7. No geral, os valores de DIC foram menores para os modelos com maior número de parâmetros. Entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca, o MOD7 apresentou o menor valor de DIC (melhor ajuste), seguido do MOD4, os quais incluíram o efeito de ambiente permanente do touro de serviço. Entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, o MOD16 apresentou o menor valor de DIC, indicando um melhor ajuste.

**Tabela 2.** Número de parâmetros (Npar) estimados e critério de informação de Deviance (DIC) para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca (MOD1 a MOD8) ou como fenótipo do bezerro (MOD9 a MOD16)

MODELOS	Npar	DIC	MODELOS	Npar	DIC
<b>MOD 1</b>	3	1.988.495,31	<b>MOD 9</b>	3	1.845.677,08
<b>MOD 2</b>	4	1.988.480,45	<b>MOD 10</b>	4	1.845.757,76
<b>MOD 3</b>	4	1.965.824,17	<b>MOD 11</b>	5	1.844.645,10
<b>MOD 4</b>	4	1.965.349,15	<b>MOD 12</b>	5	1.848.150,96
<b>MOD 5</b>	5	1.965.801,45	<b>MOD 13</b>	5	1.848.928,75
<b>MOD 6</b>	5	1.965.823,67	<b>MOD 14</b>	6	1.845.634,49
<b>MOD 7</b>	5	<b>1.965.332,43</b>	<b>MOD 15</b>	6	1.846.263,13
<b>MOD 8</b>	6	1.965.772,01	<b>MOD 16</b>	7	<b>1.834.604,62</b>

### 5.2.2 Comparação de modelos nas estimativas de componentes de (co)variâncias e parâmetros genéticos

As médias *a posteriori* e respectivos Intervalos de credibilidade (IC) obtidos para os componentes de (co)variância estimados por diferentes modelos, nos quais o PG foi avaliado como fenótipo da vaca ou do bezerro são apresentados na Tabela 3. As estimativas de variâncias fenotípicas variaram entre 24,13 e 24,76 dias<sup>2</sup> quando o PG foi avaliado como fenótipo da vaca, e não foram observadas diferenças entre os modelos (ou seja, a sobreposição de IC). Em contraste, maior variação foi observada para os modelos em que o PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. As estimativas de variâncias fenotípicas variaram de 18,40 a 27,11 dias<sup>2</sup>. Avaliando os respectivos IC, o MOD9 apresentou a maior variância fenotípica (27,11 dias<sup>2</sup>), sendo que a menor variância (18,40 dias<sup>2</sup>) foi observada para MOD15.

Similarmente, não foram observadas diferenças entre as estimativas de variâncias genética aditiva direta entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca. No entanto, na avaliação do PG como fenótipo do bezerro, tais estimativas variaram de 2,70 a 18,70 dias<sup>2</sup>, com maior variância (18,70 dias<sup>2</sup>) foi observada para o MOD9 e a menor para o MOD16 (2,70 dias<sup>2</sup>).

As estimativas de variâncias genética aditiva do touro de serviço variou de 0,22 a 2,32 dias<sup>2</sup> entre os modelos quando PG foi avaliado como fenótipo da vaca. Como variância genética aditiva paterna nos modelos avaliando PG como fenótipo do bezerro, variou de 0,05 a 0,69 dias<sup>2</sup>, sendo menor no MOD16. Quando PG foi considerado como fenótipo do bezerro, as estimativas

de variâncias genética aditiva materna não foram diferentes (sobreposição de IC) nos modelos MOD10, MOD11, MOD13 e MOD14, variaram de 4,15 a 7,32 dias<sup>2</sup>.

Nos modelos que avaliaram PG como fenótipo da vaca, as estimativas de variâncias de ambiente permanente da vaca variaram de 0,00 a 0,03 dias<sup>2</sup>. Em contrapartida, quando avaliado o PG como fenótipo do bezerro, as estimativas de ambiente permanente materno foram maiores, de acordo com a sobreposição de IC, variando de 0,03 a 2,78 dias<sup>2</sup>. Além disso, as estimativas de variâncias de ambiente permanente do touro de serviço foram maiores nos modelos avaliando o PG como fenótipo da vaca (variando de 1,51 a 2,18 dias<sup>2</sup>) em comparação com os modelos avaliando PG como fenótipo do bezerro (de 0,60 a 0,64 dias<sup>2</sup>).

Entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca, as estimativas de variância residual variaram de 16,07 a 17,41 dias<sup>2</sup>, sendo que as menores estimativas foram observadas para os modelos MOD3, MOD4, MOD5, MOD6, MOD7, e MOD8 e não foi observada diferença entre eles quanto a sobreposição de IC. Por outro lado, essas estimativas variam de 4,47 a 7,25 dias<sup>2</sup> entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo de bezerro, sendo que a menor estimativa (considerando a sobreposição de IC) foi observada para o MOD15, que por sua vez não foi diferente do MOD16. Além disso, as menores estimativas de variância residual foram observadas a partir dos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro se comparado aos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca.

As covariâncias genéticas entre os valores genéticos aditivos direto e de touro de serviço para os modelos avaliando PG como fenótipo da vaca foram próximas a zero. Para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, as covariâncias genéticas entre os valores genéticos maternos e paternos foram negativas, assim como a covariância genética entre genético aditivo direto e paterno no MOD 12. A estimativa de covariâncias genéticas entre valor genético aditivo direto e materno variaram de 2,98 a 4,50.

As médias *a posteriori* e respectivos IC obtidos para os parâmetros genéticos estimados por diferentes modelos, nos quais PG foi avaliado como fenótipo da vaca ou do bezerro são apresentados na Tabela 4. As estimativas de herdabilidade direta ( $h^2_a$ ) foram de magnitude média entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca, sendo que não foi observada diferença entre eles (sobreposição de IC). Por outro lado, maior variação foi observada entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, cujas estimativas variaram de 0,099 a 0,690. A herdabilidade obtida por meio do MOD9 (0,690) foi muito diferente dos demais modelos, muito provavelmente isso ocorreu por não haver outros efeitos no modelo. Com exceção do MOD16 que apresentou a menor herdabilidade (0,099), não houve diferença entre os demais modelos, considerando a sobreposição de IC. As estimativas de

herdabilidade materna variaram de 0,097 a 0,269 nos modelos avaliando PG como fenótipo do bezerro. E a herdabilidade para touro de serviço foi baixa para todos os modelos que foi incluído, variando de 0,003 a 0,094. A inclusão do efeito genético do touro de serviço ( $h^2_s$ ) nos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca contribuiu com 9% da variação fenotípica para os modelos MOD3 e MOD6, e menos de 3% para modelos MOD5 e MOD8.

Para PG como fenótipo da vaca, as correlações genéticas entre os valores genéticos aditivo direto e touro de serviço, de acordo com o intervalo de credibilidade, foram significativamente nulas para todos os modelos. Em relação ao PG como fenótipo do bezerro, a correlação genética entre valor genético aditivo direto e paterno, foi negativa para o modelo 12 (-0,201) e baixa para os modelos 14 e 16, sendo significativamente nula para todos esses modelos, enquanto a correlação entre o efeito genético aditivo direto e materno foi alta, chegando a 0,983 (MOD 15). Contudo, correlações genéticas entre o efeito materno e o paterno variaram de negativas (-0,257) a positivas (0,196). Foram estimadas repetibilidades quando a característica foi avaliada considerando PG como fenótipo da vaca, sendo as repetibilidades da vaca iguais às herdabilidades, variando de 0,20 a 0,21.

**Tabela 3.** Componentes de covariâncias para o período de gestação (PG) como fenótipo da vaca (MOD 1 a MOD 8) ou como fenótipo do bezerro (MOD 9 a MOD 16)

Modelos	$\sigma_p^2$ (IC)	$\sigma_a^2$ (IC)	$\sigma_m^2$ (IC)	$\sigma_s^2$ (IC)	$\sigma_{pc}^2$ (IC)	$\sigma_{pm}^2$ (IC)	$\sigma_{ps}^2$ (IC)	$\sigma_{hys}^2$ (IC)	$\sigma_c^2$ (IC)	$\sigma_{am}$ (IC)	$\sigma_{as}$ (IC)	$\sigma_{ms}$ (IC)
<b>MOD 1</b>	24,13 (24,00-24,28)	5,12 (4,97-5,27)	-	-	-	-	-	1,61 (1,54-1,69)	17,41 (17,30-17,53)	-	-	-
<b>MOD 2</b>	24,13 (23,99-24,27)	5,10 (4,95-5,25)	-	-	0,02 (0,01-0,03)	-	-	1,61 (1,54-1,69)	17,40 (17,29-17,51)	-	-	-
<b>MOD 3</b>	24,68 (23,85-25,55)	5,01 (4,87-5,15)	-	2,32 (2,15-2,50)	-	-	-	1,25 (1,18-1,32)	16,08 (15,97-16,18)	-	0,01 (-0,41-0,43)	-
<b>MOD 4</b>	24,54 (24,36-24,72)	5,04 (4,90-5,18)	-	-	-	-	2,18 (2,05-2,32)	1,25 (1,18-1,31)	16,07 (15,97-16,18)	-	-	-
<b>MOD 5</b>	24,58 (23,71-25,40)	5,01 (4,87-5,15)	-	0,71 (0,38-1,62)	-	-	1,51 (0,58-1,86)	1,24 (1,18-1,31)	16,08 (15,97-16,18)	-	0,01 (-0,43-0,41)	-
<b>MOD 6</b>	24,66 (23,71-25,57)	5,01 (4,86-5,14)	-	2,33 (2,13-2,50)	0,00 (0,00-0,01)	-	-	1,25 (1,18-1,31)	16,08 (15,97-16,18)	-	-0,01 (-0,46-0,42)	-
<b>MOD 7</b>	24,53 (24,36-24,73)	5,02 (4,88-5,16)	-	-	0,02 (0,01-0,04)	-	2,18 (2,05-2,32)	1,25 (1,18-1,31)	16,07 (15,97-16,18)	-	-	-
<b>MOD 8</b>	24,76 (23,85-25,55)	4,98 (4,84-5,13)	-	0,22 (0,07-0,45)	0,03 (0,01-0,06)	-	2,00 (1,69-2,23)	1,24 (1,18-1,31)	16,07 (15,97-16,18)	-	0,11 (-0,35-0,49)	-
<b>MOD 9</b>	27,11 (25,88-27,33)	18,70 (18,19-19,24)	-	-	-	-	-	1,28 (1,22-1,35)	7,12 (6,80-7,46)	-	-	-
<b>MOD 10</b>	21,14 (18,58-23,62)	7,50 (3,51-11,45)	5,23 (3,60-7,19)	-	-	-	-	1,28 (1,22-1,35)	7,13 (6,79-7,49)	2,98 (1,72-4,30)	-	-
<b>MOD 11</b>	19,20 (18,54-19,99)	5,68 (4,09-7,82)	5,11 (3,01-6,97)	-	-	0,03 (0,01-0,06)	-	1,28 (1,22-1,35)	7,09 (6,76-7,43)	3,95 (3,53-4,32)	-	-
<b>MOD 12</b>	21,01 (19,38-21,94)	9,22 (6,56-10,89)	2,60 (1,59-3,73)	0,69 (0,60-0,78)	-	-	-	1,26 (1,20-1,33)	7,23 (6,91-7,56)	3,23 (2,74-4,07)	-0,52 (-1,02-0,04)	0,25 (-0,29-0,66)
<b>MOD 13</b>	19,70 (19,03-20,44)	5,63 (4,07-7,73)	4,92 (2,95-6,75)	-	-	-	0,63 (0,56-0,71)	1,26 (1,20-1,33)	7,25 (6,92-7,58)	3,85 (3,43-4,21)	-	-
<b>MOD 14</b>	20,06 (19,05-21,69)	5,49 (3,34-8,10)	5,39 (4,20-6,91)	0,68 (0,60-0,76)	-	0,08 (0,03-0,17)	-	1,26 (1,20-1,33)	7,15 (6,81-7,51)	3,70 (2,85-4,23)	0,19 (-0,21-0,80)	-0,49 (-0,88--0,12)
<b>MOD 15</b>	18,40 (18,23-18,55)	5,09 (4,49-5,64)	4,15 (3,62-4,81)	-	-	2,78 (0,54-4,69)	0,64 (0,57-0,72)	1,26 (1,20-1,33)	4,47 (2,43-6,75)	4,50 (4,37-4,64)	-	-

<b>MOD 16</b>	19,17	2,70	7,32	0,05	-	0,46	0,60	1,26	6,78	4,12	0,01	-0,11
	(18,75-19,57)	(2,31-3,14)	(6,46-8,07)	(0,02-0,09)		(0,19-0,76)	(0,52-0,68)	(1,20-1,33)	(6,33-7,26)	(3,89-4,37)	(-0,14-0,12)	(-0,35-0,11)

$\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $\sigma_a^2$  = variância do efeito genético aditivo direto;  $\sigma_s^2$  = variância do efeito genético aditivo do touro de serviço;  $\sigma_{pc}^2$  = variância do ambiente permanente da vaca;  $\sigma_{pm}^2$  = variância do ambiente permanente materno;  $\sigma_{ps}^2$  = variância do ambiente permanente do touro de serviço;  $\sigma_{hys}^2$  = variância do grupo de contemporâneo;  $\sigma_e^2$  = variância residual e  $\sigma_{as}$  covariância entre efeito genético aditivo direto e do touro de serviço;  $\sigma_{um}$  covariância entre efeito genético aditivo direto e da mãe e  $\sigma_{ms}$  covariância entre efeito genético aditivo da mãe e do touro de serviço, **IC** = Intervalo de Credibilidade.

**Tabela 4.** Parâmetros genéticos para o período de gestação (PG) como fenótipo da vaca (MOD 1 a MOD 8) ou do bezerro (MOD 9 a MOD 16)

MODELOS	$h_a^2$ (IC)	$h_m^2$ (IC)	$h_s^2$ (IC)	$r_{am}$ (IC)	$r_{as}$ (IC)	$r_{ms}$ (IC)	$t_a$ (IC)	$t_s$ (IC)
<b>MOD 1</b>	0,212 (0,207-0,217)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 2</b>	0,211 (0,206-0,217)	-	-	-	-	-	0,212 (0,207-0,217)	-
<b>MOD 3</b>	0,203 (0,195-0,212)	-	0,094 (0,087-0,102)	-	0,003 (-0,121-0,126)	-	-	-
<b>MOD 4</b>	0,205 (0,200-0,211)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 5</b>	0,204 (0,196-0,213)	-	0,029 (0,015-0,066)	-	0,006 (-0,254-0,236)	-	-	0,090 (0,083-0,098)
<b>MOD 6</b>	0,203 (0,194-0,212)	-	0,094 (0,087-0,102)	-	-0,000 (-0,132-0,125)	-	0,203 (0,195-0,212)	-
<b>MOD 7</b>	0,205 (0,199-0,210)	-	-	-	-	-	0,206 (0,200-0,211)	-
<b>MOD 8</b>	0,201 (0,193-0,209)	-	0,009 (0,003-0,018)	-	0,142 (-0,195-0,673)	-	0,202 (0,194-0,211)	0,089 (0,082-0,097)
<b>MOD 9</b>	0,690 (0,675-0,704)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 10</b>	0,277 (0,130-0,422)	0,193 (0,132-0,265)	-	0,512 (0,254-0,865)	-	-	-	-
<b>MOD 11</b>	0,210 (0,151-0,288)	0,189 (0,111-0,257)	-	0,758 (0,625-0,843)	-	-	-	-

<b>MOD 12</b>	0,342 (0,241-0,400)	0,097 (0,060-0,138)	0,026 (0,022-0,029)	0,675 (0,511-0,836)	-0,201 (-0,389-0,014)	0,196 (-0,177-0,467)	-	-
<b>MOD 13</b>	0,205 (0,147-0,281)	0,180 (0,108-0,246)	-	0,754 (0,621-0,841)	-	-	-	-
<b>MOD 14</b>	0,204 (0,123-0,296)	0,201 (0,154-0,261)	0,025 (0,022-0,028)	0,698 (0,475-0,848)	0,092 (-0,102-0,349)	-0,257 (-0,449--0,062)	-	-
<b>MOD 15</b>	0,189 (0,164-0,205)	0,151 (0,132-0,175)	-	0,983 (0,961-0,995)	-	-	-	-
<b>MOD 16</b>	0,099 (0,085-0,117)	0,269 (0,241-0,295)	0,003 (0,001-0,003)	0,930 (0,893-0,964)	0,069 (-0,333-0,364)	-0,150 (-0,496-0,183)	-	-

$h_a^2$  = herdabilidade direta;  $h_m^2$  = herdabilidade materna;  $h_p^2$  = herdabilidade paterna;  $r_{am}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo direto e materno;  $r_{as}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo direto e paterno;  $r_{ms}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo materno e paterno;  $t_a$  = repetibilidade para efeito genético aditivo direto e  $t_s$  = repetibilidade

### 5.2.3 Comparação de modelos na capacidade preditiva

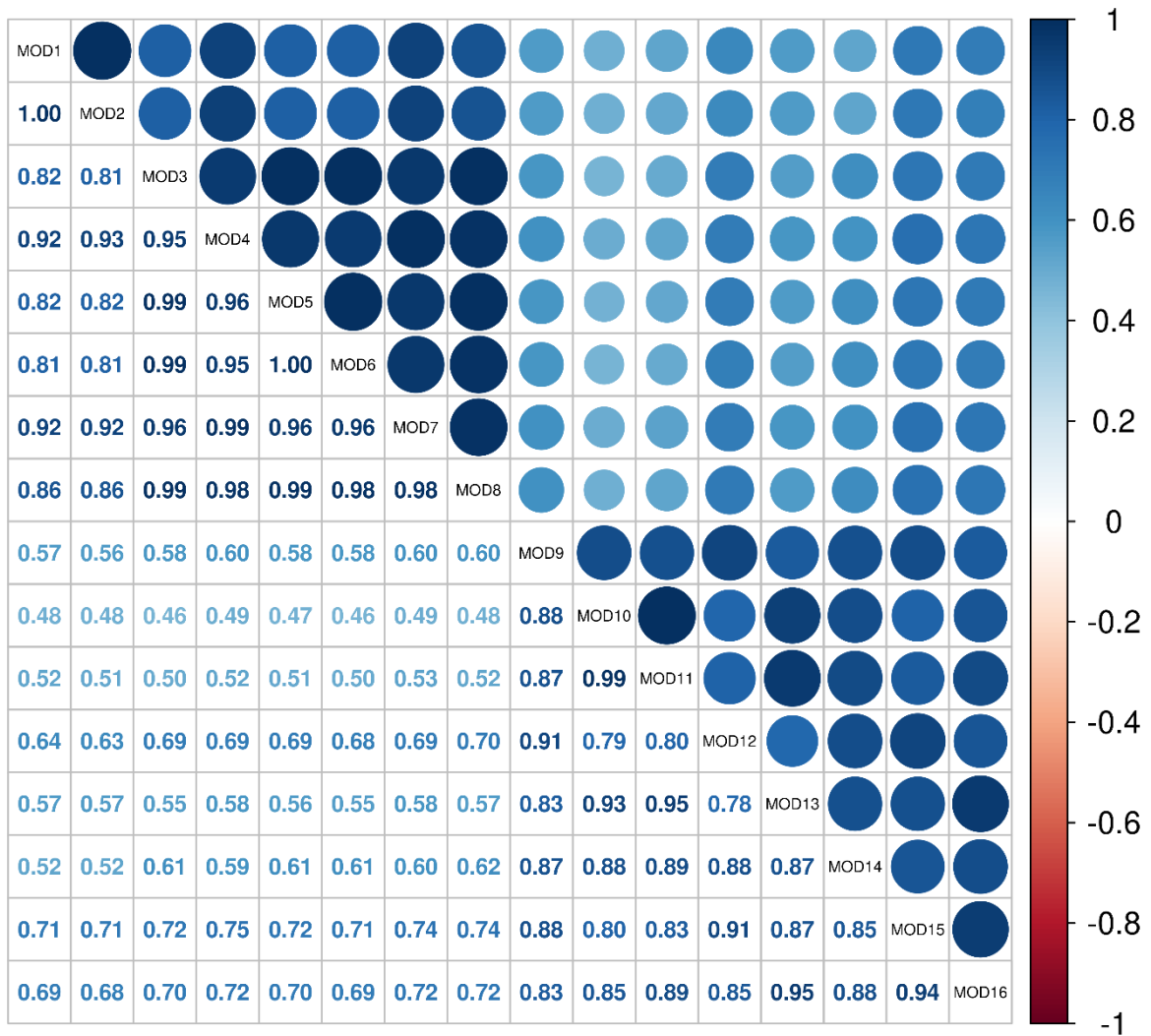
Os valores de acurácia, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), intercepto ( $b_0$ ), deflação ( $b_1$ ), viés e correlação entre EBVs preditos usando o arquivo de dados reduzido e completo obtidos a partir do teste de validação para os diferentes modelos avaliados são apresentados na Tabela 5. A população de validação consistiu de 407 touros para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca e de 571 touros para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. É esperado número diferentes de touros na população de validação devido a estrutura dos dados ser diferente entre os modelos. No geral, menores acurácias foram observadas para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca, as quais variaram de 0,28 a 0,34, enquanto maior diferença foi observada entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, em que as acurácias variaram de 0,26 a 0,49. Similarmente, os valores de  $R^2$  usados como um indicativo de confiabilidade da predição foram baixos e variaram de 0,08 a 0,14 para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca e 0,09 a 0,25 para PG como fenótipo do bezerro.

No geral os valores de  $b_1$  foram baixos e menores do que 1,0 para a maioria dos modelos, indicando que os EBVs foram inflacionados. Por outro lado, o melhor valor de  $b_1$  (valor ótimo de  $1,0+0.15$ ) foi observado para o modelo MOD13 (0,87), seguido dos modelos MOD11 (0,75) e MOD16 (0,79). Além disso, os valores de viés foram altos para todos os modelos avaliados. Nos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca, o MOD3 (0,27) foi o modelo que apresentou menor viés, enquanto nos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, os modelos MOD10 (0,56) e MOD16 (0,55) foram os menos viesados. Além disso, os valores de correlações entre EBVs dos dados parciais e totais foram baixos e variam de 0,29 a 0,50 entre os modelos avaliados.

**Tabela 5.** Acurácia, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), intercepto ( $b_0$ ), dispersão ( $b_1$ ), viés e correlação entre EBVs obtidos a partir do teste de validação para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca (MOD1 ao MOD8) ou como fenótipo do bezerro (MOD9 a MOD16)

<b>MODELOS</b>	<b>Acurácia</b>	<b><math>R^2</math></b>	<b><math>b_0</math></b>	<b><math>b_1</math></b>	<b>Viés</b>	<b>Correlação</b>
<b>MOD1</b>	0,29	0,09	-1,78	0,50	1,22	0,30
<b>MOD2</b>	0,28	0,09	-1,73	0,50	1,10	0,29
<b>MOD3</b>	0,34	0,14	-0,58	0,61	0,27	0,38
<b>MOD4</b>	0,31	0,11	-1,05	0,59	0,68	0,34
<b>MOD5</b>	0,32	0,14	-0,63	0,66	0,40	0,37
<b>MOD6</b>	0,32	0,14	-0,62	0,66	0,40	0,37
<b>MOD7</b>	0,28	0,08	-1,14	0,55	0,83	0,29
<b>MOD8</b>	0,32	0,13	-0,77	0,63	0,50	0,36
<b>MOD9</b>	0,26	0,10	-1,84	0,58	1,10	0,31
<b>MOD10</b>	0,41	0,13	-1,22	0,64	0,56	0,36
<b>MOD11</b>	0,49	0,17	-1,00	0,75	0,59	0,41
<b>MOD12</b>	0,28	0,09	-1,20	0,56	0,68	0,30
<b>MOD13</b>	0,44	0,25	-0,93	0,87	0,75	0,50
<b>MOD14</b>	0,30	0,10	-0,93	0,60	0,58	0,32
<b>MOD15</b>	0,35	0,13	-1,20	0,62	0,78	0,35
<b>MOD16</b>	0,38	0,18	-0,72	0,79	0,55	0,43

Os valores de correlação de rank entre os modelos avaliados foram maiores do que 0,46 para touros com acurácia maior do 0,50 ( $n=6,138$ ) e estão apresentados na Figura 1. No geral, as correlações foram moderadas a altas entre os modelos em que PG foi avaliada como fenótipo da vaca ou do bezerro. Por exemplo, as correlações variaram de 0,81 a 1,00 entre os modelos MOD1 a MOD8 e de 0,78 a 0,99 entre os modelos MOD9 a MOD16. Por outro lado, correlações mais baixas foram observadas entre modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca e modelos considerando PG como fenótipo do bezerro, as quais variaram de 0,46 a 0,74. No geral, os modelos MOD15 e MOD16, apresentaram os maiores valores de correlação de rank com os demais modelos, variando de 0,71 a 0,94 e 0,68 a 0,95, respectivamente.



**Figura 1.** Correlação de rank (Spearman) entre EBVs de touros (com acurácia individual  $> 0,50$ ,  $n=6138$ ) preditos usando modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca (MOD1 ao MOD8) ou como fenótipo do bezerro (MOD8 ao MOD16).

### 5.3 Predição genômica

Os valores de capacidade preditiva e viés obtidos usando  $\omega = 1.0, 0.5$  e  $0.1$  são mostrados na Tabela 3 do material suplementar. No geral, o valor de 1.0 para  $w$  possibilitou acurácias menos tendenciosas e maior capacidade preditiva, e, portanto, foi o valor definido na construção da matriz  $H^{-1}$ . Os valores de capacidade preditiva e viés obtidos para o GEBV e EBV preditos por meio dos dois melhores modelos previamente definidos (MOD4 e MOD16) são demonstrados na Tabela 6. A população de validação consistiu de 177 touros para o MOD4, onde PG foi avaliado como fenótipo da vaca e de 114 touros para o MOD16, onde PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. No geral, maiores acurácias e menores viés foram

observados a partir das abordagens genômicas se comparado às avaliações baseadas somente em pedigree em ambos modelos. As acurácias aumentaram 0.09 para MOD4 e 0.08 para o MOD16 nas avaliações genômicas se comparado às avaliações genéticas tradicionais. Além disso, as predições genômicas foram 0.2 e 0.32 menos viesadas se comparadas as predições baseadas em pedigree, respectivamente para o MOD4 e MOD16. Os valores de b1 foram próximos a 1,0 para MOD16, enquanto valores mais baixos foram observados para o MOD4. No entanto, maiores valores foram observados para as abordagens genômicas em ambos modelos. As correlações entre GEBVs preditos usando o arquivo de dados reduzidos e GEBVs preditos usando os dados completos foram 0,14 e 0,13 maiores do que as correlações obtidas entre EBVs preditos usando o arquivo de dados reduzidos e EBVs preditos usando os dados completos, para o MOD4 e MOD16, respectivamente. Os melhores valores de validação foram observados para o MOD16, se comparado ao MOD4.

**Tabela 6.** Acurácia, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), intercepto (b0), dispersão (b1), e viés obtidos a partir do teste da validação de predições genômicas e predições baseadas em pedigree para os modelos MOD4 e MOD16

	MOD 4		MOD 16	
	Genômica	Pedigree	Genômica	Pedigree
<b>Acurácia</b>	0,36	0,27	0,49	0,41
<b>R<sup>2</sup></b>	0,22	0,11	0,34	0,20
<b>b0</b>	-0,83	-1,03	-0,43	-0,76
<b>b1</b>	0,74	0,63	0,87	0,83
<b>Viés</b>	0,47	0,67	0,24	0,56
<b>Correlação</b>	0,47	0,33	0,56	0,45

## 6. DISCUSSÃO

### 6.1 Estatística descritiva para PG

A média observada para PG neste estudo ( $277,3 \pm 4,99$  dias, Tabela 1) é consistente com valores reportados na literatura. Chen et al. (2021) reportaram média de  $278,35 \pm 6,18$  dias para PG de vacas Holstein de 39 fazendas na China. Similarmente, López de Maturana et al. (2009) reportaram média de  $277,6 \pm 4,9$  dias para PG de vacas Hosltein da Columbia, EUA. Além disso, estes autores concluíram que gestações de aproximadamente 274 dias seria ideal para vacas da raça Holstein, visto que não afetaria negativamente outras características

correlacionadas, como facilidade de parto e índice de natimortos. Neste contexto, em nosso estudo o PG variou de 265 a 295 dias (Tabela 1), com o coeficiente de variação (CV) igual a 1,79%. Embora haja uma variação absoluta no PG, o CV revela que a variabilidade relativa em relação à média é baixa. A variabilidade absoluta foi consistente com o intervalos reportados na literatura. Por exemplo, Norman et al. (2011) reportaram PG variando de 275,3 dias a 281,7 dias. Da mesma forma, Eaglen et al. (2012) observaram um intervalo semelhante, de 265 a 295 dias.

Ao avaliar o PG dentro de cada sexo foi observado cerca de um dia a mais no PG de fetos machos (Tabela 1), sendo consistente com valores reportados na literatura (McClintock et al., 2003; Rocha et al., 2005; Echternkamp et al., 2007; Norman et al., 2009; Tomasek et al., 2017). O maior PG para os machos pode ser explicado pelo maior peso ao nascimento, decorrente da taxa de crescimento mais elevada em comparação às fêmeas. Isso decorre devido à maior produção de testosterona pelos testículos nos machos, em relação à produção pelas glândulas suprarrenais nas fêmeas. Esse hormônio pode estimular o crescimento e maturação, prolongando o tempo necessário para que o feto esteja pronto para o nascimento (Donofre e Castro, 2015; Vaz, et al. 2020).

Além disso, também foi observado que vacas apresentaram maiores PG do que novilhas (Tabela 1). Similarmente, Norman et al (2009) encontraram diferenças entre as médias de novilhas e vacas das raças Pardo Suíço, Holstein e Jersey, variando de 0,3 a 1,6 dias. Isso ocorre devido às diferenças nas concentrações circulantes de progesterona, responsável pela manutenção da gestação, sendo mais baixa em vacas leiteiras devido ao aumento do metabolismo hepático deste hormônio, além de menor produção pelo corpo lúteo. O aumento do fluxo sanguíneo hepático e o metabolismo de esteróides são consequência de uma alta ingestão de ração devido à alta produção de leite, resultando em baixas concentrações de progesterona e estradiol na circulação (Sangsrivong et al., 2002; Wolfenson et al., 2004; Silva, 2022). Em concordância, Tomasek et al (2017) reportaram PG de 2,5 a 4,9 dias maiores em vacas do que em novilhas de rebanhos com maior produção de leite, e de 0,5 a 3,6 dias maiores em vacas de rebanhos com menor produção de leite. Assim, os aumentos extremos na ingestão de ração, acompanhados por aumento do metabolismo da progesterona em vacas leiteiras lactantes, podem resultar em menor progesterona circulante e, conseqüentemente, em PGs mais longos nas vacas.

## 6.2 Comparação de modelos

Os resultados obtidos neste estudo ilustram o impacto de avaliar o PG de bovinos Holandeses como fenótipo da vaca ou do bezerro. Os modelos foram comparados a partir de vários critérios, incluindo qualidade de ajuste, parâmetros genéticos, capacidade preditiva e reclassificação. Também foi avaliado o impacto da inclusão de informações genômicas na qualidade da predição genética para PG.

Em geral, a qualidade do ajuste baseada nos valores de DIC foi melhor para os modelos mais complexos, os quais incluíram maior número de efeitos aleatórios (Tabela 2). Estes modelos também apresentaram menores estimativas de variância residual (Tabela 3), com destaque para os modelos MOD4 e MOD7 em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca e os modelos MOD15 e MOD16 em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. Ambos os modelos MOD4 e MOD7 incluem o efeito de ambiente permanente do touro de serviço. Similarmente, Chen et al (2021) avaliando PG de vacas também demonstraram a importância de incluir esse efeito na avaliação.

Os trabalhos que têm avaliado PG como fenótipo do bezerro têm demonstrado que modelos que incluem os efeitos materno e de ambiente permanente materno, (equivalente ao MOD16 em nosso estudo) tem sido o mais apropriado para avaliar o PG (Eaglen et al., 2012; Haile-Mariam e Pryce, 2019). Em alguns estudos o PG foi avaliado como fenótipo da vaca ou do bezerro (Mucari et al., 2011; Rocha et al., 2005). Os resultados indicam que essa característica deve ser considerada como fenótipo do bezerro, uma vez que os efeitos que influenciam essa característica estão relacionados principalmente ao bezerro. Neste contexto, as menores estimativas de variância residual observada nos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro é um indicativo de melhor ajuste para esses modelos (uma diferença de em média de 9,63 dias<sup>2</sup>, Tabela 3).

As médias de variância aditiva foram de 5,04 dias<sup>2</sup> para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca e 5,90 dias<sup>2</sup> para os modelos em que PG foi avaliada como fenótipo do bezerro (excluindo o modelo 9, Tabela 3). No entanto, menores estimativas têm sido reportadas na literatura a partir de modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca. Chen et al. (2021), reportaram estimativas de 3,97 dias<sup>2</sup>. Mucari et al. (2011) comparando diferentes modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca ou do bezerro, em bovinos Canchim, reportaram estimativas de 1,89 a 3,49 e 11,63 a 16,17, respectivamente. Da mesma forma, Eaglen et al. (2012) encontraram para a raça Holstein-Friesian, ao avaliar o PG como fenótipo do bezerro, estimativas de variância genética aditiva de 11,66 e 13,22 dias<sup>2</sup>.

As estimativas de herdabilidade encontradas para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo da vaca foram moderadas (em média 0,21, Tabela 4), indicando que PG é uma característica influenciada por genes aditivos e responsiva ao processo de seleção. Estimativas iguais a 0,21 (Al-Samarai 2008), 0,17 (Oliveira Junior et al., 2021), e 0,10 (Chen et al., 2021) foram reportadas para PG modelado como fenótipo da vaca em bovinos Holstein. Tais variações podem ser atribuídas às diferenças nas populações ou às metodologias utilizadas (Chen et al., 2021).

As estimativas de herdabilidade foram moderadas para a maioria dos modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro (com exceção do MOD16 e do MOD9, Tabela 4), coincidindo com os achados de Mucari, et al (2011), que reportaram estimativas de herdabilidade variando de 0,22 a 0,31. Similarmente, Rocha et al. (2005), reportaram estimativas de herdabilidade de 0,21 para animais da raça Nelore e 0,71 em cruzados para modelos em que o PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. Sugerindo que há possibilidade de alterar a média de PG por meio de seleção quando considerado como fenótipo do bezerro. As maiores estimativas de variância e herdabilidade foram observadas para o MOD9, que incluiu somente o efeito aditivo, e resultou em pior qualidade de ajuste pelo DIC (Tabela 2) e outras estatísticas utilizadas (Tabela 5), sugerindo não ser um modelo apropriado para avaliar o PG.

Entre os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro, a estimativa de herdabilidade materna foi inferior à herdabilidade direta para a maioria dos modelos (com exceção do modelo 16, Tabela 4). No entanto, na literatura é comum encontrar estimativas de herdabilidade direta superiores às maternas. Por exemplo, Eaglen et al. (2013) relataram estimativas de herdabilidade direta  $\pm$  desvio-padrão de  $0,49 \pm 0,05$  e materna de  $0,09 \pm 0,03$ . Da mesma forma, Haile-Mariam e Pryce (2019) encontraram estimativas de  $0,29 \pm 0,01$  para herdabilidade direta e  $0,03 \pm 0,01$  para a herdabilidade materna, indicando que a variação genética desta característica está mais relacionada no desencadeamento do parto pelo feto do que pela mãe (Eaglen, et al. 2012). No entanto, a complexidade do PG se torna evidente quando se utiliza o modelo completo (MOD 16), que separa os efeitos genéticos direto, materno e paterno. O uso desse modelo indica uma significativa influência da mãe, como indicado pela herdabilidade materna igual a  $0,38 \pm 0,02$ .

As estimativas de herdabilidade do efeito do touro de serviço (PG como fenótipo da vaca) ou do efeito paterno (PG como fenótipo do bezerro) foram de magnitudes baixas (inferiores a 0,094, Tabela 4). Chen et al. (2021) encontraram estimativa de herdabilidade para o touro de serviço igual a 0,10. Alguns estudos que avaliaram o efeito do touro de serviço

utilizando o modelo sire-maternal grandsire (S-MGS), que converte as variâncias direta e materna em variâncias do pai e do avô materno. As estimativas de herdabilidade encontradas para o efeito de touro nesses estudos variam de 0,21 a 0,50 (Norman, et al. 2009; Nogalski e Piwezynski, 2012; Eaglen, et al. 2012). Em geral, esses autores destacam a importância de considerar o efeito do touro de serviço na modelagem das características reprodutivas, apesar de sua pequena contribuição genética.

O touro de serviço contribuiu em até 9% da variação fenotípica quando o PG foi considerado como fenótipo da vaca (MOD6, Tabela 3). Similarmente, Rocha et al. (2005) reportaram uma contribuição genética do touro de serviço de 7% da variação fenotípica em animais da raça Nelore. Os efeitos de ambiente permanente do touro de serviço e paterno têm influência no PG como fenótipo da vaca ou como fenótipo do bezerro, sugerindo uma maior influência desse efeito em comparação aos efeitos de ambiente permanente da vaca ou materno (Tabela 3).

Segundo Mucari, et al (2011), os valores reduzidos da variância atribuída ao ambiente permanente materno sugerem pouca influência sobre PG. Por outro lado, Chen et al. (2021), encontraram que a variância desse efeito igual a 0,54 enquanto a do touro de serviço foi próxima de zero. Marques (2017) avaliando o PG em suínos demonstraram que o efeito de ambiente permanente do touro de serviço explicou mais a variância fenotípica do que o efeito de ambiente permanente da porca, com valores de 0,19 e 0,17, respectivamente. Nos modelos que avaliam o PG como fenótipo da vaca, observou-se que a soma das variâncias atribuídas aos efeitos de ambiente permanente e genético do touro de serviço, é aproximadamente a mesma quando analisados separadamente (Tabela 3). Provavelmente parte da variação fenotípica que seria explicada pelo efeito genético do touro de serviço é capturada pelo efeito ambiental permanente quando este é considerado isoladamente, e vice-versa. No entanto, não foram encontrados estudos na literatura que investigaram o efeito do touro pai do bezerro no PG considerado como fenótipo do bezerro, somente atribuindo esse fenótipo ao touro (modelos S-MGS).

A covariância entre o efeito genético aditivo do bezerro e efeito genético aditivo materno tem um importante papel na interpretação dos parâmetros genéticos estimados e nas estratégias de seleção. Essa covariância reflete a relação genética entre a predisposição dos animais para certas características e a influência genética da mãe sobre essas mesmas características. Compreender essa relação é essencial, pois uma covariância negativa pode sugerir que animais geneticamente propensos a nascer facilmente podem estar associados a mães geneticamente menos capazes de facilitar o parto, e vice-versa. Isso impacta diretamente nas estratégias de seleção (Eaglen et al. 2012). No presente estudo, a estimativa dessa

covariância foi maior (acima de 2,98, Tabela 3) do que as encontradas na literatura, indicando uma possível relação genética entre predisposição da vaca parir em menor tempo e do bezerro nascer em menor tempo. Na literatura, essas covariâncias são frequentemente negativas (Chud et al., 2014; Mucari et al., 2011). Mucari et al. (2011) mostram que as correlações negativas entre os efeitos direto e materno indicam um antagonismo genético entre esses efeitos para o PG.

Chen et al. (2021) encontraram uma alta correlação genética entre efeito genético da vaca e do touro de serviço para PG ( $0,78 \pm 0,040$ ). No entanto, a estimativa para essa correlação no presente trabalho foi baixa ( $-0,00 \pm 0,07$  a  $0,14 \pm 0,23$ , Tabela 4), indicando um antagonismo genético entre efeito da vaca e do touro para o PG, o que significa que a seleção deve ser mais criteriosa e considerar separadamente os valores genéticos das vacas e dos touros de serviço para a otimização da seleção genética. Outros trabalhos consideraram o efeito direto do touro de serviço como não correlacionado, o que reduziu a variância do erro (Rocha, et al. 2005; Mucari, et al. 201).

É sugerido que a covariância entre os efeitos genético direto e materno seja sensível ao viés de estimativa (Koch, 1972), o que justificaria as correlações genéticas diretas e maternas negativas e de alta magnitude encontradas para características de parto. Porém, no presente trabalho foi observado uma correlação positiva e de alta magnitude entre efeito genético aditivo do bezerro e efeito genético materno (até 0,983, Tabela 4), podendo inferir que o grupo de genes que atuam no PG como efeito genético direto também afeta a expressão dessa característica como efeito genético materno. Por outro lado, a correlação entre efeito genético materno e paterno foi negativa para o melhor modelo considerando PG como fenótipo do bezerro (Tabela 4), sugerindo um antagonismo genético entre os genes maternos e paternos que controlam o PG, o que pode dificultar a seleção simultânea desses efeitos.

A estimativa de repetibilidade obtida para PG como fenótipo da vaca indica uma pequena relação entre os desempenhos de uma mesma matriz, o que está de acordo com a literatura ao mostrar que os principais efeitos que determinam PG estão mais relacionados com o feto do que com a mãe (Meyer, et al., 2000; Norman et al., 2009; Mucari et al., 2011). As repetibilidades estimadas para a vaca foram moderadas (0,202 a 0,212, Tabela 4). Além disso, as repetibilidades para o touro de serviço foram baixas (0,09, Tabela 4), indicando que as medidas nos touros são pouco correlacionadas, implicando que fatores externos não controlados podem afetar significativamente essas medidas repetidas.

As estratégias para seleção são baseadas principalmente nas classificações dos animais reprodutores com base no EBV. Portanto, obter valores genéticos mais acurados é um passo

importante nas avaliações genéticas. As maiores acurácias foram observadas para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro. Entretanto, as predições dos EBVs foram inflacionadas para a maioria dos modelos. Os melhores valores de  $b_1$  foram observados para os modelos em que PG foi avaliado como fenótipo do bezerro: MOD13 e MOD16, e esse último também apresentou o menor valor de viés. Nesse contexto, os melhores resultados para a capacidade preditiva foram observados para o MOD16, o qual também apresentou o melhor (menor) valor de DIC (Tabela 2).

A reclassificação dos animais com base no EBV foi observada tanto nos modelos em que o PG foi avaliado como fenótipo vaca quanto nos modelos em que o PG foi avaliado como fenótipo do bezerro (variando de 0,46 a 0,74, Figura 1), sugerindo que a escolha do fenótipo pode impactar na classificação dos animais. No entanto, os modelos MOD15 e MOD16 apresentaram os maiores valores de correlação de rank com os demais modelos (variando de 0,71 a 0,94 e 0,68 a 0,95, respectivamente, Figura 1), indicando uma maior consistência na classificação dos animais.

A escolha do melhor modelo é um equilíbrio entre a complexidade do modelo, a qualidade do ajuste e a acurácia das predições (Meyer, 2005). Portanto, sugerimos que avaliar PG de bovinos Holandês como fenótipo do bezerro, por meio do MOD16 incluindo os efeitos materno, paterno, de ambiente permanente materno e ambiente permanente paterno é importante para atingir um melhor ajuste e capacidade preditiva.

### **6.3 Predição genômica**

Em geral, as maiores acurácias e menor viés foram observados com a inclusão das informações genômicas se comparado às avaliações baseadas somente em pedigree em ambos modelos (Tabela 6). Em termos de capacidade preditiva, a inclusão de informações genômicas aumentou a acurácia em até 0,09, e o coeficiente de determinação aumentou até 0,14 (Tabela 6). Estes resultados de acurácia reportados foram semelhantes aos reportados em outros estudos que também usaram a mesma mensuração de acurácia (por meio do método LR) ao avaliarem a metodologia ssGBLUP para PG (por exemplo, Johnston et al. 2024). Esses autores incluíram mais de 10.000 animais genotipados em seu estudo e encontraram acurácias variando de 0,25 a 0,68. VanRaden et al. (2009) mostraram que os valores de confiabilidade aumentaram linearmente com o número de touros genotipados sob a abordagem GBLUP. Portanto, o número de touros genotipados parece afetar os valores de confiabilidade. Além disso, maiores valores de  $b_1$  foram observados para as abordagens genômicas em ambos modelos. Para o MOD16 este valor foi igual a 0,87, enquanto valor mais baixo (0,74) foi observado para o MOD4. Além

disso, é importante destacar que melhores valores de validação foram observados para o MOD16 (0,56), se comparado ao MOD4 (0,47).

## **7. CONCLUSÕES**

É importante destacar a influência do efeito de ambiente permanente do touro de serviço em comparação ao efeito de ambiente permanente da vaca ou materno. Esse achado destaca a importância do efeito do touro de serviço, indicando que o ambiente e os fatores genéticos associados ao touro de serviço têm um impacto no período de gestação.

O modelo animal (MOD16) em que PG é avaliado como fenótipo do bezerro ajustado incluindo os efeitos materno, paterno, de ambiente permanente materno e ambiente permanente paterno fornece melhor ajuste e melhor capacidade preditiva para a avaliação genética de bovinos Holandesa no Brasil.

A inclusão de informações genômicas por meio da abordagem ssGBLUP para avaliar PG é viável e pode ser vantajosa para as avaliações genéticas nacionais, devido à melhora da capacidade preditiva. Com o aumento no número de animais genotipados espera-se que a abordagem genômica possibilite acurácias ainda maiores, especialmente para animais jovens.

Além disso, é fundamental explorar diferentes modelagens para a avaliação do PG, a fim de identificar a abordagem mais eficaz, como, por exemplo, o uso do modelo S-MGS.

## REFERÊNCIAS

- AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score<sup>1</sup>. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743–752, 2010.
- ALFIERI, A. A. et al. Sanitary program to reduce embryonic mortality associated with infectious diseases in cattle. **Anim. Reprod**, v.16, n.3, 2019.
- AL-SAMARAI. Some factors influencing gestation length in Holstein cows. **LSIJ**, v.2, n.4, 2008.
- ATASHI, H. et al. A genome-wide association study for calving interval in Holstein Dairy cows using weighted single-step genomic BLUP approach. **Animals**, v.10, n.3, 2020.
- ATASHI, H. et al. Association between age at first calving and lactation performance, lactation curve, calving interval, calf birth weight, and dystocia in Holstein dairy cows. **PLOS ONE**, v.16, n.1, 2021.
- BERGAMASCHI, M. A. C. M. et al. Eficiência reprodutiva das vacas leiteiras. São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste, 2010. (Embrapa Pecuária Sudeste. Circular Técnica, 64).
- BRZÁKOVÁ, M. et al. Estimation of genetic parameters for female fertility traits in the Czech Holstein population. **Czech Journal of Animal Science**, v.64, n.5, p.199-206, 2019.
- CAMPOS, V. F. et al. MicroRNAs e seu papel no desenvolvimento embrionário. **Ciência Rural**, v.41, n.1, p.85-93, 2011.
- CHEN, Z. et al. Genetic and genomic analyses of service sire effect on female reproductive traits in Holstein cattle. **Frontiers in Genetics**, v.12, 2021.
- CHUD, T. C. S. et al. Genetic analysis for gestations length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. **Livestock Science**, v. 170, p. 16-21, 2014.
- COBUCCI, J. A. et al. Análises da persistência na lactação de vacas da raça Holandesa, usando produção no dia do controle e modelo de regressão aleatória. **R. Bras. Zootec.**, v.33, n.3, p..546-554, 2004.

CHRISTENSEN, O. F.; LUND, M. S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genet. Sel. Evol.**, v.42, n.2, 2010.

DECHOW, C. Gestation length evaluations are now available. *Hoard's Dairyman*. 2017. Disponível em: <https://hoards.com/article-22003-gestation-length-evaluations-are-now-available.html>.

DONOFRE, A. C.; CASTRO, A. C. Determinação do sexo e o seu efeito na deposição de tecidos em bovinos. **Revista Científica de Medicina Veterinária**, n.25, 2015.

EAGLEN, S. A. E.; COLEN, J. B. What's going on with calving ease? *Progressive dairy*. Jerome, USA. 2020. Disponível em: <https://www.agproud.com/articles/36734-whats-going-on-with-calving-ease>.

EAGLEN, S. A. E. et al. Direct and maternal genetic relationship between calving ease, gestation length, milk production, fertility, type, and lifespan of Holstein-Friesian primiparous cows. **Journal of Dairy Science**, v. 96, n.06, p. 4015-1025, 2013.

EAGLEN, S. A. E. et al. Evaluating alternate models to estimate genetic parameters of calving traits in United Kingdom Holstein-Friesian dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.44, n.23, 2012.

ECHTERNKAMP, S. E. et al. Increased calf production in cattle selected for twin ovulations. **Journal of Animal Science**, v.85, n.12, p.3239-3248, 2007.

FACCIOTTI, P. R. Influência da idade gestacional sobre as taxas de proliferação e apoptose placentária em bovinos. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade de São Paulo, São Paulo, SP, 2009.

FANG, L. et al. Genetic and epigenetic architecture of paternal origin contribute to gestation length in cattle. **Communications Biology**, v.2, n.100, 2019.

Fox J, Weisberg S (2019). *\_An R Companion to Applied Regression\_*, Third edition. Sage, Thousand Oaks CA. <https://www.john-fox.ca/Companion/>.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In *Bayesian Statistics 4*. Oxford: University Press, p. 625-531, 1991.

GIANNUBILO, S. R. et al. The “bad father”: Paternal role in biology of pregnancy and in birth outcome. **Biology**, v.13, n.3, p.165, 2024.

HAILE-MARIAM, M.; PRYCE, J. Genetic evaluation of gestation length and its use in managing calving patterns. **J. Dairy Sci.**, v.102, n.1, p.476-487, 2019.

HEISE, J. et al. Phenotypic and genetic relationships between age at first calving, its component traits, and survival of heifers up to second calving. **Journal of Dairy Science**, v.101, n.1, p.425-432, 2018.

JOHNSTON, D. J. BREEDPLAN single-step genomic evaluations deliver increased accuracies across all breeds and EBVs. **Anim. Breed. Genet.**, v.111, n.25, p.111-114, 2024.

JORJANI, H. et al. Interbull Guidelines for National & International genetic evaluation systems in dairy cattle with focus on production traits. 2001. Disponível em: <https://www.icar.org/wp-content/uploads/2015/08/interbull-guidelines-20011.pdf>.

KASNÁ, E. et al. Evaluation of gestation length in Czech Holstein cattle. *Czech Journal of Animal Science*, v. 65, n.12, p.473-481, 2020.

KGARI, R. D. et al. Estimation of genetic parameters for heifer and cow fertility traits derived from on-farm ai service records of south African Holstein cattle. **Animals**, v.12, n.16, 2022.

KOCK, R. M. The Role of Maternal Effects in Animal Breeding: VI. Maternal Effects in Beef Cattle. **Journal of Animal Science**, v.35, n.6, p.1316–1323, 1972.

LEGARRA, A. e REVERTER, A. Semi-parametric estimates of population accuracy and bias of predictions of breeding values and future phenotypes using the LR method. **Genetics Selection Evolution**, p.50-53, 2018.

Lenth R (2024). *\_emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means\_*. R package version 1.10.5, <https://CRAN.R-project.org/package=emmeans>.

LÓPEZ DE MATURANA, E. et al. Exploring biological relationships between calving traits in primiparous cattle with a Bayesian recursive model. **Genetics**, v.181, n.1, p.277-287, 2009.

- MARQUES, D. B. D. Genetic parameters and genomic analysis of semen quality and fertility traits in pigs. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2017.
- MCCLINTOCK, S. et al. Relationships between calving traits in heifers and mature cows in Australia. **Interbull Bull**, n.31, p.102-106, 2003.
- MEE, J. F. Prevalence and risk factors for dystocia in dairy cattle: A review. **The Veterinary Journal**, v.176, n.1, p.93-101, 2008.
- MEIJERING, A. Dystocia and stillbirth in cattle: a review of causes, relations and implications. **Livest Prod Sci.**, v.11, n.2, p.143-77, 1984.
- MEYER, C. L. et al. Interactions among factors affecting stillbirths in Holsteins cattle in the United States. **J. Dairy Sci.** v. 83, p. 2657-2663, 2000.
- MEYER, K. Random regression analyses using B-splines to model growth of Australian Angus cattle. *Genetic Selection Evolution*, v.37, n.473, 2005.
- MISZTAL, I., LEGARRA, A., AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4648–4655, 2009.
- MISZTAL, I. et al. Manual for BLUPF90 Family of Programs. University of Georgia. 2014.
- MOLARINHO, K. R. et al. Causas de aborto em bovinos: Estudo de 130 casos. XXIV congresso de iniciação científica da Universidade Federal de Pelotas. 2015.
- MORAES, J. C. F. et al. Controle do estro e da ovulação em ruminantes. Biotécnicas aplicadas à reprodução animal. São Paulo: Varela, cap. 3, p.25-55, 2002.
- MUCARI, T. B. et al. Análise genética do período de gestação em animais de um rebanho Canchim: estimação de parâmetros genéticos e escolha entre modelos animais alternativos. **R. Bras. Zootec.**, v.40, n.6, p.1211-1216, 2011.
- MÜLLER, M.-P. et al. Genome-wide mapping of 10 calving and fertility traits in Holstein dairy cattle with special regard to chromosome 18. **Journal of Dairy Science**, v.100, n.3, p.1987-2006, 2017.

- NICIURA, S. C. M. Anatomia e fisiologia da reprodução de fêmeas bovinas. Campinas: Instituto agrônomo (Série Tecnologia APTA. Boletim Técnico IAC, 51). p.15-27, 2008.
- NOGALSKI, Z.; PIWEZYNSKI, D. Association of length of pregnancy with other reproductive traits in dairy cattle. **J. Anim. Sci.**, v.25, n.1, p.22-27, 2012.
- NORMAN, H. D. et al. Factors associated with frequency of abortions recorded through Dairy Herd Improvement test plans. **Journal of Dairy Science**, v.95, n.7, p.4074-4084, 2012.
- NORMAN, H. D. et al. Genetic and environmental factors that affect gestation length in dairy cattle. **J. Dairy Sci.** v.92, p.2259-2269, 2009.
- NORMAN, H. D. et al. Potential consequences of selection to change gestation length on performances of Holstein cows. **J. Dairy Sci.**, v.94, p.1005-1010, 2011.
- OLIVEIRA, H. R. et al. Application of single-step genomic evaluation using multiple-trait random regression test-day models in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.102, n.3, 2019.
- OLIVEIRA JUNIOR, G. A. et al. Estimated genetic parameters for all genetically evaluated traits in Canadian Holsteins. **J. Dairy Sci.**, v.104, p.9002-9015, 2021.
- OTTO, P. I. et al. Fatores determinantes no melhoramento genético de gado de leite. MilkPoint, 2021. Disponível em: <https://www.milkpoint.com.br/artigos/producao-de-leite/melhoramento-genetico-na-224175/>
- R CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. **Vienna: R Foundation for Statistical Computing**, 2023. Disponível em: <https://www.Rproject.org/>. Acesso em: 05 set. 2023.
- RESENDE, O. A. et al. Influência de alguns fatores sobre o período de gestação no rebanho Girolando da Pesagro (1990-2019). **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.45, n.2, p.67-74, 2021.
- ROBINSON, D. L. Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. **Livestock Production Science**, v.45, n.2, p.111-122, 1996.
- ROCHA, J. C. M. C. et al. Componentes de variância para o período de gestação em bovinos de corte. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.56, n.6, p.784-791, 2005.

RODRIGUES, L. P. Desempenho e características de carcaça de bovinos holandeses confinados recebendo dietas com alto teor de concentrado. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA, 2016.

SALEHI, R. et al. Effects of prepartum diets supplemented with rolled oilseeds on calf birth weight, postpartum health, feed intake, milk yield, and reproductive performance of dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v.99, n.5, p.3584-3597, 2016.

SANGSRITAVONG, S. et al. High feed intake increases liver blood flow and metabolism of progesterone and estradiol-17 $\beta$  in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.85, n.11, p.2831-2842, 2002.

SANTOS, K. J. G. et al. Biotecnologias reprodutivas e fisiologia reprodutiva da fêmea bovina – conhecimento para o sucesso. **PUBVET**, v.6, n.36, 2012.

SARGOLZAEI, M. et al. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. **BMC Genomics**, v.15, p.478, 2014.

SHI, R. et al. Genomic prediction of service sire effect on female reproductive performance in Holstein cattle: A comparison between different methods, validation population and marker densities. **J. Anim Breed Genet.** v.00, p.1–11, 2023.

SILVA, A. A. et al. GWAS and gene networks for milk-related traits from test-day multiple lactations in Portuguese Holstein cattle. **Journal of Applied Genetics**, v.61, p.465-476, 2020.

SILVA, E. I. C. S. Fisiologia da reprodução de bovinos leiteiros: aspectos básicos e clínicos. 1. Ed. Belo Jardim: EICS, 2022.

SILVA, E. I. C. S. Fisiologia do parto e da lactação animal. Graduação em Zootecnia – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Belo Jardim, 2020.

SILVA, H. M. et al. Factors affecting days open, gestation length, and calving interval in Florida dairy cattle. **J. Dairy Sci.**, v.75, p.288–293, 1992.

SILVA, M. A.; THÍEBAUT, J. T. L.; VALENTE, B. D.; TORRES, R. A.; FARIA, F. J. C. Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal. Belo Horizonte: **FEPMVZ Editoria**, 375p., 2008.

SILVEIRA, R. M. F. et al. Influência dos índices reprodutivos na produção de leite de vacas mestiças criadas no litoral Cearense. **ACSA**, Patos-PB, v.14, n.2, p.117-112, 2018.

SMITH, G.M.; LASTER, D.B.; GREGORY, K.E. Characterization of biological types of cattle. I. dystocia and preweaning growth. **J. Anim. Sci.**, v.43, p.27-36, 1976.

SOMA-PILLAY, P. et al. Physiological changes in pregnancy. **Cardiovascular Journal of Africa**. v.27, n.2, 2016.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)**, v.64, n.4, p.583-639, 2002.

TOMASEK, R., REZAC, P., HAVLICEK, Z. Environmental and animal factors associated with gestation length in Holstein cows and heifers in two herds in the Czech Republic. **Theriogenology**, v.87, p.100-107, 2017.

VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of Dairy Science**, v.91, n.11, p.4414–4423, 2008.

VAZ, R. Z. et al. Mês do parto e sexo do bezerro na produção e eficiência dos rebanhos. **Ciê. Anim. Bras.**, v.21, 2020.

VRIES, A. Economic value of pregnancy in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n.10, p.3876-3885, 2006.

WEIGEL, K. A.; REKAYA, R. Genetic parameters for reproductive traits of Holstein cattle in California and Minnesota. **J. Dairy Sci.**, v.83, p.1072-1080, 2000.

WILHAM, R. L. The covariance between relatives for characters composed of components contributed by related individuals. **Biometrics**, v.19, n.1, p.18-27, 1963.

WOLFENSON, et al. Follicular dynamics and concentrations of steroids and gonadotropins in lactating cows and nulliparous heifers. **Theriogenology**, v.62, n.6, p.1042-1055, 2004.

## ANEXO 1 – FÓRMULAS

### MOD1:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

### MOD2:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_e^2}$$

### MOD3:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

### MOD4:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{ps}^2 + \sigma_e^2}$$

### MOD5:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

### MOD6:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

### MOD7:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + \sigma_e^2}$$

### MOD8:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

**MOD9:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

**MOD10:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

**MOD11:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pm}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pm}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

**MOD12:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

**MOD 13:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

**MOD14:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

**MOD15:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + \sigma_e^2}$$

**MOD16:**

$$h_a^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_m^2 = \frac{\sigma_m^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_u^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

$$h_s^2 = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_u^2 + \sigma_m^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pm}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{am} + 2 \times \sigma_{as} + 2 \times \sigma_{ms} + \sigma_e^2}$$

**MOD2:**

$$t_a = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_e^2}$$

**MOD5:**

$$t_s = \frac{\sigma_s^2 + \sigma_{ps}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

**MOD6:**

$$t_a = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

**MOD7:**

$$t_a = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + \sigma_e^2}$$

**MOD8:**

$$t_a = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pc}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

$$t_s = \frac{\sigma_s^2 + \sigma_{ps}^2}{\sigma_{hys}^2 + \sigma_a^2 + \sigma_s^2 + \sigma_{pc}^2 + \sigma_{ps}^2 + 2 \times \sigma_{as} + \sigma_e^2}$$

**MOD16:**

$$r_{am} = \frac{\sigma_{am}}{\sqrt{\sigma_a^2 * \sigma_m^2}}$$

$$r_{as} = \frac{\sigma_{as}}{\sqrt{\sigma_a^2 * \sigma_s^2}}$$

$$r_{ms} = \frac{\sigma_{ms}}{\sqrt{\sigma_m^2 * \sigma_s^2}}$$

## MATERIAL SUPLEMENTAR

**Tabela Suplementar 1:** Componentes de covariâncias para o período de gestação (PG) como fenótipo da vaca (MOD 1 a MOD 8) ou como fenótipo do bezerro (MOD 9 a MOD 16)

MODELOS	$\sigma_p^2$ (SD)	$\sigma_a^2$ (SD)	$\sigma_m^2$ (SD)	$\sigma_s^2$ (SD)	$\sigma_{pc}^2$ (SD)	$\sigma_{pm}^2$ (SD)	$\sigma_{ps}^2$ (SD)	$\sigma_{hys}^2$ (SD)	$\sigma_e^2$ (SD)	$\sigma_{am}$ (SD)	$\sigma_{as}$ (SD)	$\sigma_{ms}$ (SD)
<b>MOD 1</b>	24,13 (0,0706)	5,12 (0,0745)	-	-	-	-	-	1,61 (0,0391)	17,41 (0,0585)	-	-	-
<b>MOD 2</b>	24,13 (0,0707)	5,10 (0,0752)	-	-	0,02 (0,0071)	-	-	1,61 (0,0392)	17,40 (0,0586)	-	-	-
<b>MOD 3</b>	24,68 (0,4332)	5,01 (0,0719)	-	2,32 (0,0928)	-	-	-	1,25 (0,0338)	16,08 (0,0555)	-	0,01 (0,2114)	-
<b>MOD 4</b>	24,54 (0,0929)	5,04 (0,0718)	-	-	-	-	2,18 (0,0684)	1,25 (0,0341)	16,07 (0,0549)	-	-	-
<b>MOD 5</b>	24,58 (0,4569)	5,01 (0,0703)	-	0,71 (0,3556)	-	-	1,51 (0,3469)	1,24 (0,0336)	16,08 (0,0548)	-	0,01 (0,2279)	-
<b>MOD 6</b>	24,66 (0,4637)	5,01 (0,0703)	-	2,33 (0,0951)	0,01 (0,0017)	-	-	1,25 (0,0336)	16,08 (0,0549)	-	-0,01 (0,2277)	-
<b>MOD 7</b>	24,53 (0,0935)	5,02 (0,0714)	-	-	0,02 (0,0098)	-	2,18 (0,0700)	1,25 (0,0339)	16,07 (0,0547)	-	-	-
<b>MOD 8</b>	24,76 (0,4103)	4,98 (0,0728)	-	0,22 (0,1092)	0,03 (0,0124)	-	2,00 (0,1362)	1,24 (0,0338)	16,07 (0,0549)	-	0,11 (0,2007)	-
<b>MOD 9</b>	27,11 (0,1155)	18,70 (0,2682)	-	-	-	-	-	1,28 (0,0339)	7,12 (0,1683)	-	-	-
<b>MOD 10</b>	21,14 (1,6081)	7,50 (2,3549)	5,23 (1,1070)	-	-	-	-	1,28 (0,0339)	7,13 (0,1794)	2,98 (0,8080)	-	-
<b>MOD 11</b>	19,20 (0,3901)	5,68 (1,2481)	5,11 (1,3357)	-	-	0,03 (0,0204)	-	1,28 (0,0338)	7,09 (0,1715)	3,95 (0,1718)	-	-
<b>MOD 12</b>	21,01 (0,7083)	9,22 (1,1741)	2,60 (0,6450)	0,69 (0,0464)	-	-	-	1,26 (0,0339)	7,23 (0,1655)	4,30 (0,3561)	-0,22 (0,2770)	-0,01 (0,2569)
<b>MOD 13</b>	19,70 (0,3860)	5,63 (1,1919)	4,92 (1,2681)	-	-	-	0,63 (0,0377)	1,26 (0,0336)	7,25 (0,1685)	3,85 (0,2004)	-	-
<b>MOD 14</b>	20,06 (0,7987)	5,49 (1,2384)	5,39 (0,6976)	0,68 (0,0403)	-	0,08 (0,0388)	-	1,26 (0,0340)	7,15 (0,1808)	3,70 (0,4038)	0,19 (0,2664)	-0,49 (0,1981)
<b>MOD 15</b>	18,40 (0,0815))	5,09 (0,3517)	4,15 (0,3790)	-	-	2,78 (1,2887)	0,64	1,26 (0,0336)	4,47	4,50	-	-

						(0,0399)		(1,2788)	(0,0714)			
<b>MOD 16</b>	19,17	2,70	7,32	0,05	-	0,46	0,60	1,26	6,78	4,12	0,01	-0,11
	(0,2227)	(0,2446)	(0,4640)	(0,0214)		(0,1740)	(0,0415)	(0,0339)	(0,2420)	(0,1247)	(0,0804)	(0,1323)

$\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $\sigma_a^2$  = variância do efeito genético aditivo direto;  $\sigma_s^2$  = variância do efeito genético aditivo do touro de serviço;  $\sigma_{pc}^2$  = variância do ambiente permanente da vaca; ;  $\sigma_{pm}^2$  = variância do ambiente permanente materno;  $\sigma_{ps}^2$  = variância do ambiente permanente do touro de serviço;  $\sigma_{hys}^2$  = variância do grupo de contemporâneo;  $\sigma_e^2$  = variância residual e  $\sigma_{as}$  covariância entre efeito genético aditivo direto e do touro de serviço;  $\sigma_{um}$  covariância entre efeito genético aditivo direto e da mãe e  $\sigma_{ms}$  covariância entre efeito genético aditivo da mãe e do touro de serviço, **SD** = desvio padrão.

**Tabela Suplementar 2:** Parâmetros genéticos para o período de gestação (PG) como fenótipo da vaca (MOD 1 a MOD 8) ou do bezerro (MOD 9 a MOD 16)

MODELOS	$h_a^2$ (SD)	$h_m^2$ (SD)	$h_s^2$ (SD)	$r_{am}$ (SD)	$r_{as}$ (SD)	$r_{ms}$ (SD)	$t_a$ (SD)	$t_s$ (SD)
<b>MOD 1</b>	0,212 (0,0028)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 2</b>	0,211 (0,0028)	-	-	-	-	-	0,212 (0,0028)	-
<b>MOD 3</b>	0,203 (0,0044)	-	0,094 (0,0039)	-	0,003 (0,0620)	-	-	-
<b>MOD 4</b>	0,205 (0,0027)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 5</b>	0,204 (0,0046)	-	0,029 (0,0145)	-	0,006 (0,1325)	-	-	0,090 (0,0039)
<b>MOD 6</b>	0,203 (0,0046)	-	0,094 (0,0040)	-	-0,000 (0,0666)	-	0,203 (0,0046)	-
<b>MOD 7</b>	0,205 (0,0027)	-	-	-	-	-	0,206 (0,0027)	-
<b>MOD 8</b>	0,201 (0,0041)	-	0,009 (0,0045)	-	0,142 (0,2309)	-	0,202 (0,0042)	0,089 (0,0037)
<b>MOD 9</b>	0,690 (0,0074)	-	-	-	-	-	-	-
<b>MOD 10</b>	0,277 (0,0889)	0,193 (0,0647)	-	0,512 (0,1885)	-	-	-	-
<b>MOD 11</b>	0,210 (0,0654)	0,189 (0,0675)	-	0,758 (0,0628)	-	-	-	-

<b>MOD 12</b>	0,342 (0,0449)	0,097 (0,0332)	0,026 (0,0025)	0,675 (0,0882)	-0,201 (0,1064)	0,196 (0,1793)	-	-
<b>MOD 13</b>	0,205 (0,0608)	0,180 (0,0626)	-	0,754 (0,0632)	-	-	-	-
<b>MOD 14</b>	0,204 (0,0515)	0,201 (0,0396)	0,025 (0,0023)	0,698 (0,1155)	0,092 (0,1233)	-0,257 (0,1056)	-	-
<b>MOD 15</b>	0,189 (0,0194)	0,151 (0,0205)	-	0,983 (0,0124)	-	-	-	-
<b>MOD 16</b>	0,099 (0,0143)	0,269 (0,0205)	0,003 (0,0011)	0,930 (0,0191)	0,069 (0,2102)	-0,150 (0,1969)	-	-

$h_a^2$  = herdabilidade direta;  $h_m^2$  = herdabilidade materna;  $h_p^2$  = herdabilidade paterna;  $r_{am}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo direto e materno;  $r_{as}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo direto e paterno;  $r_{ms}$  = correlação genética entre efeito genético aditivo materno e paterno;  $t_a$  = repetibilidade para efeito genético aditivo direto e  $t_s$  = repetibilidade

**Tabela Suplementar 3:** Acurácia, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), intercepto ( $b_0$ ), dispersão ( $b_1$ ) e viés obtidos a partir do teste de validação de predições genômicas para os modelos MOD4 e MOD16 usando  $\omega = 1.0, 0.5$  e  $0.1$

	MOD 4			MOD 16		
	$\omega = 0.1$	$\omega = 0.5$	$\omega = 1.0$	$\omega = 0.1$	$\omega = 0.5$	$\omega = 1.0$
<b>Acurácia</b>	0,30	0,31	0,36	0,36	0,40	0,49
<b>R<sup>2</sup></b>	0,20	0,23	0,22	0,34	0,34	0,34
<b>b<sub>0</sub></b>	-0,77	-0,71	-0,83	-0,39	-0,41	-0,43
<b>b<sub>1</sub></b>	0,99	0,87	0,74	1,04	0,99	0,87
<b>Viés</b>	0,77	0,56	0,47	0,44	0,40	0,24
<b>Correlação</b>	0,45	0,48	0,47	0,59	0,58	0,58