

57

patv

A.A.

SELEÇÃO GENÔMICA EM BOVINOS LEITEIROS

Marcos Vinicius G. Barbosa da Silva¹; Marta Fonseca Martins¹; Wagner Antonio Arbex²

¹ - Pesquisador da Empresa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, 610, Dom Bosco, CEP 36038-330, Juiz de Fora, MG, Brasil, marcosv@cnpqgl.embrapa.br, mmartins@cnpqgl.embrapa.br

² - Analista da Empresa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento, 610, Dom Bosco, CEP 36038-330, Juiz de Fora, MG, Brasil, arbex@cnpqgl.embrapa.br

INTRODUÇÃO

A seleção de fenótipos desejáveis tem sido praticada em bovinos desde sua domesticação ocorrida entre 7.500 e 10.000 anos atrás (SONSTEGARD e VAN TASSELL, 2004). Até o início do século passado, entretanto, tal seleção era feita apenas com base na avaliação visual. A partir da década de 1930, começaram a ser estabelecidos os métodos científicos, estatísticos e computacionais para avaliação genética de animais domésticos. Dessa forma, o melhoramento genético tradicional, baseado na teoria da genética quantitativa, tem assegurado ganho genético contínuo na maioria das características de interesse econômico. Assim, a maior parte do progresso genético obtido foi decorrente da seleção baseada no fenótipo do animal ou na estimativa do valor genético aditivo derivado do fenótipo. Essa seleção é realizada sem o conhecimento do número e do efeito dos genes que estavam atuando nas características de interesse (DEKKERS, 2004).

Programas que visem à identificação de reprodutores com desempenho positivo em produção de leite e em outras características de importância econômica normalmente são fundamentados no teste de progênie. Esse teste é a prova zootécnica mais segura para identificar os valores genéticos preditos de touros e promover o melhoramento genético em rebanhos leiteiros. De acordo com Verneque et al. (2002), os resultados obtidos no Brasil com o Programa de Melhoramento Genético da Raça Gir indicaram ganho genético da ordem de 1% ao ano na produção de leite. Todavia, aumentar essa taxa de ganho por meio dos procedimentos da seleção tradicional é extremamente difícil, em razão da precisão de seleção e do intervalo de gerações. Para tanto, nas duas últimas décadas, as pesquisas em melhoramento genético têm sido direcionadas também de modo a incorporar ao processo de seleção as informações de marcadores moleculares que estejam associados à substancial variação genética de algumas

SP5506
P. 173



características. O valor dessas pesquisas está relacionado ao uso potencial da seleção assistida por marcadores (SAM). A SAM visa à redução do intervalo de gerações e à diminuição do custo dos testes de progênie por meio da maior confiabilidade na seleção dos animais, pois possibilita a separação dos indivíduos com as combinações alélicas mais adequadas aos objetivos de seleção (SONSTEGARD e VAN TASSELL, 2004). A inclusão de marcadores moleculares ao processo de seleção pode duplicar os ganhos genéticos e diminuir em até 92% os custos de testes de progênie tradicionais (SCHAEFFER, 2006).

Até recentemente, o número de marcadores de DNA identificados no genoma de bovinos era limitado e o custo de genotipagem era alto, o que restringia os experimentos delineados para o mapeamento de genes associados às características de importância econômica. No entanto, a partir do final de 2007 e por meio do uso das informações do projeto genoma bovino, foi lançada comercialmente uma ferramenta que possibilita a genotipagem de mais de 50.000 locos de marcadores para cada animal a custo relativamente baixo. Essa ferramenta, denominada *Bovine SNP50K Chip* (VAN TASSELL et al., 2007), tornou possível o desenvolvimento de estudos relativos à seleção genômica.

CONCEITO DE SELEÇÃO GENÔMICA

Conceitualmente, a seleção genômica pode ser definida como a seleção simultânea para dezenas (ou centenas) de milhares marcadores cobrindo de modo denso todo o genoma, de tal forma que todos os genes estejam muito próximos a pelo menos alguns desses marcadores (Meuwissen et al., 2001).

A implementação da seleção genômica pode ser, conceitualmente, dividida em duas etapas: a primeira é relativa à estimação dos efeitos dos segmentos cromossômicos na população e a segunda é a predição dos valores genéticos genômicos dos animais que não fazem parte da população, tais como indivíduos candidatos à seleção. A principal dificuldade na primeira etapa é que grande número de marcadores existentes nos segmentos cromossômicos deve ser estimado, muito provavelmente em conjunto de dados no qual o número de informações fenotípicas é menor do que o número de efeitos dos segmentos cromossômicos a serem estimados. Hayes (2007) afirmou



que a seleção genômica tem a propriedade desejável de estimar simultaneamente os efeitos de todos os segmentos cromossômicos.

RESULTADOS DE AVALIAÇÕES GENÔMICAS EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO

A acurácia de valores genômicos, relatada em análises realizadas em alguns países, é impressionante. Nos EUA, VanRaden et al. (2009) mostraram que a média da confiabilidade dos valores genômicos de diversas características de bovinos da raça Holandesa foi de 50%, comparada ao valor de 27% obtido por meio das médias dos pais.

No Canadá, Schenkel et al. (2009) verificaram aumentos na confiabilidade de valores genômicos de várias características em relação à média dos pais, especialmente quando informações do MACE (*multiple-trait across-country evaluation*) foram incluídas nas análises.

Na Holanda, De Roos et al. (2009) relataram aumentos de 31%, 22% e 17% na média de confiabilidade de características de produção, de tipo e funcionais, respectivamente, em relação à confiabilidade obtida por meio da média dos pais. Esses autores verificaram ainda que os valores de confiabilidade foram, em média, 4% superiores aos relatados por VanRaden et al. (2009).

A confiabilidade dos valores genômicos de características de fertilidade da raça Holandesa, na Austrália, relatados por Hayes et al. (2009), foram substancialmente menores do que aqueles de outras características, provavelmente em razão da menor herdabilidade. Em características de produção, as médias de confiabilidade foram substancialmente maiores do que a média dos pais.

Na Nova Zelândia, Harris et al. (2008) encontraram uma confiabilidade entre 50% e 67% em características de produção, de fertilidade, de escore de células somáticas e de longevidade, bem superiores às obtidas por meio das médias dos pais (34%).

Na Irlanda, Berry et al. (2009) encontraram diferenças entre as médias de confiabilidade obtidos por meio da média dos pais e por análises genômicas entre 0 (em características ligadas à locomoção) e 18% (em características de fertilidade). Segundo esses autores, os valores baixos podem ter sido reflexo do pequeno número de animais genotipados.



Na Dinamarca e na Suécia, Lund e Su (2009) relataram média de confiabilidade igual a 51%, valor considerado moderado.

CONCLUSÕES

A seleção genômica poderá ser a tecnologia mais impactante para o aumento das taxas de ganho genético na indústria bovina no mundo nos últimos 20 anos. Consideráveis desafios ainda precisam ser vencidos para sua total implementação, incluindo a adaptação das avaliações genéticas nacionais de modo a acomodar a informação genômica, o controle da endogamia e a melhoria dos recursos metodológicos e computacionais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BERRY, D. P.; KEARNEY, F.; HARRIS, B. L. Genomic selection in Ireland. In: INTERBULL GENOMIC SELECTION WORKSHOP, 2009, Uppsala, Sweden., **Proceedings...** INTERBULL, 2009. [CD-ROM]
- DEKKERS, J. C. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. **Journal of Animal Science**, v. 82, p. E313-E328, 2004.
- DE ROOS, A. P. W.; SCHROOTEN, C.; MULLAART, E.; VAN DER BEEK, S.; DE JONG, G.; VOSKAMP, W. Genomic selection at CRV. In: INTERBULL GENOMIC SELECTION WORKSHOP, 2009, Uppsala, Sweden. **Proceedings...** INTERBULL, 2009. [CD-ROM]
- HAYES, B. **QTL Mapping, MAS, and genomic selection**. Ames, IO: Iowa State University, 2007. 116 p. Disponível em: <<http://www.ans.iastate.edu/section/abg/shortcourse/notes.pdf>>. Acesso em: 10 jun 2009.
- HAYES, B. J.; BOWMAN, P. J.; CHAMBERLAIN, A. J.; GODDARD, M. E. Invited review: genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 2, p. 433-443, 2009.
- HARRIS, B. L.; JOHNSON, D. L.; SPELMAN, R. J. Genomic selection in New Zealand and the implications for national genetic evaluation. In: INTERNATIONAL CONGRESS OF ANIMAL REPRODUCTION, 36., 2008, Niagara Falls, NY. **Proceedings...** Niagara Falls, NY: ICAR, 2008. p. 35.
- LUND, M. S.; SU, G. Genomic selection in Nordic countries. In: INTERBULL GENOMIC SELECTION WORKSHOP, 2009, Uppsala, Sweden. **Proceedings...** INTERBULL, 2009. [CD-ROM]
- MEUWISSEN, T. H. E.; GODDARD, M. E. Prediction of identity by descent probabilities from marker-haplotypes. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, n. 6, p. 605-634, 2001.
- SCHAEFFER, L. R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 123, n. 4, p. 218-223, 2006.
- SCHENKEL, F. S.; SARGOLZAEI, M.; KISTEMAKER, G.; JANSEN, G. B.; SULLIVAN, P.; VAN DOORMAAL, B. J.; VANRADEN, P. M.; WIGGANS, G. R. Reliability of genomic evaluation of Holstein cattle in Canada. In: INTERBULL GENOMIC SELECTION WORKSHOP, 2009, Uppsala, Sweden. **Proceedings...** INTERBULL, 2009. [CD-ROM]
- SONSTEGARD, T. S.; VAN TASSELL, C. P. Bovine genomics update: making a cow jump over the moon. **Genetical Research**, v. 84, n. 1, p. 3-9, 2004.
- VAN TASSELL, C. P.; MATUKUMALLI, L.; TAYLOR, C.; SMITH, T.; SONSTEGARD, T.; SCHANABEL, R.; SILVA, M. V. G. B.; WIGGANS, G.; LIU, G.; MOORE, S.; TAYLOR, J. **Construction and application of a bovine high-density SNP assay**. San Antonio, USA: American Dairy Science and Society of Animal Science, 2007. 1 CD-ROM.
- VANRADEN, P. M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008.
- VANRADEN, P. M.; VAN TASSELL, C. P.; WIGGANS, G. R.; SONSTEGARD, T. S.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F.; SCHENKEL, F. Invited review: reliability of genomic predictions for North America. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 1, p. 16-24, 2009.
- VERNEQUE, R. S.; TEODORO, R. L.; MARTINEZ, M. L.; LEDIC, I. L.; PAULA, L. R. O. Programa nacional de melhoramento do Gir leiteiro. In: CURSO DE JULGAMENTO, 2002, Uberaba. **Anais...** Uberaba: ABCGIL, 2002. p. 51-60.

III SIMLEITE

III Simpósio Nacional de Bovinocultura Leiteira
3rd National Symposium of Dairy Cattle

I Simpósio Internacional de Bovinocultura Leiteira
1st International Symposium of Dairy Cattle



03 a 05 de Novembro 2011
November 3rd to 5th of 2011
Universidade Federal de Viçosa - MG

