

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**SELEÇÃO GENÔMICA ENTRE LONGEVIDADE E
PRODUÇÃO DE LEITE EM BUBALINOS (*Bubalus bubalis*)**

Isabella Silva de Carvalho

Jaboticabal - SP

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**SELEÇÃO GENÔMICA ENTRE LONGEVIDADE E PRODUÇÃO DE LEITE
EM BUBALINOS (*Bubalus bubalis*)**

Isabella Silva de Carvalho

**Orientador: Humberto Tonhati
(Co) orientadora: Sirlene Fernandes Lázaro**

Trabalho de Conclusão de Curso (Iniciação Científica) apresentado à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para graduação em Zootecnia.

Jaboticabal - SP
9º Semestre/2021

C331s

Carvalho, Isabella Silva de

Seleção genômica entre longevidade e produção de leite em bubalinos (*Bubalus bubalis*) / Isabella Silva de Carvalho. -- Jaboticabal, 2021

50 f. : tabs.

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado - Zootecnia) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Humberto Tonhati

Coorientadora: Sirlene Fernandes Lázaro

1. Genética animal. 2. Seleção. 3. Correlação (Estatística). 4. Animais Melhoramento genético. 5. Animais domésticos. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.



DEPARTAMENTO:

Departamento de Zootecnia

CERTIFICADO
TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

TÍTULO: SELEÇÃO GENÔMICA ENTRE LONGEVIDADE E PRODUÇÃO DE LEITE
EM BUBALINOS (*Bubalus bubalis*)

ACADÊMICO: Isabella Silva de Carvalho

CURSO:
Zootecnia

ORIENTADOR (ES): Profº Drº Humberto Tonhati e Drª Sirlene Fernandes Lázaro

Período: 9 Semestre Ano
2021

Aprovado com conceito: A X B C

Este trabalho é recomendado para compor a base de dados CAPELO. Sim Não

Reprovado:

BANCA EXAMINADORA:

	(Nomes)	(Assinaturas)
Presidente	Profº Drº Humberto Tonhati	
Membro	Drª Alessandra Alves Silva	
Membro	Drª Gabriela Stefani	

Jaboticabal 23 / 07 / 2021

Aprovado em reunião do Conselho do Departamento em:

Prof. Dr. José Mauricio Barbanti Duarte
Chefe do Departamento de Zootecnia
Matrícula n. 422332-9

*“Quando tudo está perdido
Sempre existe um caminho
Quando tudo está perdido
Sempre existe uma luz”
Legião Urbana*

*À minha avó Alcídia, símbolo de paciência, resiliência, empatia.
Compreensão e amor, cujo apoio foi fundamental para atingir minhas metas
e me tornar a pessoa que sou hoje.*

DEDICO

*Aos meus pais, Evaldo e Rosilena, símbolos de persistência, dedicação,
amor, honestidade e compreensão, os quais me proporcionaram condições
para chegar até aqui.*

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelas inúmeras vezes em que não me abandonou, que me deu forças para continuar mesmo diante das dificuldades, que me acalentou nos momentos de tristeza e me auxiliou a superar cada obstáculo no caminho;

Aos meus pais, Evaldo e Rosilena, por toda dedicação e amor nesses 24 anos de vida e por todo apoio, compreensão e puxões de orelha nesses cinco anos de graduação. Eles são minha maior inspiração, meu símbolo de força para superar todas as dificuldades encontradas durante a minha caminhada e a base para sempre seguir em frente com os meus sonhos;

Gratidão à minha avó Alcídia, a qual não está mais presente fisicamente na minha vida, mas se fez importante, única e essencial em 23 anos da minha vida, agradeço por todo ensinamento nos anos em que pudemos estar juntas fisicamente, por todo apoio em todos os momentos em que me sentia sem forças para continuar, por acreditar em mim quando ninguém acreditava e por ter me amado tão profundamente a ponto de moldar em mim seu amor, obrigada pelas ligações diárias durante os 4 anos de graduação;

Ao meu orientador Humberto Tonhati pela confiança depositada em mim e pela oportunidade de estágio extracurricular ofertada;

A minha co-orientadora Sirlene Fernandes Lázaro, a qual mais que isso foi uma amiga e uma “mãe” durante os anos de estágio, toda minha gratidão pela paciência, pelos ensinamentos e por acreditar no meu potencial e sempre me incentivar a ser melhor, além de toda compreensão e cuidado;

As minhas queridas colegas Alessandra Alves e Gabriela Stefani, as quais me auxiliaram em todo processo do projeto de iniciação científica e tiveram paciência e cuidado em cada correção aplicada aos meus projetos;

A FCAV/UNESP Jaboticabal por ter se tornado meu lar desde 2017 e seus funcionários;

A CNPq (Processo nº 116087/2019-6) e a FAPESP (Processo nº 2020/11943-7) pela concessão da bolsa de iniciação científica desenvolvendo em mim um amor pela pesquisa e pelo universo científico;

A minha amiga Larissa Pereira Maria, por todo apoio nesses cinco anos de graduação, por toda compreensão, amor, carinho, auxílio, cuidado e paciência. Gratidão por sempre acreditar em mim quando eu mesma não acreditava e não soltar a minha mão em todas as dificuldades, obrigada por me ajudar em cada obstáculo, por ter sido a minha base, meu alicerce e minha inspiração em Jaboticabal e, principalmente, por ser meu anjo na faculdade;

A minha amiga Silviani Pacheco, por ter sido minha companheira de lar, de faculdade e de vida nesses cinco anos, obrigada por todas as conversas até a madrugada, por todo apoio nas noites difíceis e por todo amor, respeito e carinho sempre presente na nossa convivência;

A minha amiga Andrea Bertozzo, por ter sido uma “mãe” durante a graduação, por ter cuidado de mim, ajudado e dado tanto carinho;

A minha amiga Jussara Ferreira, por todo apoio nos estudos e trabalhos, por sempre me auxiliar e pela paz que sempre me proporcionou;

A minha irmã Isadora Carvalho, por ter sido minha confidente, minha amiga e por ter me auxiliado em meio as crises e a saudade de casa, obrigada por todo amor, carinho e compreensão;

Ao meu namorado Mateus Duarte, por todo apoio nesses anos de graduação, pela compreensão em momentos em que não estive tão presente, pelo amor e carinho em cada momento difícil, por ter sido meu porto seguro em momentos de turbulências, por ter sempre acreditado em mim e nunca me deixado desistir;

Ao meu avô Clarindo, que também já partiu desse mundo, mas que sempre apoiou a profissão que escolhi e se orgulhava imensamente das minhas conquistas;

Aos meus avós Aparecido e Neuza pelas orações e todo amor emanado a mim diariamente;

A eles todo a minha gratidão!

Sumário

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	12
1. INTRODUÇÃO	12
1.1 REVISÃO DE LITERATURA	14
1.1.1 Produção de Leite em Búfalos	14
1.1.2 Longevidade	15
1.1.3 Seleção Genômica	16
1.1.4 Modelos Multicaracterística	17
1.1.5 Seleção Indireta	19
1.2 OBJETIVOS	20
CAPÍTULO 2 - Parâmetros genéticos e associação entre longevidade e produção de leite em búfalas utilizando o método ssGBLUP	21
RESUMO	21
ABSTRACT	23
2. INTRODUÇÃO	25
2.1 MATERIAL E MÉTODOS	28
2.1.1 Dados Fenotípicos e Genotípicos	28
2.1.2 Controle de Qualidade dos Genótipos	29
2.1.3 Análise Estatística	30
2.1.4 Acurácia e Viés	31
2.1.5 Ganho Genético e Resposta Correlacionada	32
2.2 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
2.2.1 Estatística Descritiva dos Registros de P305 e LG	32
2.2.2 Estimativas de Componentes de Variâncias e Parâmetros Genéticos	33
2.2.3 Acurácia, Coeficiente de Regressão e Validação	36
2.2.4 Ganho Genético e Tendência Genética	37

2.3	CONCLUSÃO	39
3.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	40

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1. INTRODUÇÃO

A bubalinocultura tem se tornado cada vez mais importante para a economia, e segundo o último censo da FAO realizado em 2019 o número total de cabeças de búfalos no mundo é de 204.342.419. O consumo de leite de búfala entre a população vem aumentando cada vez mais (FAO, 2017), o que permite a contribuição de aproximadamente 11% do total da produção mundial de leite dos búfalos (Cavali e Pereira, 2020). No Brasil a produção leiteira de búfalos é contabilizada em torno de 1.500 a 4.500 litros de leite por lactação (Marques et al., 2020).

Esses animais possuem incrível capacidade de conversão de forragens de baixa qualidade nutricional em leite de alta qualidade (Cavali e Pereira, 2020), gerando um produto final com altos teores de proteína, gordura, sólidos totais, cálcio e fósforo, o que permite que o leite desses animais apresente maior rendimento na elaboração dos derivados lácteos.

Adicionalmente, dentro da produção leiteira, outro aspecto que deve ser considerado é a longevidade dos animais, a qual pode ser definida como aqueles animais que apresentam vida produtiva mais longa no rebanho (Alvåsen et al., 2018; Schuster et al., 2020). Essa característica em animais produtores de leite tem como objetivo elevar a lucratividade da produção (Alvåsen et al., 2018), pois auxilia na redução dos gastos com as novilhas de reposição, uma vez que o segundo maior custo dentro da produção se dá com a reposição dos animais do rebanho (Chamberlain, 2012). A longevidade pode ser ainda, um informativo do bem-estar dos animais (Pritchard et al., 2013), uma vez que, altas taxas de descarte e mortalidade de animais são indicativos de baixo bem-estar (Weigel et al., 2003; Knapp et al., 2014; Alvåsen et al., 2014; Alvåsen et al., 2018).

Assim, animais que permanecem no rebanho por um longo período de tempo tendem a diminuir o impacto ambiental da produção leiteira, com o aumento da produtividade e a quantidade de dióxido de carbono por quilograma produzida por animal é diminuída (Knapp et al., 2014). Contudo, a longevidade é uma característica de difícil mensuração, pois na maioria das vezes só é obtida com a morte do animal ou muito tardiamente na vida dele, além de possuir valor de herdabilidade muito baixo. Portanto, o seu estudo torna-se interessante por meio de características fortemente correlacionadas (Jenko et al., 2015), sendo estas com maiores estimativas de herdabilidade e que sejam mais fáceis de serem mensuradas (Barros et al., 2016), como a produção de leite.

Alguns estudos têm demonstrado vantagens na utilização de modelos multicaracterísticos em comparação aos modelos unicaracterísticos, uma vez que, os primeiros consideram várias características conjuntamente e, possibilitando a formação de índices de seleção e fatores de descarte, além da correlação entre as características (Pedrosa et al., 2014; Da Silva Vilela et al., 2020), e os resultados podem apresentar-se mais acurados. Concomitantemente, os avanços tecnológicos das últimas décadas também permitiram o desenvolvimento de metodologias de alto desempenho e acurácia na caracterização e genotipagem de polimorfismos de nucleotídeos único (SNPs), os quais têm como base as alterações mais elementares da molécula de DNA (Caetano, 2009). Vale salientar que vários painéis compostos de milhares de marcadores SNPs estão disponíveis a baixo custo e sendo utilizados tanto na genética humana quanto animal visando analisar a associação de doenças e características de importância econômica para a seleção dos melhores animais, bem como a variabilidade genética (Biffi et al. 2010; Zenger et al. 2007; Barendse et al. 2007), apresentando como uma das vantagens sua utilização para características de baixa herdabilidade, por exemplo, a longevidade.

O uso de informações genômicas nas análises, além de possibilitar um resultado mais acurado também proporciona maior efetividade, pois possibilita maior aceleração aos programas de seleção devido a redução do intervalo de gerações e maior expressão do mérito genético dos animais (Gonçalves e Cervo, 2019). Dessa forma, a seleção genômica ampla (GWS), definida por Meuwissen et al., (2001), enfatiza a predição simultânea dos efeitos genéticos de milhares de marcadores do DNA dispersos no genoma de um organismo, de forma a capturar os efeitos de todos os loci e explicar a variação genética da característica quantitativa. Em função do elevado custo da genotipagem, Legarra et al., (2009); Misztal et al., (2009); Christensen e Lund, (2010) propuseram o método de Melhor Preditor Genômico Linear Não Viesado de Único Estágio *Single-Step* Genômico (ssGBLUP), metodologia esta que reúne em um único passo todas as informações disponíveis (fenótipo, genótipo e pedigree), permitindo assim, que a predição do valor genético seja feita com base nas informações fenotípicas e genotípicas de indivíduos pertencentes a uma amostra da população de seleção.

1.1 REVISÃO DE LITERATURA

1.1.1 Produção de Leite em Búfalos

Os bubalinos (*Bubalus bubalis*) são oriundos do continente asiático, mais especificamente, da Índia, e a sua domesticação ocorreu a cerca de 5.000 anos. Eles foram introduzidos primeiramente na África e na Europa por serem excelentes fontes de leite, carne e usados, também como fontes alternativas de trabalho (Borghese, 2013). No Brasil, esses animais foram inseridos através do estado do Pará por volta de 1890, contudo, os estímulos aos criadores e selecionadores começou por volta de 1962, após a importação de reprodutores puros das raças Murrah e Jafarabadi, iniciando-se assim, a ampliação e

aproveitamento de bubalinos no país (Santiago, 2000). São animais com elevada capacidade de adaptação aos mais diversos ambientes e com alta rusticidade, o que proporcionou alto interesse para exploração tanto de corte quanto de leite, tornando-se uma alternativa para a criação em regiões onde a espécie bovina apresentava dificuldade em adaptar-se e desenvolver-se (Bernardes, 2007).

Adicionalmente, os búfalos apresentam alta produtividade leiteira na cadeia econômica aumentando assim sua importância, pois o seu leite possui elevado teor de gordura, proteína e sólidos totais o que incrementa a produção do queijo tipo *mozzarella*, iogurte e outros derivados lácteos (Michelizzi et al., 2010). Dessa forma, a produtividade do leite de búfala torna-se mais elevada que a do leite das raças zebuínas (Liu et al., 2018), pois os valores de proteína (4,0-4,5%; 3,4-3,6%) e teores de gordura (6,4-8,0%; 4,1-5,0%) são mais elevados (Khedkar et al., 2016), além do sabor único e acentuado do leite de búfala que o torna diferenciado para o mercado consumidor.

1.1.2 Longevidade

A longevidade trata-se de uma característica de elevada importância tanto na questão econômica quanto na cadeia produtiva da pecuária, pois animais mais longevos reduzem a necessidade da reposição no rebanho, além de estarem relacionados com alta produção leiteira por mais tempo evitando a eliminação precoce das fêmeas (Stefani et al., 2018). Animais mais longevos possibilitam a realização do descarte voluntário baseado em sua produção, reduzindo, assim, o descarte involuntário (Galeazzi et al., 2010), muitas vezes ocasionado por problemas reprodutivos, de locomoção ou de saúde do animal.

A mensuração dessa característica pode ser realizada através de várias formas: 1) *stayability*, podendo ser definida como a capacidade de permanecer no rebanho até uma

idade fixa (Rocha et al., 2018); 2) duração da vida total, ou seja, quantidade de dias desde o nascimento do animal até seu abate ou morte; 3) vida produtiva funcional, a qual consiste na quantidade de dias a partir do primeiro parto até descarte ou morte do animal com ajuste para produção de leite; 4) verdadeira vida produtiva, ou seja, como a medida de longevidade anterior, porém sem ajuste para produção de leite; 5) quantidade de parições; entre outras (Stefani et al., 2018). A longevidade, em geral, é definida como a permanência das fêmeas no rebanho sem que ocorra diminuição do seu desempenho reprodutivo (Schmidt et al., 2018), contudo, geralmente ela é obtida tardiamente ou após a morte do animal, transformando-a em uma característica difícil de ser medida (Lagrotta et al., 2010). Os valores de herdabilidade também são de baixa magnitude variando de 0,01 a 0,13 (Vollema e Groen, 1996; Essl e Voith, 2002; Tsuruta et al., 2005; Daliri et al., 2008; Samoré et al., 2010) em bovinos e 0,14 (Pander et al., 2002) em bubalinos. Galeazzi et al., 2010 definiram a longevidade como a capacidade do animal de permanecer no rebanho entre um a seis anos após o parto e os coeficientes de herdabilidade encontrados variaram de 0,11 a 0,23, ou seja, valores de baixa magnitude, o que torna possível a incorporação de outros métodos para avaliar essa característica.

As fêmeas remanescentes no rebanho poderiam ser comercializadas ou inseminadas com sêmen sexado de machos destinados a corte (Ettema et al., 2017), assim, a média produtiva do rebanho poderia ser superior, uma vez que as deliberações de descarte, em sua maioria, são fundamentadas na produção e também a fração de búfalas mais velhas, as quais usualmente produzem menos que as mais jovens, podendo aumentar a produção (Pritchard et al., 2013).

1.1.3 Seleção Genômica

Para realizar a cobertura completa do genoma dos indivíduos muitas tecnologias de genotipagem foram desenvolvidas, como por exemplo, a seleção genômica (GWS) preconizada por Meuwissen et al., (2001), a qual permite localizar e conhecer os genes responsáveis pela variação fenotípica de inúmeras características, inclusive as de importância econômica e assim, possibilitar o desenvolvimento de métodos de seleção superiores, criação de índices de seleção, entre outros. Esse tipo de seleção é composto de inúmeros marcadores moleculares responsáveis por cobrir todo o genoma (Almeida et al., 2016). Um dos requisitos básicos é que exista desequilíbrio de ligação, a nível populacional, entre os alelos dos marcadores e alelos dos genes associados à característica.

Na seleção genômica inicialmente é necessário obter o polimorfismo dos marcadores e posteriormente estimar os seus efeitos fundamentados nos dados fenotípicos da população requerida, a qual se denomina população de estimação (Almeida et al., 2016). Após a modelagem dos efeitos e estimação, os mesmos serão verificados em uma população de validação, a qual consiste em uma amostra independente com o objetivo de ensaiar e analisar as acurácias das equações de predição de valores genômicos, dessa forma, torna-se possível selecionar os marcadores que elucidam a fração da variância genética da característica de interesse do estudo e por fim, vincula-se a informação encontrada à seleção em programas de melhoramento (Almeida et al., 2016).

Portanto, a incorporação da seleção genômica permite o uso direto das informações do DNA do animal durante o processo de seleção fornecendo benefícios ao melhoramento genético animal resultando, assim, em maior ganho genético, baixo custo e elevada acurácia de seleção.

1.1.4 Modelos Multicaracterística

Com o intuito de se analisar diversas características de interesse econômico concomitantemente em um modelo animal utilizam-se as análises multicaracterísticas, as quais permitem estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos entre as características. Esse modelo é empregado abundantemente no melhoramento genético animal, além de considerar cada medida do animal como uma característica diferente e, concede dados sobre as associações lineares existentes (Boligon et al., 2009). Por fim, esse modelo permite a obtenção de correlações entre as características de interesse o que possibilita a seleção para características de baixa herdabilidade, mas com importância econômica, através da seleção indireta.

Esse modelo é uma alternativa para que as informações de uma determinada característica sejam abordadas na ponderação de outra característica, permitindo o aumento da acurácia. Essa elevação da acurácia é possível em circunstâncias em que a diferença entre correlações genéticas e residuais é extensa ou quando as características apresentam herdabilidades com valores muito distintos (Silva et al., 2008).

Os métodos de estimação de componentes de (co)variância necessitam que todas as informações existentes sejam analisadas simultaneamente visando reduzir o viés nos resultados (Pedrosa et al., 2014). Esse viés é ocasionado pela seleção sequencial e tende a ser diminuído com a incorporação de modelos multicaracterísticos (Sarmiento et al., 2006), o qual almeja obter elevada eficiência na resposta à seleção utilizando as informações existentes de maneira integral, afinal, considera a existência de valores ausentes (resultado da seleção sequencial), emprega as correlações factuais entre as características de interesse (Marques et al., 2001) e aborda tanto as correlações genéticas quanto as fenotípicas por meio das (co)variâncias genéticas e de ambiente entre as características (Silva et al., 2008).

Portanto, a importância na utilização de modelos multicaracterísticas consiste em avaliar dados oriundos de uma amostra não aleatória de animais, os quais são resultados de seleção sobre uma característica correlacionada (Silva et al., 2008).

1.1.5 Seleção Indireta

O uso de seleção a partir de características fortemente correlacionadas tem se tornado cada vez maior nos trabalhos de melhoramento genético animal, pois permitem a análise de características de interesse econômico, mas que possuem baixa herdabilidade, difícil mensuração, menor intensidade de seleção, ou ainda quando a obtenção da medida de interesse só pode ser realizada tardiamente (Barros et al., 2016).

As fontes de correlação genética são o desequilíbrio de ligação, ou seja, associação não aleatória entre dois loci (localização de um gene no cromossomo) e a pleiotropia, a qual consiste em um processo em que um mesmo gene pode afetar mais de uma característica (Pereira, 2008). Assim, a influência dos mesmos genes na expressão de mais de uma característica é medida pela correlação genética entre elas. Portanto, altos valores de correlações genéticas permitem inferir que a seleção para determinada característica resulta em ganho genético para a outra e, conseqüentemente, tenha aplicação prática aos programas de melhoramento resultando em maior ganho econômico e permitindo a realização da seleção para uma característica de difícil mensuração através de outra mais fácil de ser mensurada (Barros et al., 2016).

Por fim, no melhoramento genético a obtenção da correlação genética ilustra a diminuição no número de características a serem selecionadas, pois se há duas características economicamente importantes e que possuem correlação genética alta e positiva a seleção pode ser efetivada para apenas uma delas e o melhoramento ocorrerá em ambas (Pereira, 2008).

1.2 OBJETIVOS

Estimar componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características de longevidade e produção de leite e avaliar a acurácia de predição dos valores genéticos genômicos através de modelo animal multicaracterística e abordagem Melhor Preditor Genômico Linear Não Viesado de Único Estágio *Single-Step* Genômico (ssGBLUP), e por fim estimar o ganho genético e a tendência genética para a longevidade através da seleção direta e indireta.

CAPÍTULO 2 - Parâmetros genéticos e associação entre longevidade e produção de leite em búfalas utilizando o método ssGBLUP

RESUMO – A lucratividade da atividade bubalina é altamente dependente da produção de leite e está estritamente associada com a longevidade dos animais uma vez que a permanência das fêmeas contribui para o aumento da produção de leite. Uma correlação genética elevada entre a produção de leite e a longevidade resulta em maior ganho econômico, visto que as búfalas que produzirem maior quantidade de leite tenderão a permanecer por mais tempo no rebanho em produção. O cálculo das tendências genéticas, as quais são responsáveis por indicar o progresso nas características de importância econômica é necessário. No entanto, trabalhos nessa área ainda são escassos, principalmente, para búfalos. Portanto, este capítulo teve como objetivos: 1) estimar os parâmetros genéticos para as características de longevidade (LG) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) utilizando um modelo animal bicaracterístico e o método *single-step* GBLUP; e 2) estimar o ganho genético para a LG através da seleção direta e indireta da P305. Um total de 3.763 primeiras lactações de búfalas leiteiras da raça Murrah, coletadas entre 1987 a 2020 pertencentes a 6 rebanhos brasileiros (Ceará, Rio Grande do Norte e São Paulo) e 960 animais genotipados usando o 90K Axiom Buffalo Genotyping (Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA) foram utilizados para estimação dos parâmetros genéticos. No modelo animal, os efeitos aleatórios foram genéticos aditivo e residuais. A estimativa de herdabilidade para P305 foi de 0,25 e para LG foi de 0,13. O ganho genético para a LG foi de 0,13 sob seleção direta, e de 0,14 sob seleção indireta, o que resulta em eficiência relativa de seleção de 11% sob seleção para P305 em comparação com a seleção direta. A correlação genética entre as duas características foi de 0,77, indicando que animais com potencial genético para elevada P305 tendem a ser mais longevos. As tendências genéticas para P305 e LG foram 0,22 kg/ano e 5,20

dias/ano, respectivamente. Os valores do viés obtidos na análise são adequados, pois para características de baixa herdabilidade é necessário um número maior de animais genotipados para que a confiabilidade da validação aumente e o viés seja reduzido, enquanto que para características de alta herdabilidade o número de animais necessários é menor.

Palavras-chave: informação genômica; permanência no rebanho; ssGBLUP; viés.

ABSTRACT - The profitability of buffalo activity is highly dependent on milk production and is closely associated with the longevity of the animals since the permanence of females contributes to the increase in milk production. A high genetic correlation between milk production and longevity results in greater economic gain, as buffaloes that produce more milk will tend to stay longer in the producing herd. The calculation of genetic trends, which are responsible for indicating the animal's genetic progress and thus, speeding up breeding programs is necessary. However, works in this area are still scarce, mainly for buffaloes. Therefore, this chapter aimed to: 1) estimate the genetic parameters for the characteristics of longevity (LG) and accumulated milk production at 305 days (P305) using a two-trait animal model and the single-step GBLUP method; and 2) estimate the genetic gain for GL through direct and indirect selection of P305. A total of 3,763 first lactations of Murrah dairy buffaloes, collected between 1987 and 2020 belonging to 6 Brazilian herds (Ceará, Rio Grande do Norte and São Paulo) and 960 animals genotyped using the 90K Axiom Buffalo Genotyping (Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA) were used to estimate the genetic parameters. In the animal model, random effects were additive and residual genetic. The heritability estimate for P305 was 0.25 and for LG it was 0.13. The genetic gain for LG was 0.13 under direct selection, and 0.14 under indirect selection, which results in a relative selection efficiency of 11% under selection for P305 compared to direct selection. The genetic correlation between the two traits was 0.77, indicating that animals with genetic potential for high P305 tend to be longer-lived. The genetic trends for P305 and LG were 0.22 kg/year and 5.20 days/year, respectively, indicating a positive response and which reaffirms its relationship with the high genetic correlation between the two traits. The bias values obtained in the analysis are adequate, as for low heritability traits a larger number of

genotyped animals is needed so that the reliability of the validation increases and the bias is reduced, while for high heritability traits the number of animals needed is smaller.

Keywords: bias; genomic information; permanence in the herd; ssGBLUP.

2. INTRODUÇÃO

O rebanho brasileiro de búfalos ilustra um cenário em constante crescimento contando com animais de grande importância econômica e fornecendo excelentes fontes de alimento (Guzman et al., 2020). O leite de búfala apresenta alta rendimento industrial por suas qualidades físico-químicas é utilizado na produção de derivados lácteos, como mozzarella e iogurte, de elevada qualidade (Michelizzi et al., 2010; Liu et al., 2018) e com sabor e características únicas. O leite de búfalas é caracterizado por apresentar maiores teores de sólidos totais. Lima et al., (2016) reportaram 12,60% de sólidos totais na composição do leite de bovinos da raça Holandesa, enquanto Bernardes (2013) reportaram quantidade de sólidos totais variando de 15,4 a 17,4% no leite de bubalinos.

Os bubalinos possuem alta capacidade de adaptação a diversos ambientes (Marques et al., 2020), tornando sua criação em locais onde os bovinos não se desenvolveram satisfatoriamente como uma alternativa de produção, além disso eles apresentam características importantes como, elevada fertilidade e longevidade produtiva, o que possibilita a exploração desses animais tanto para corte quanto para leite, afinal possuem excelente rentabilidade em favor da sua adaptabilidade e rusticidade (Leite et al., 2020). A lucratividade da produção leiteira de bubalinos, bem como a geração de emprego e renda para a população tornaram essa atividade de suma importância (Matte Junior e Jung, 2017). O correto manejo dos búfalos aliado ao estágio de lactação e nutrição deles possibilita rendimento econômico satisfatório advindo da aquisição de produtos derivados do leite.

A longevidade pode ser mensurada de diversas formas, sendo uma delas a duração de vida total (permanência de fêmeas no rebanho). Ela é muito importante do ponto de vista econômico, pois está estritamente relacionada com a lucratividade (Stefani et al.,

2018), possibilitando a redução do gasto com a compra de novilhas de reposição, visto que animais mais longevos geram mais crias por um período maior de tempo, e apresentam maior produção leiteira. É sabido que os búfalos possuem uma vida produtiva mais longa que os bovinos (Gabr et al., 2015) podendo atingir até mais de 20 anos de idade (Marques et al., 2020). Contudo, a seleção para essa característica é limitada pela baixa herdabilidade, em que estimativas de 0,14 têm sido reportadas para bubalinos (Pander et al., 2002) e 0,09 em bovinos (Jenko et al., 2015), além do longo período necessário para obter a medida de longevidade. Dessa forma torna-se interessante estudar a longevidade a partir de características correlacionadas, de maior herdabilidade e de fácil mensuração, como a produção de leite, a qual exibe valores de herdabilidade variando de 0,22 a 0,31 (Aspilcueta-Borquis et. al., 2010; Barros et al., 2016, Guzman et al., 2020).

As estimativas de correlações genéticas encontradas em estudos associadas à permanência de fêmeas bovinas no rebanho e a produção de leite variaram entre 0,31 a 0,65 (Silva, 2012; Irano et al., 2014; Wasana et al., 2015), indicando uma correlação positiva, de moderada a alta magnitude, portanto, pode-se verificar uma associação entre produção de leite e longevidade, o que resulta em maior ganho econômico, pois os indivíduos que produzirem maior quantidade de leite tenderão a permanecer por um período de tempo maior nesse rebanho em produção. Os estudos que correlacionam geneticamente longevidade, ou seja, a duração de vida total dos animais e produção de leite em búfalos incorporando informações genômica são escassos no Brasil, quando comparado a bovinos de leite, (Mészáros et al., 2014; Gonçalves e Cervo, 2019).

A utilização de modelos multicaracterísticos em avaliações genéticas tem sido muito comum, uma vez que, quando comparados aos modelos unicaracterísticos apresentam a vantagem de analisar várias características ao mesmo tempo, tornando-se

viáveis na formação de índices de seleção e fatores de descarte (Pedrosa et al., 2014; Da Silva Vilela et al., 2020), além de fornecerem resultados mais acurados. Alguns estudos utilizando análises unicaracterísticas apresentaram baixo valor de herdabilidade para longevidade (0,06) (Baldi et al., 2008) para fêmeas bovinas da raça Canchim, contudo, Mello et al., (2006) utilizando análise bi-característica encontraram estimativa de herdabilidade superior para a mesma característica (0,22), em animais da mesma raça.

Com o desenvolvimento de novas tecnologias moleculares como o sequenciamento com montagem do genoma e a incorporação de marcadores moleculares para polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) (Jímenez, 2016) as avaliações genéticas para características de baixa herdabilidade, tal como a permanência de fêmeas no rebanho, podem ser mais acuradas. A incorporação de informações genômicas nas análises possibilita um resultado mais acurado e mais efetivo, assim, a seleção genômica ampla (GWS) preconizada por Meuwissen et al., (2001), salienta a predição coexistente dos efeitos genéticos de inúmeros marcadores do DNA espalhados no genoma de um organismo a fim de registrar os efeitos de todos os loci e, dessa forma, elucidar a variação genética da característica quantitativa. Por meio das informações fenotípicas e genotípicas de indivíduos relacionados a uma amostra de população de seleção é realizada a predição do valor genético, o que possibilita sua incorporação em programas de melhoramento visando acelerar o processo de ganho genético (Jímenez, 2016).

A utilização de abordagens de avaliação genômica são uma realidade frequente no melhoramento animal, pois possibilitam uma melhor acurácia de predição (VanRaden, 2008). O método Melhor Preditor Linear *Single-Step* Genômico (ssGBLUP) proposto por Legarra et al., (2009); Misztal et al., (2009) e Christensen and Lund, (2010) combinam pedigree e informações genômicas em uma única matriz (H) visando prever o valor

genômico dos indivíduos de um rebanho. Portanto, este estudo teve como objetivos: 1) estimar os parâmetros genéticos para as características de longevidade (LG) e produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) utilizando um modelo animal bicaracterístico e o método *single-step* GBLUP; e 2) estimar o ganho genético para a longevidade através da seleção direta e indireta da produção de leite.

2.1 MATERIAL E MÉTODOS

2.1.1 Dados Fenotípicos e Genotípicos

As informações utilizadas são pertencentes a base de dados mantida no Departamento de Zootecnia da FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP. No presente estudo foram utilizadas 4.057 primeiras lactações de búfalos leiteiros e 2.783 observações de longevidade, coletadas entre 1987 e 2020, pertencentes a seis rebanhos localizados em três estados brasileiros (Ceará, Rio Grande do Norte e São Paulo).

No conjunto de dados, foram considerados apenas animais com pai e mãe conhecidos e a idade dos animais ao primeiro parto foi limitada entre 22 e 60 meses de idade. As características analisadas foram produção de leite aos 305 dias (P305), definida como a quantidade total de leite produzido entre os dias 5 e 305 da lactação, e longevidade (LG), definida como o tempo total em que o animal permaneceu no rebanho. Para o cálculo da P305, foram consideradas somente lactações com no mínimo 90 dias de duração e que tiveram seu primeiro controle leiteiro antes de 70 dias após o parto, e ainda animais que possuíam no mínimo 3 controles na lactação. Os grupos contemporâneos (GC) foram definidos seguindo critérios já abordados por Aspilcueta-Borquis et al. (2010), Barros et al. (2016), Stefani et al. (2018) e Guzman et al. (2020) como: rebanho-ano-estação de parto para P305 e rebanho-ano-estação do nascimento para LG. Foram

consideradas duas estações do ano para ambas as características: estação seca (abril - setembro) e estação chuvosa (outubro - março). As limitações impostas nos GCs para P305 e LG, removeram observações maiores ou menores que três desvios-padrão em relação à média do grupo e foram mantidos GCs com no mínimo 4 animais. Após o controle de qualidade, as estatísticas descritivas do banco de dados são apresentadas na Tabela 1. O arquivo de pedigree incluiu 93.633 animais.

Tabela 1 - Estatísticas descritivas para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) e para longevidade (LG).

Item	P305 (kg)	LG (meses)
Número de animais	4.057	2.783
Média	2.000	93,14
Mínimo	154,70	34,56
Máximo	6095,20	248,10
Desvio-padrão	787,96	41,07
GC	192	202

GC = grupo de contemporâneos

2.1.2 Controle de Qualidade dos Genótipos

O controle de qualidade dos genótipos foi realizado através do software Plink v.1.9 (Chang et al., 2015). Um total de 978 animais foram genotipados pelo 90K (123.040 SNPs) Axiom ® Buffalo Genotyping (Affymetrix, Santa Clara, CA). Os seguintes critérios foram considerados no controle de qualidade: *call rate* mínima de 0,95; p-valor para Hardy-Weinberg Equilibrium $< 10^{-6}$ e a eliminação de SNP e amostras duplicados; e uma frequência alélica mínima (MAF) maior que 0,03. Somente amostras com *call rate* maior que 0,90 foram mantidas. Após a aplicação do controle de qualidade, foram deixados 45.690 marcadores autossômicos e 960 animais (212 machos e 748 fêmeas).

2.1.3 Análise Estatística

Os componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para as características P305 e LG foram estimados pelo método de Máxima Verossimilhança Restrita, através da metodologia ssGBLUP em análise bi-características sob modelo animal. Os efeitos genéticos aditivos e residuais foram incluídos como efeitos aleatórios no modelo, o GC foi incluído como efeito fixo para ambas as características e a idade da búfala ao parto foi incluída como covariável (quadrática para a P305). O modelo animal completo pode ser descrito na forma matricial como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{g} + \mathbf{e}$$

onde \mathbf{y} é o vetor de observações, \mathbf{X} é a matriz de incidência associando os efeitos fixos (GC, idade da búfala ao parto) ao vetor \mathbf{b} de parâmetros, \mathbf{Z} é a matriz de incidência associando o efeito genético aditivo ao vetor \mathbf{g} , e \mathbf{e} é o vetor de resíduos. É assumido que $E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\mathbf{b}$; Os efeitos aleatórios genético aditivo e residual são normalmente distribuídos com média zero e $\text{Var}(\mathbf{g}) = \mathbf{H} \otimes \mathbf{S}_g$; $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I} \otimes \mathbf{S}_e$; em que \mathbf{S}_g é a matriz de covariância genética aditiva, \mathbf{S}_e é a matriz de covariância residual e \mathbf{I} é a matriz identidade.

Na abordagem ssGBLUP a matriz de parentesco \mathbf{A}^{-1} é substituída pela matriz de parentesco híbrida \mathbf{H}^{-1} (Aguilar et al., 2010) como segue:

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

onde: \mathbf{A} é a matriz de parentesco genético aditivo; \mathbf{A}_{22} é a seção de \mathbf{A} relacionada aos animais genotipados; \mathbf{G} é a matriz de parentesco genômico, como descrito por VanRaden (2008), através do qual:

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{Z}\mathbf{Z}'}{2 \sum_{j=1}^m P_j (1 - p)}$$

sendo que,

$$\mathbf{Z} = (\mathbf{M} - \mathbf{P}) / [2 \sum_{j=i}^n p_j(1 - p_j)]^{1/2}$$

onde \mathbf{M} é a matriz de SNP contendo os n genótipos de cada animal; \mathbf{P} é a matriz de frequência do segundo alelo p no locus j .

A análise foi realizada usando o software AIREMLF90 (Misztal et al., 2015). Os valores dos desvios padrão (DP) para as covariâncias e herdabilidades estimadas foram dados pelo programa AIREMLF90. O DP foi calculado através de uma função de covariâncias por amostragem repetida de estimativas de parâmetros a partir de sua distribuição normal multivariada assintótica (Meyer et. al, 2013).

2.1.4 Acurácia e Viés

A acurácia da validação foi calculada através do coeficiente de correlação de Pearson entre valores genéticos genômicos preditos (GEBVs), com base no conjunto de dados reduzido (de todos os animais genotipados foram selecionados os 150 animais mais jovens que nasceram a partir de 02/04/2010) e dos valores genéticos preditos (EBVs), com base no conjunto de dados completo, considerando apenas animais na população de validação contendo 150 animais mais jovens. Para avaliar o viés de predição genômico (GEBVs em relação aos EBVs), os coeficientes de regressão (b_1) foram estimados usando uma regressão linear dos EBVs com base nos GEBVs, considerando apenas os animais da população de validação. Para comparar a acurácia da predição e o viés dos GEBVs com os da média de valores genéticos dos pais (PA) da avaliação genética tradicional, os mesmos passos acima foram considerados para PA e EBVs, em que:

$$\mathbf{y}_c = \mathbf{1b}_0 + \mathbf{b}_1\hat{\mathbf{a}}_r + \mathbf{e},$$

onde, \mathbf{y}_c refere-se ao EBV dos animais em validação, \mathbf{b}_0 e \mathbf{b}_1 referem-se ao intercepto e coeficiente da regressão, $\hat{\mathbf{a}}_r$ refere-se ao GEBV/PA dos animais, \mathbf{e} refere-se ao resíduo.

O b_1 foi utilizado como um indicador de viés na predição genômica e avaliação tradicional.

2.1.5 Ganho Genético e Resposta Correlacionada

O ganho genético e a resposta correlacionada esperada foram calculados para as características estudadas, considerando a mesma intensidade de seleção (igual à unidade).

As fórmulas usadas podem ser representadas como segue:

$$\Delta G_{LG} = i_{LG} \cdot \sigma_{p_{LG}} \cdot h^2_{LG}$$

$$RC_{LG-P305} = r_{a_{LG-P305}} \cdot h_{LG} \cdot h_{P305} \cdot i_{P305} \cdot \sigma_{p_{LG}}$$

$$ER_{LG-P305} = \left(\frac{RC_{LG-P305}}{\Delta G_{LG}} \right) \times 100$$

em que: ΔG é o ganho genético previsto baseado na seleção direta para a característica LG; i é a intensidade de seleção; σ_p é o desvio padrão fenotípico da característica sob seleção; h^2 é a herdabilidade da característica sob seleção; $RC_{LG-P305}$ é a resposta correlacionada obtida para a característica LG, mediante seleção direta em P305; r_{a12} é a correlação genética entre as características P305 e LG; h_{P305} e h_{LG} são as raízes quadradas da herdabilidade (h^2) das características P305 e LG, respectivamente; $\sigma_{p_{P305}}$ é o desvio padrão fenotípico de P305; $ER_{LG-P305}$ refere-se a eficiência relativa da seleção indireta para LG em relação à resposta direta para LG.

Além disso, as estimativas das tendências genéticas foram obtidas pela regressão linear simples das médias dos EBVs e GEBVs sobre o ano de nascimento.

2.2 RESULTADOS E DISCUSSÃO

2.2.1 Estatística Descritiva dos Registros de P305 e LG

As estatísticas descritivas para as características LG e P305 estão descritas na Tabela 1. A média observada para a P305 foi 2.000 Kg, valor superior aos reportados na literatura para rebanhos de búfalos Murrah brasileiros variando de 1.496 a 1.896 Kg (Tonhati et al., 2000; Seno et al., 2010; Marques et al., 2020). Entretanto, Borghese (2013) relatou em búfalos Mediterrâneo italianos valor médio ligeiramente superior (2.200 Kg) ao encontrado neste estudo, as variações nos resultados provavelmente se devem à diferentes condições ambientais e de constituição genética dos rebanhos. Já, para LG, a média encontrada foi de 93,14 meses, também superior aos valores médios reportados por Kamaldeep et al. (2015) (39,36 meses) em búfalos Murrah na Índia e Peeva e Ilieva (2007) (86,64 meses) em búfalos Murrah na Bulgária. Assim, podemos observar que, existe variabilidade nas estimativas de LG reportadas na literatura. Sendo importante mencionar que LG é uma característica que pode envolver diversos parâmetros influenciadores da expectativa de vida de um animal, como a produção de leite, sanidade, eficiência reprodutiva, caracteres de tipo, sistema de produção, decisão do gestor quanto ao abate, entre outros. Portanto, muitas vezes torna-se difícil realizar comparações entre estudos de LG em razão dos diferentes métodos de mensuração e termos aplicados à essa característica (Galeazzi et al., 2010; Schuster et al., 2020; Dallago et al., 2021).

2.2.2 Estimativas de Componentes de Variâncias e Parâmetros Genéticos

As estimativas de herdabilidades, componentes de variância e correlações genéticas obtidas para P305 e LG estão descritas na Tabela 2. A estimativa de herdabilidade para P305 foi de 0,25. Breda et al. (2010) e Aspilcueta-Borquis et al. (2012), por meio de modelos de regressão aleatória sem a inclusão de dados genômicos reportaram valores de herdabilidade variando de 0,16 a 0,31, os quais foram próximos aos valores obtidos nesse estudo. Por outro lado, estudos que utilizaram dados de

informações genômica para P305 em rebanhos Murrah brasileiros (Camargo et al., 2015, Guzman et al., 2020), P270 em búfalos Mediterrâneos (Liu et al., 2018) , produção no dia do controle em búfalos Egípcios (Abdel-Shafy et al., 2020) e em rebanhos Murrah brasileiros em diferentes lactações (Lázaro et al., 2021), os quais relataram estimativas de herdabilidades variando de 0,20 a 0,35, que foram iguais ou ligeiramente superiores as reportadas no presente estudo. As estimativas de herdabilidade obtidas para P305 neste estudo é indicativo de que há moderada ação genética aditiva na característica, sendo possível alcançar ganhos genéticos ao utilizá-la como critério de seleção.

Para a característica de LG, a herdabilidade foi de baixa magnitude (0,13), resultado ligeiramente superior ao reportado por Tamboli et al. (2021), com estimativas de 0,06 para búfalos Nili-Ravi. Considerando a LG em número de dias, Kamaldeep et al. (2015) obtiveram em rebanhos bubalinos Murrah estimativas de 0,20. Galeazzi et al. (2010) avaliando a habilidade de permanência no rebanho (*stayability*) entre um e seis anos reportaram valores de 0,11 a 0,23 em búfalos Murrah brasileiros. Estimativas similares têm sido obtidas em bovinos, como Val Pelt et al. (2015) avaliando LG até os 72 meses que reportaram herdabilidades variando entre 0,11 e 0,15. E Forabosco et al. (2009) que consideraram diversos países europeus reportando então, herdabilidades que variaram de 0,05 a 0,18. A baixa estimativa de herdabilidade de LG indica que a variação da característica se deve em maior porção a influência ambiental ou efeitos genéticos não aditivos que de genética aditiva direta, portanto a seleção direta resultaria em uma resposta lenta na melhoria da característica. Com isso, a avaliação de características correlacionadas positivamente com LG e que possuam maior herdabilidade, podem representar uma alternativa para seleção indireta da mesma.

A correlação genética obtida entre LG e P305 foi de 0,77, sendo positiva e de alta magnitude. Estudos reportando correlação genética entre P305 e LG em bubalinos são escassos. Contudo, correlações genéticas positivas variando de 0,04 a 0,35 foram descritas entre a vida produtiva desde a data do primeiro parto até o descarte e a P305 em vacas holandesas coreanas (Wasana et al., 2015). Silva et al. (2016), estimaram correlação genética positiva (0,61) entre permanência no rebanho aos 60 meses de idade e a P305 em rebanho de bovinos da raça Gir leiteiro, os autores concluíram que a seleção para a P305 poderia ser usada para melhorar a capacidade dos animais de permanecerem no rebanho. Já Stefani et al. (2018), obtiveram correlação genética negativa (-0,25) entre LG (permanência no rebanho aos 60 meses de idade) e P305 em bovinos da raça Holandesa. Em geral, as correlações genéticas negativas mencionadas na literatura foram atribuídas à intensa seleção para produtividade das vacas leiteiras, no qual animais de alta performance podem apresentar maiores chances de transtornos metabólicos e condição corporal reduzida, o que faz com que haja o descarte involuntário desses animais, influenciando, portanto, negativamente em sua LG (Lucy, 2001; Valsalan et al., 2014; Vries e Marcondes, 2020; Schuster et al., 2020). Dessa forma, Sasaki et al. (2017) sugeriram que a correlação genética pode variar nos diferentes estágios da lactação, sendo correlações negativas associadas ao início da lactação quando as vacas de alta produção podem apresentar balanço energético negativo. Portanto, podemos inferir que a alta e positiva correlação genética obtida no presente estudo pode ser devido à baixa intensidade de seleção dos búfalos para produção de leite no passado, diferentemente dos bovinos. Assim, a seleção para P305 pode trazer resposta correlacionada positiva para LG, além de ser mensurada mais cedo na vida do animal. Deve-se também levar em consideração

avaliar constantemente a correlação genética e a tendência genética e fenotípica para monitoramento do progresso genético ao longo do tempo.

Tabela 2 – Estimativas de herdabilidade (h^2), variâncias genética aditiva (σ_a^2), residual (σ_e^2), fenotípica (σ_p^2) para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) e longevidade (LG) para búfalos Murrah.

Parâmetro	P305	LG
h^2	0,25 ± 0,0	0,13 ± 0,0
σ_a^2	90519 ± 13788	141 ± 38
σ_e^2	267910 ± 11264	931 ± 39,25
σ_p^2	358429 ± 25052	10728

2.2.3 Acurácia, Coeficiente de Regressão e Validação

Os valores de acurácia e coeficiente de regressão estão descritos na Tabela 3 para LG e P305. As acurácias foram similares entre as abordagens baseada em estimativas incluindo apenas informações baseadas no pedigree e, incluindo também informações genômicas. Para LG os valores de acurácia e coeficiente de regressão foram respectivamente, 0,49 e 0,52 e para P305 0,46 e 0,47 (Tabela 3), contudo os valores da acurácia e coeficiente de regressão referente às informações baseadas na média dos pais (PA) foram 0,55 e 0,43 para LG e 0,41 e 0,22 para P305, ou seja, foram mais viesadas, portanto, apresentaram coeficientes de regressão menores. Conforme Oliveira et al., (2019) a quantidade de animais necessários para fornecer um aumento adicional na acurácia de predição necessita ser maior em características de baixa herdabilidade (LG) do que para características de maior herdabilidade (P305). Em geral, os coeficientes da regressão para GEBV e PA, utilizados como um indicativo de viés foram inferiores a 1.0, indicando que as predições são infladas, ou seja, não correspondem exatamente à realidade genética desses animais e que as diferenças preditas no mérito genético são

tendenciosas para cima em comparação com o desempenho futuro observado (Oliveira et al., 2019). No entanto, é importante mencionar, que as abordagens baseadas nas informações genômicas foram menos viesadas que as abordagens baseadas em pedigree para ambas as características.

Tabela 3 - Estimativa de acurácia entre os valores genéticos (EBVs) e genético genômicos (GEBVs), e entre EBVs e a média parental (PAs) através do coeficiente de correlação de Pearson. Coeficiente de Regressão (b_1) para GEBVs com EBVs e para EBVs e PA (b_{PA}) para produção de leite acumulada aos 305 dias (P305) e longevidade (LG) em búfalos Murrah.

	P305	LG
$r_{(EBV,GEBV)}$	0,46	0,49
$r_{(EBV, PA)}$	0,41	0,55
b_{GEBV}	0,47	0,52
b_{PA}	0,22	0,43

$r_{(EBV,GEBV)}$ = entre os valores genéticos (EBVs) e valores genético genômicos (GEBVs);

$r_{(EBV, PA)}$ = entre os valores genéticos (EBVs) e a média parental (PA)

2.2.4 Ganho Genético e Tendência Genética

O ganho genético para LG foi de 0,13 meses através da seleção direta, contudo, por meio da resposta correlacionada através da seleção direta para P305, ou seja, seleção indireta, obtivemos uma estimativa de 0,14 meses, o que resulta em uma eficiência relativa de seleção de 11% mais alta sob seleção para P305. Esses resultados ainda demonstraram que a seleção indireta para P305 pode ser mais eficiente que a seleção direta para LG, principalmente devido à baixa estimativa de herdabilidade observada para LG, à alta estimativa de herdabilidade da P305 e a correlação genética de alta magnitude entre LG e P305.

As tendências genéticas estimadas através regressão dos valores genéticos sobre o ano de nascimento dos animais foram significativas ($P < 0,05$) e iguais a 0,22 kg/ano ($y = 0,22x - 3,117$) e 5,20 dias/ano ($y = 5,228x - 59,575$) para P305 e LG, respectivamente, ambas foram positivas. Esses resultados podem ser reflexo da alta correlação genética positiva (0,77) entre as características P305 e LG. Além disso, nossos resultados estão em concordância com o que foi reportado por Bashir et al., (2007) em seus trabalhos com búfalos Nili-Ravi (produção de leite a longo da vida = 15 kg / ano e vida produtiva = 4 dias / ano). A Figura 1 ilustra que a tendência genética permaneceu muitos anos próxima de zero (1969 a 1972) e passou a ser ascendente após os anos 2000, o que pode ser explicado pelo acúmulo de informações coletadas na base de dados mantida no Departamento de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (FCAV), UNESP, que permitiu a seleção dos animais em função do valor genético para P305. Além disso, a seleção para aumentar a P305 gerou uma resposta correlacionada na LG, devido as altas correlações genéticas observadas.

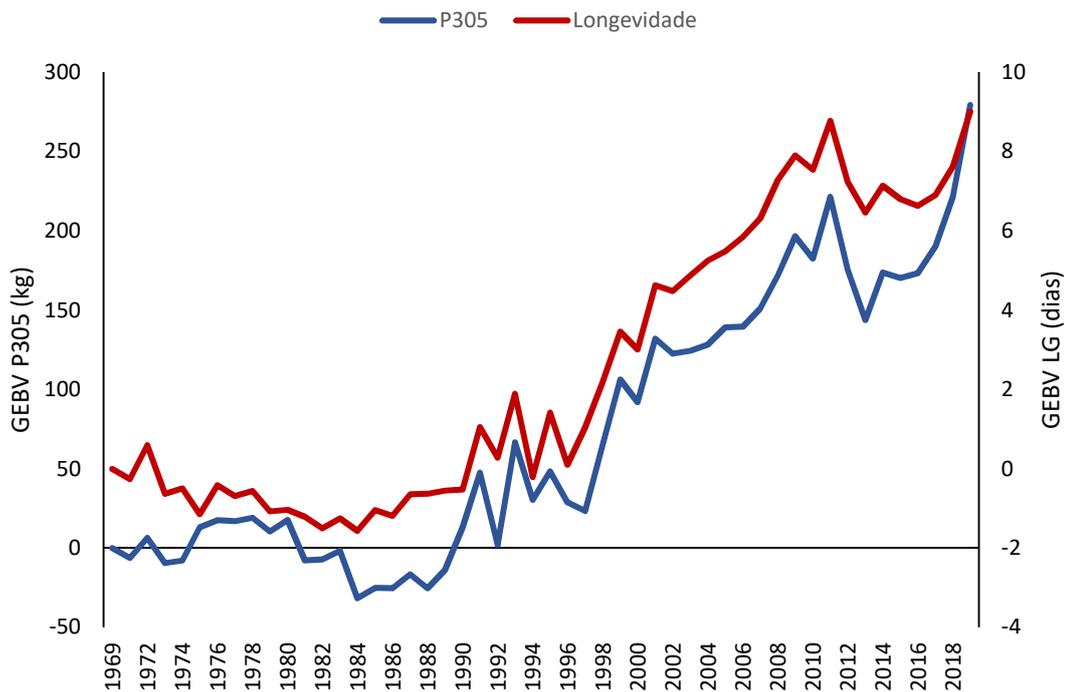


Figura 1 - Tendência genética (regressão linear) para P305 e LG.

2.3 CONCLUSÃO

A estimativa de herdabilidade obtida para P305 foi de moderada magnitude, indicando que P305 pode ser considerada como critério de seleção nos programas de melhoramento, enquanto que LG possui grande influência ambiental não sendo uma boa estratégia para seleção direta. A correlação genética obtida entre P305 e LG foi alta e positiva, sugerindo que os melhores animais para P305 são os também os melhores animais para LG. Assim, selecionar a LG por meio da P305 tende a viabilizar ganhos genéticos superiores para LG, além de que a P305 pode ser mensurada mais cedo na vida dos animais. As tendências genéticas para ambas as características foram positivas e significativas podendo ser explicada pela alta correlação genética entre P305 e LG. Concomitantemente, a inclusão de informações genômicas auxiliaram para a obtenção de

valores genéticos mais acurados e conseqüentemente elevaram a confiabilidade para as características produção de leite e longevidade em estudo em búfalos leiteiros.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABDEL-SHAFY, H. et al. A single-step genomic evaluation for milk production in Egyptian buffalo. **Livestock Science**, v. 234, n. 103977, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.103977>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141319308704>. Acesso em: 12 mai. 2021.

AGUILAR, I. et al. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 743-752, 2010. DOI: 10.3168/jds.2009-2730. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210715174>. Acesso em: 18 jan. 2021.

AGUILAR, I.; et al. Genetic trends of milk yield under heat stress for US Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 4, p. 1754–1758, 2010. DOI: doi.org/10.3168/jds.2009-2756. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210001517>. Acesso em: 20 jan. 2021.

ALMEIDA, Í. F.; et al. Validação e correção de fenótipos na seleção genômica ampla. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 12, p. 1973-1982, 2016. DOI: doi.org/10.1590/s0100-204x2016001200008. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2016001201973&script=sci_arttext&lng=pt. Acesso em: 19 jan. 2021.

ALVÅSEN K, et al. Farm characteristics related to on-farm cow mortality in dairy herds: a questionnaire study. *Animal*. 2014. <https://doi.org/10.1017/S1751731114001633>.

ALVÅSEN, K., et al. Farm characteristics and management routines related to cow longevity: a survey among Swedish dairy farmers. *Acta Vet Scand* **60**, 38 (2018). DOI: doi.org/10.1186/s13028-018-0390-8. Disponível em: <https://actavetscand.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13028-018-0390-8>. Acesso em: 20 jan. 2021.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R. et al. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 5, p. 2195-2201, 2010. DOI: doi.org/10.3168/jds.2009-2621. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030210002109>. Acesso em: 18 jan. 2021.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R. et al. Genetic parameters for test-day yield of milk, fat and protein in buffaloes estimated by random regression models. **J. Dairy Res.** v. 79, n. 3, p. 272-279, 2012. DOI: [doi:10.1017/S0022029912000143](https://doi.org/10.1017/S0022029912000143). Disponível em:

<https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-dairy-research/article/abs/genetic-parameters-for-testday-yield-of-milk-fat-and-protein-in-buffaloes-estimated-by-random-regression-models/84FA03BA50565FD7DA510EC39294F0A4>. Acesso em: 12 mai. 2021.

BALDI, F., et al. Parâmetros genéticos para características de tamanho e condição corporal, eficiência reprodutiva e longevidade em fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 2, p. 247-253, 2008. DOI: doi.org/10.1590/S1516-35982008000200010. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35982008000200010&script=sci_abstract&lng=es. Acesso em: 16 jan. 2021.

BARENDSE, W.; et al. Validated whole-genome association study of efficient food conversion in cattle. **Genetics**, v.176, p.1893-1905, 2007. DOI: doi.org/10.1534/genetics.107.072637. Disponível em: <https://academic.oup.com/genetics/article/176/3/1893/6062241?login=true>. Acesso em: 18 jan. 2021.

BARROS, C.D.C. et al. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. **Revista Caatinga**, v. 29, n. 1, p. 216-221, 2016. DOI: dx.doi.org/10.1590/1983-21252016v29n125rc. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1983-21252016000100216&script=sci_arttext. Acesso em: 21 jan. 2021.

BASHIR, M. K. et al. Lifetime performance of Nili-Ravi buffaloes in Pakistan. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v. 20, n. 5, p. 661-668, 2007. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.2007.661>. Disponível em: <https://www.animbiosci.org/journal/view.php?doi=10.5713/ajas.2007.661>. Acesso em 5 dez. 2020.

BERNARDES, O. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 31, n. 3, p. 293-298, 2007. Disponível em: <http://www.cbra.org.br/pages/publicacoes/rbra/download/293.pdf>. Acesso em: 5 dez. 2020.

BERNARDES, O. **Produção de Búfalas Leiteiras**. In: IV SIMPÓSIO NACIONAL DE BOVINOCULTURA LEITEIRA (SIMLEITE), IV, Visçosa. **Anais [...]**. 2013, p. 279-316. Disponível em: <http://www.ingai.agr.br/artigos/Produ%C3%A7%C3%A3o%20B%C3%BAfalas%20Leiteiras.pdf>. Acesso em: 5 dez. 2020.

BIFFI, A. et al. Genetic variation and neuroimaging measures in Alzheimer disease. **Archives of Neurology**, v. 67, n. 6, p. 677-685, 2010. DOI: [doi:10.1001/archneurol.2010.108](https://doi.org/10.1001/archneurol.2010.108). Disponível em: <https://jamanetwork.com/journals/jamaneurology/article-abstract/800419>. Acesso em: 22 jan. 2021.

BOLIGON, A. A. et al. Estimativas de herdabilidade de peso adulto e de valor genético de regressão múltipla e de regressão aleatória em gado Nelore. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, n. 1, p. 145-148, 2009. DOI: doi.org/10.1590/S1516-

35982009001200005. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35982009001200005escript=sci_arttext. Acesso em: 02 fev. 2021.

BORGHESE, A. Buffalo livestock and products in Europe. *Scientific Bulletin of Escorena*, v. 7, p. 47-73, 2013. Disponível em: <https://www.uav.ro/jour/index.php/sbe/issue/view/14>. Acesso em: 18 mai. 2021.

BREDA, F. C. et al. Estimation of genetic parameters for milk yield in Murrah buffaloes by Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 2, p. 784-791, 2010. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2230>. Disponível em: [https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(10\)71521-6/fulltext](https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(10)71521-6/fulltext). Acesso em: 11 mai. 2021.

CAETANO, A. R.. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 64-71, 2009. DOI: doi.org/10.1590/S1516-35982009001300008. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/BqbLHy97yzbwCkD8JbmyqYF/abstract/?lang=pt>. Acesso em: 19 mar. 2021.

CAVALI, J.; PEREIRA, R. G. de A. Produção leiteira de búfalos. *In: EMBRAPA RONDÔNIA-CAPÍTULO EM LIVRO TÉCNICO (INFOTECA-E). Pecuária Leiteira na Amazônia / Ana Karina Dias Salman, Luiz Francisco Machado Pfeifer, editores técnicos*. Brasília, DF: Embrapa, 2020. p. 391-399.

CHAMBERLAIN, T. Understanding the economics of dairy farming Part 1: Income, costs and profit. **UK Vet Livestock**, v. 17, n. 5, p. 30-33, 2012. DOI: doi.org/10.1111/j.2044-3870.2012.00137.x. Disponível em: <https://www.magonlineibrary.com/doi/abs/10.1111/j.2044-3870.2012.00137.x>. Acesso em: 19 jan. 2021.

CHANG C. C, et. al. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets, **GigaScience**, Volume 4, Issue 1, December 2015, s13742-015-0047-8. DOI: doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8. Disponível em: <https://academic.oup.com/gigascience/article/4/1/s13742-015-0047-8/2707533?login=true>. Acesso em 18 dez. 2020.

CHRISTENSEN, O. F.; LUND, M. S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genetics Selection Evolution**, v. 42, n. 1, p. 1-8, 2010. DOI: doi.org/10.1186/1297-9686-42-2. Disponível em: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/1297-9686-42-2>. Acesso em: 07 dez. 2020.

DALLAGO, G. M.; et al. Keeping Dairy Cows for Longer: A Critical Literature Review on Dairy Cow Longevity in High Milk-Producing Countries. **Animals: an open access journal from MDPI**, v. 11, n. 3, p. 808, 2013. DOI: [10.3390/ani11030808](https://doi.org/10.3390/ani11030808). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7999272/>. Acesso em: 13 mai. 2021.

DA SILVA VILELA, R. N. et al. Genetic correlations and trends for traits of economic importance in dairy buffalo. **Animal Production Science**, v. 60, n. 4, p. 492-496, 2020. DOI: doi.org/10.1071/AN19051. Disponível em: <https://www.publish.csiro.au/AN/AN19051>. Acesso em: 19 jan. 2021.

DALIRI, Z. et al. Genetic relationships among longevity, milk production and linear type traits in Iranian Holstein Cattle. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v. 7, n. 4, p. 512-515, 2008.

ESSL, A.; VOITH, K. Genomic imprinting effects on dairy-and fitness-related traits in cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 119, n. 3, p. 182-189, 2002. DOI: doi.org/10.1046/j.1439-0388.2002.00334.x. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1046/j.1439-0388.2002.00334.x?casa_token=RwihDPH1bzAAAAAA%3AI5PO8zFCWouMdBtqK51JzLpHnCX29x7w9gBVVeGdJJe_7ILuSF0etjq_bzB7rqZZu_2U9_juCOK4vPgC. Acesso em: 19 jan. 2021.

ETTEMA, J. F. et al. Economic opportunities for using sexed semen and semen of beef bulls in dairy herds. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 5, p. 4161-4171, 2017. DOI: doi.org/10.3168/jds.2016-11333. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217301583>. Acesso em: 18 jan. 2021.

FAO.ORG. Leite e produtos lácteos; c2016. Disponível em: <http://www.fao.org/agriculture/dairy-gateway/milk-and-milk-products/en/>. Acesso em: 19 de janeiro de 2021.

FORABOSCO, F.; et al. International genetic evaluation for direct longevity in dairy bulls. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 5, p. 2338-2347, 2009. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1214>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030209705491>. Acesso em: 13 mai. 2021.

GABR, A. A. et al. Effect of first lactation performance on subsequent lactations productivity of Egyptian buffaloes. **Asian Journal of Animal Veterinary Advances**, v. 10, n. 3, p. 141-146, 2015. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Amr-Gabr-4/publication/276083267_Effect_of_First_Lactation_Performance_on_Subsequent_Lactations_Productivity_of_Egyptian_Buffaloes/links/59c50cd8a6fdccc71914c6c7/Effect-of-First-Lactation-Performance-on-Subsequent-Lactations-Productivity-of-Egyptian-Buffaloes.pdf. Acesso em: 6 fev. 2021.

GALEAZZI, P. M. et al. Genetic parameters for stayability in Murrah buffaloes. **Journal of dairy research**, v. 77, n. 2, p. 252-256, 2010. DOI: [10.1017/S0022029910000075](https://doi.org/10.1017/S0022029910000075) Disponível em: <http://hdl.handle.net/11449/14119>. Acesso em: 28 mar. 2021.

GONÇALVES, T. S.; CERVO, H. J.. **Seleção genômica de vacas leiteiras**. In: 4º SALÃO DE PESQUISA, EXTENSÃO E ENSINO DO IFRS. 2019. Disponível em:

https://www.eventos.ifrs.edu.br/index.php/Salao_IFRS/4salao/paper/view/8080. Acesso em: 18 jan. 2021.

GUZMAN, J. L. G. et al. Genome-wide association study applied to type traits related to milk yield in water buffaloes (*Bubalus bubalis*). **Journal of dairy science**, v. 103, n. 2, p. 1642-1650, 2020. DOI: doi.org/10.3168/jds.2019-16499. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030219310203>. Acesso em: 12 jan. 2021.

IRANO, N. et al. Genetic association between milk yield, stayability, and mastitis in Holstein cows under tropical conditions. **Tropical animal health and production**, v. 46, n. 3, p. 529-535, 2014. DOI: doi.org/10.1007/s11250-013-0524-y. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-013-0524-y>. Acesso em: 6 fev. 2021.

JENKO, J.; et al. Genetic relationship between the lifetime milk production, longevity and first lactation milk yield in Slovenian Brown cattle breed. **Mljekarstvo: časopis za unaprjeđenje proizvodnje i prerade mlijeka**, v. 65, n. 2, p. 111-120, 2015. DOI: doi.org/10.15567/mljekarstvo.2015.0205. Disponível em: https://hrcak.srce.hr/index.php?show=clanakeid_clanak_jezik=203036. Acesso em: 21 jan. 2021.

JIMENEZ, E. E. A. **Associação e seleção genômica de características produtivas e reprodutivas em bubalinos**. 2016. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016.

KAMALDEEP, Y. A. S.; et al. Phenotypic and genetic evaluation of Murrah buffaloes using phase and stayability life attributes. **Haryana Vet.**, v. 54, n.1, p. 33-35, 2015. Disponível em: <https://www.luvax.edu.in/haryana-veterinarian/download/harvet2015/9.pdf>. Acesso em: 27 abr. 2021.

C. KHEDKAR, et al. **Buffalo milk**.

B. Caballero, P.M. Finglas, F. Toldrá (Eds.), *Encyclopedia of Food and Health*, Academic Press, New York, NY (2016), pp. 522-528. DOI: doi.org/10.1016/B978-0-12-384947-2.00093-3. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780123849472000933>. Acesso em: 18 mar. 2021.

KNAPP, JOANNE R, et al. Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 6, p. 3231-3261, 2014. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030214002896>. Acesso em: 19 jan. 2021.

LAGROTTA, M. R. et al. Relationship between morphological traits and milk yield in Gir breed cows. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 4, p. 423-429, 2010. DOI: doi.org/10.1590/S0100-204X2010000400011. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0100-204X2010000400011&script=sci_arttext. Acesso em: 19 jan. 2021.

LÁZARO, S. F. et al. Genomic studies of milk-related traits in water buffalo (*Bubalus bubalis*) based on single-step genomic best linear unbiased prediction and random regression models, **Journal of Dairy Science**, v. 104, n. 5, p. 5768-5793, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19534>. Disponível em: [https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(21\)00252-6/fulltext](https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(21)00252-6/fulltext). Acesso em: 19 mar. 2021.

LEITE, A. S. et al. Ocorrência de anticorpos anti-BVDV e BoHV-1 em búfalos (*Bubalus bubalis*) no estado do Rio Grande do Norte, Brasil. **Medicina Veterinária (UFRPE)**, v. 14, n. 4, p. 287-291, 2020. DOI: doi.org/10.26605/medvet-v14n4-3914. Disponível em: <http://www.ead.codai.ufrpe.br/index.php/medicinaveterinaria/article/view/3914>. Acesso em: 14 fev. 2021.

LEGARRA, A.; et al. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4656–4663, 2009. DOI: doi.org/10.3168/jds.2009-2061. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030209707933>. Acesso em: 21 jan. 2021.

LIMA, B.L. et al. Contagem celular somática nos grandes constituintes do leite. **PUBVET**, v. 10, p. 580-635, 2016. Disponível em: <http://www.pubvet.com.br/artigo/2937/contagem-celular-somaacutetica-nos-grandes-constituientes-do-leite>. Acesso em: 18 jan. 2021.

LIU, J. J. et al. Genome-wide association studies to identify quantitative trait loci affecting milk production traits in water buffalo. **Journal of Dairy Science**, v. 101, n. 1, p. 433-444, 2018. DOI: doi.org/10.3168/jds.2017-13246. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217310020>. Acesso em: 18 jan. 2021.

LUCY, M. C. Reproductive Loss in High-Producing Dairy Cattle: Where Will It End? **Journal of Dairy Science**, v. 84, n. 6, p. 1277-1293, 2001. Disponível em: [https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(01\)70158-0/pdf](https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(01)70158-0/pdf). Acesso em: 16 mai. 2021.

MARQUES, L. F. A. et al. Análises uni e bicaráter em características de crescimento da raça Simental. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, v. 8, n. 2, 2001. DOI: <http://dx.doi.org/10.4322/rbcv.2015.216>. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Luiz-Marques-3/publication/276303306_Analises_uni_e_bicarater_em_caracteristicas_de_crescimento_da_raca_Simental/links/55e85fd508aeb65162630730/Analises-uni-e-bicarater-em-caracteristicas-de-crescimento-da-raca-Simental.pdf. Acesso em: 30 mar. 2021.

MARQUES, L. C. et al. Productive characteristics in dairy buffalo (*Bubalus bubalis*) in the Eastern Amazon. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 72, n. 3, pág. 947-954, 2020. DOI: doi.org/10.1590/1678-4162-11288. Disponível em:

https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-09352020000300947escript=sci_abstractetlng=pt. Acesso em: 14 fev. 2021.

MATTE JÚNIOR, A. A.; JUNG, C. F. Produção leiteira no Brasil e características da bovinocultura leiteira no Rio Grande do Sul. **Ágora**, v. 19, n. 1, p. 34-47, 2017. DOI: [dx.doi.org/10.17058/agora.v19i1.8446](https://doi.org/10.17058/agora.v19i1.8446). Disponível em: <https://online.unisc.br/seer/index.php/agora/article/view/8446>. Acesso em: 19 jan. 2021.

MELLO, S.P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento e produtividade em vacas da raça Canchim, utilizando-se inferência bayesiana. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n. 1, p. 92-97, 2006. DOI: [dx.doi.org/10.1590/S1516-35982006000100011](https://doi.org/10.1590/S1516-35982006000100011). Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1516-35982006000100011escript=sci_arttextetlng=pt. Acesso em: 18 jan. 2021.

MÉSZÁROS, G. et al. A genome wide association study for longevity in cattle. **Open Journal of Genetics**, v. 2014, 2014. DOI: 10.4236/ojgen.2014.41007. Disponível em: https://www.scirp.org/html/7-1370122_43470.htm. Acesso em: 22 jan. 2021.

MEUWISSEN, et al. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v. 157, n. 4, p. 1819-1829, 2001. DOI: doi.org/10.1093/genetics/157.4.1819. Disponível em: <https://academic.oup.com/genetics/article/157/4/1819/6048353?login=true>. Acesso em: 19 jan. 2021.

MEYER, K. et al. Sampling based approximation of confidence intervals for functions of genetic covariance matrices. In: **Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.** 2013. p. 523-526. Disponível em: <https://www.bio.fsu.edu/dhoule/Publications/Meyer@Houle13SampleAI.pdf>. Acesso em: 20 jan. 2021.

MICHELIZZI, V. N. et al. Water buffalo genome science comes of age. **International journal of biological sciences**, v. 6, n. 4, p. 333, 2010. DOI: [dx.doi.org/10.7150%2Fijbs.6.333](https://doi.org/10.7150%2Fijbs.6.333). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2892297/>. Acesso em: 18 jan. 2021.

MISZTAL, I.; et al. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4648-4655, 2009. DOI: doi.org/10.3168/jds.2009-2064. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030209707921>. Acesso em: 19 jan. 2021.

MISZTAL, I., et al. 2015. Manual for BLUPF90 family of programs 125. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Shogo-Tsuruta/publication/331844146_Manual_for_BLUPF90_family_of_programs/links/5cc78510299b12097894d6c/Manual-for-BLUPF90-family-of-programs.pdf. Acesso em: 16 jun. 2020.

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, p. 2365-2377, 2019. DOI: doi.org/10.3168/jds.2018-15466. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030219300451>. Acesso em: 6 mar. 2021.

PANDER, B. L. et al. Genetic Improvement of lifetime performance and longevity of Indian Buffaloes. In: **World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. 2002. Disponível em: <http://wcgalp.org/system/files/proceedings/2002/genetic-improvement-lifetime-performance-and-longevity-indian-buffaloes.pdf>. Acesso em: 6 fev. 2021.

PEDROSA, V. B. et al. Utilization of single-trait and multi-trait models applied to genetic parameter estimation in Nellore Cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 66, n. 6, p. 1802-1812, 2014. DOI: doi.org/10.1590/1678-6170. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttextepid=S0102-09352014000601802. Acesso em: 18 jan. 2021.

PEEVA, T.; ILIEVA, Y. Longevity of buffalo cows and reasons for their culling. **Italian Journal of Animal Science**, v. 6, p. 378-380, 2007. DOI: doi.org/10.4081/ijas.2007.s2.378. Disponível em <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.4081/ijas.2007.s2.378>. Acesso em: 15 jun. 2021.

PEREIRA, J. C. C.. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientes. In: _____ (org.). **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008, p. 95-116.

PRITCHARD, T., et al. Understanding the genetics of survival in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, V. 96, Issue 5, 2013, p.3296-3309, ISSN 0022-0302. DOI: doi.org/10.3168/jds.2012-6219. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203021300177X>. Acesso em: 18 dez. 2020.

ROCHA, G. M. F. et al. Genetic association between stayability, and productive and reproductive traits in Holstein cows. **Animal Production Science**, v. 58, n. 10, p. 1788-1793, 2018. DOI: doi.org/10.1071/AN16563. Disponível em: <https://www.publish.csiro.au/an/an16563>. Acesso em: 18 dez. 2020.

SAMORÉ, A. B. et al. Genetic parameters for functional longevity, type traits, somatic cell scores, milk flow and production in the Italian Brown Swiss. **Italian Journal of Animal Science**, v. 9, n. 2, p. e28, 2010. DOI: 10.4081 / ijas.2010.e28. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.4081/ijas.2010.e28>. Acesso em: 8 jan. 2021.

SANTIAGO, A. A. **Introdução dos Búfalos no Brasil**. Associação Brasileira dos Criadores de Búfalos. 13p., 2000. Disponível em: https://www.bufalo.com.br/home/wp-content/uploads/2016/01/historico_bufalos.pdf. Acesso em: 12 jan. 2021.

SARMENTO, J. L. R. et al. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 58, n. 4, p. 581-589, 2006. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352006000400021>. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-09352006000400021&script=sci_arttext&lng=pt. Acesso em: 30 mar. 2021.

SASAKI, O. et al. Genetic correlations between the cumulative pseudo-survival rate, milk yield, and somatic cell score during lactation in Holstein cattle in Japan using a random regression model. **Journal of Dairy Science**, v. 100, p. 7282-7294, 2017. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2016-12311>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030217306537>. Acesso em: 16 mai. 2021.

SCHMIDT, P. I. et al. Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. **Theriogenology**, v. 108, p. 81-87, 2018. DOI: doi.org/10.1016/j.theriogenology.2017.11.035. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0093691X17305769>. Acesso em: 12 jan. 2021.

SCHUSTER, J. C., et al. Invited review: Academic and applied approach to evaluating longevity in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 12, p. 11008-11024, 2020. DOI: doi.org/10.3168/jds.2020-19043. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030220308560>. Acesso em: 24 jan. 2021.

SENO, L. O., et al. Genetic parameters for milk yield, age at first calving and interval between first and second calving in milk Murrah buffaloes. **Livestock Research for Rural Development**, v. 22, 2010. Disponível em: <http://www.lrrd.org/lrrd22/2/seno22038.htm>. Acesso em: 15 mai. 2021.

SILVA, M. de A. E. **Modelos lineares aplicados ao melhoramento genético animal / Martinho de Almeida e Silva**. Edição. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008, p. 375: il. ISBN 978-85-87144-31-7.

SILVA, R. M. O., et al. Estimates of genetic parameters for stayability and their associations with traits of economic interest in Gir dairy cows. **Genet. Mol. Res.**, v. 15, p. 2-8, 2016. DOI: [10.4238/gmr.15016958](https://doi.org/10.4238/gmr.15016958). Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/sites/default/files/articles/year2016/vol15-1/pdf/gmr6958.pdf>. Acesso em: 17 mai. 2021.

STEFANI, G. et al. Association of longevity with type traits, milk yield and udder health in Holstein cows. **Livestock Science**, v. 218, p. 1-7, 2018. DOI: doi.org/10.1016/j.livsci.2018.10.007. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1871141318305353>. Acesso em: 12 fev. 2021.

TAMBOLI, P. et al. Genetic parameters for first lactation and lifetime traits of Nili-Ravi buffaloes. **Frontiers in Veterinary Science**, v. 8, p. 1-9, 2021. DOI:

<https://doi.org/10.3389/fvets.2021.557468>. Disponível em:
<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fvets.2021.557468/full>. Acesso em: 10 jun. 2021.

TONHATI, H.; et al. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 117, p. 331-336, 2000. DOI: doi.org/10.1046/j.1439-0388.2000.00249.x. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/pdf/10.1046/j.1439-0388.2000.00249.x>. Acesso em: 18 mai. 2021.

TSURUTA, S.; et al. Changing definition of productive life in US Holsteins: Effect on genetic correlations. **Journal of Dairy Science**, v. 88, n. 3, p. 1156-1165, 2005. DOI: [doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72782-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72782-X). Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S002203020572782X>. Acesso em: 6 jan. 2021.

VALSALAN, J.; et al. Enhancing milk and fertility performances using selection index developed for Indian Murrah buffaloes. **Trop. Anim. Health Prod.**, v. 46, p. 967-974, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0596-3>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-014-0596-3>. Acesso em: 15 mai. 2021.

VAN PELT, M. L. et al. Genetic analysis of longevity in Dutch dairy cattle using random regression. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 6, p. 4117-4130, 2015. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9090>. Disponível em: [https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302\(15\)00254-4/fulltext](https://www.journalofdairyscience.org/article/S0022-0302(15)00254-4/fulltext). Acesso em: 13 mai. 2021.

VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008. DOI: doi.org/10.3168/jds.2007-0980. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030208709901>. Acesso em: 15 dez. 2020.

VOLLEMA, A.R.; GROEN, F.A. Genetic correlations between longevity and conformation traits in an upgrading dairy cattle population. **Journal of Dairy Science**, v. 8, n. 11, p. 3006-3014, 1997. DOI: [doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(97\)76267-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(97)76267-2). Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030297762672>. Acesso em: 15 dez. 2020.

VRIES, A.; MARCONDES, M. I. Review: Overview of factors affecting productive lifespan of dairy cows. **Animal**, v. 14, p. 155-164, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1017/S1751731119003264>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731119003264?via%3Dihub>. Acesso em: 17 mai. 2021.

WASANA, N. et al. Genetic relationship of productive life, production and type traits of Korean Holsteins at early lactations. **Asian-Austral Asian Journal of Animal Sciences**, v. 28, n. 9, p. 1259, 2015. DOI: 10.5713/ajas.15.0034. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4554865/>. Acesso em: 6 jan. 2021.

WEIGEL, K. A.; et al. Investigation of factors affecting voluntary and involuntary culling in expanding dairy herds in Wisconsin using survival analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 4, p. 1482-1486, 2003. DOI: doi.org/10.3168/jds.S0022. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030299752458>. Acesso em: 19 jan. 2021.

ZENGER, K. R. et al. Genome-wide genetic diversity of Holstein Friesian cattle reveals new insights into Australian and global population variability, including impact of selection. **Animal Genetics**, v. 38, n. 1, p. 7-14, 2007. DOI: doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01543.x. Disponível em: https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1365-2052.2006.01543.x?casa_token=Vypr3wLrWyMAAAA%3AWXnmtDnHLDyrXeo1xKKJIoN3E1ncGYDu0LpXa5nWvngwGEIOc0Yh8gzRJUzLuL2Zs5oV5zt70CSGd9Tb. Acesso em: 14 dez. 2020.