



Seleção genômica para predição do mérito genético para características reprodutivas na raça Girolando

Larissa Bordin Temp¹, Luciana Almeida da Silva Olivera¹, João Cláudio do Carmo Panetto², Marco Antônio Machado², Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva², Pamela Itajara Otto^{1*}

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, RS, Brasil

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária- Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil

*Autor correspondência: pamela.otto@ufsm.br

Resumo: Objetivou-se com este estudo realizar análise de validação genômica para as características de idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) na raça Girolando. As análises foram conduzidas com dados fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG). As avaliações genéticas e genômicas foram realizadas por meio de um modelo animal unicaracterística. A herdabilidade foi estimada em 0,12 e 0,03 para IPP e IDP, respectivamente. Menores valores genéticos médios para IPP foram encontrados no grupo de vacas com genótipo e fenótipo, enquanto para IDP, foram observados no grupo de todas as vacas. Maiores valores de confiabilidade foram encontrados nas análises genômicas, onde o grupo de vaca jovens apresentou aumento de 0,20 para IPP e 0,12 para IDP. O quartil 1 apresentou as menores médias de GEBV e fenótipo corrigido para ambas as características, enquanto o quartil 4 apresentou as maiores médias. Comparando-se os GEBV, houve diferença de 78,35 e 159,28 dias entre os quartis extremos, enquanto essa diferença foi de 16,93 e 145,09 dias para o fenótipo corrigido para IPP e IDP, respectivamente. Os resultados mostraram que as predições genômicas foram mais precisas para animais jovens que as avaliações genéticas tradicionais e permitiram a identificação e seleção dos melhores animais, sugerindo que esta metodologia pode ser uma eficiente ferramenta para melhorar geneticamente características reprodutivas em bovinos da raça Girolando.

Palavras-chave: bovinos de leite, características reprodutivas, genômica, girolando

Abstract: The aim with this study was to perform a genomic validation analysis for the age at first calving (AFC) and calving interval (CI) traits in a Girolando breed population. The analyzes were performed with data from the National Girolando Breeding Program (PMGG). Traditional and genomic genetic evaluations were performed using an animal single-trait model. Heritability was estimated at 0.29 for AFC and 0.03 for CI. The lowest genetic values for IPP were found in the group of cows with genotype and phenotype, while for IDP, they were observed in the group composed by all cows. Higher reliability values were found in genomic analyses, where the group composed by younger cows showed an increase of 0.20 for AFC and 0.12 for CI trait. Quartile 1 presented the lowest means of GEBV and corrected phenotype for both evaluated traits, while quartile 4 showed the highest means. Comparing the predicted GEBV, a difference of 78.35 and 159.28 days between the extreme quartiles were found, while this difference were 16.93 and 145.09 days for the phenotype corrected for AFC and IDP trait, respectively. The results indicate that genomic predictions were more accurate for younger animals than traditional genetic evaluations and allowed the identification and selection of the best animals, suggesting that this methodology can be an efficient tool to genetically improve reproductive traits in Girolando cattle.

Keywords: dairy cattle, genomics, Girolando, reproductive traits.

Introdução

A eficiência econômica em rebanhos leiteiros da raça Girolando pode ser verificada por meio dos índices das características de produção e reprodução, como, por exemplo, o intervalo de partos e a idade ao primeiro parto. Entretanto, geralmente, as características reprodutivas em bovinos apresentam baixas estimativas de herdabilidade, sugerindo que estas sejam influenciadas fortemente por fatores ambientais. Todavia, considerando que tais características são fundamentais para a manutenção e seleção do rebanho, e que os ganhos genéticos obtidos por meio do melhoramento serão permanentes, pode-se justificar o investimento na seleção de animais geneticamente superiores por meio da genômica.

A seleção genômica se refere às decisões de seleção com base em valores genéticos genômicos (GEBV) obtidos por meio da estimativa dos efeitos do SNP nas características de interesse econômico. Nos programas de melhoramento genético, esta abordagem permite aos criadores identificar animais geneticamente superiores de forma mais precoce, aumentando a acurácia de predição do mérito genético e proporcionando maior progresso genético no rebanho. Este estudo foi desenvolvido com o objetivo de realizar análises de validação genômica para as características de IPP e IDP em uma população de bovinos da raça Girolando.



Material e Métodos

Um total de 106.116 registros de idade ao primeiro parto (IPP) e 106.340 registros de intervalo de partos (IDP) de 62.352 vacas da raça Girolando, cedidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG) foram utilizados neste estudo. O pedigree continha informações de 222.507 animais, sendo 9.957 touros com progênes e 83.984 vacas com progênes. Foram genotipados 16.457 animais usando chips de SNP de diferentes densidades, onde os genótipos gerados a partir dos chips de menor densidade foram imputados para o painel HD v.2 usando o software FImpute (Sargolzaei et al., 2014). Após o controle de qualidade, onde foram eliminados marcadores com *call rate* < 0,98, menor frequência de um dos alelos (MAF) < 0,02 e frequência alélica esperada para o equilíbrio de Hardy-Weinberg igual a 0,15, o banco de dados de genótipos totalizou 16.457 animais genotipados para 404.620 marcadores. As avaliações tradicionais e genômicas foram realizadas utilizando os programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2018), com o seguinte modelo unicaracterístico geral:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2p + Z_3h + e$$

em que y é o vetor de observações para IDP e IPP; β , a , p , h e e são os vetores de efeitos fixos, efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos, efeito de ambiente permanente, grupo contemporâneo e residual, respectivamente; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z_1 , Z_2 e Z_3 são as matrizes de efeitos aleatórios genético aditivo, ambiente permanente e grupo contemporâneos, respectivamente. Assume-se que $a \sim N(0; H\sigma_a^2)$, $p \sim N(0; I\sigma_p^2)$, $h \sim N(0; I\sigma_h^2)$ e $e \sim N(0; I\sigma_e^2)$ com matriz de relacionamento H e matriz de identidade I , e variâncias genéticas aditivas direta σ_a^2 , de ambiente permanente σ_p^2 e de grupo contemporâneo σ_h^2 , e variância genética residual σ_e^2 . O modelo animal para IDP incluiu heterozigiosidade, idade da mãe com seus efeitos linear e quadrático, e grupo de contemporâneos (rebanho e ano de nascimento) como efeitos fixos, além dos efeitos de animal, de ambiente permanente e residual como aleatórios. O modelo animal para IPP incluiu heterozigiosidade, composição racial e ano-estação de parto como fixos, e genético aditivo direto, grupo contemporâneo (rebanho, ano e estação de parto) e resíduo como efeitos aleatórios. A confiabilidade dos valores genéticos (R_{GEBV}^2) foi estimada para cada indivíduo da população da seguinte forma: $R_{GEBV}^2 = 1 - (PEV/\sigma_a^2)$, em que PEV é a variância do erro de predição.

Para a análise de validação, 1.600 vacas com informações de fenótipo e genótipo foram selecionadas aleatoriamente. Avaliações genômicas foram conduzidas utilizando-se os bancos de dados reduzidos, onde as informações das vacas de validação e de suas filhas foram eliminadas. Para validar a predição genômica, os valores médios dos GEBV e fenótipo corrigidos para os efeitos fixos foram estimados e agrupados por quartis (0–25%, 26–50%, 51–75% e 76–100%) para cada uma das características.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade (h^2) para IPP e IDP foram, respectivamente, de 0,12 e 0,03. McManus et al. (2008) obtiveram estimativas de h^2 de 0,24 para IPP e 0,18 para IDP, ao avaliarem uma população de bovinos da raça Holandesa. Devido sua baixa h^2 , estas características são altamente influenciadas por efeitos ambientais, respondendo menos à seleção tradicional. Com o uso da genômica, pode-se incrementar o ganho genético usando, precocemente, touros com alto mérito genético para estas características.

Para comparar os valores genéticos e de confiabilidade encontrados nas avaliações tradicionais e genômicas, as vacas foram agrupadas em quatro grupos: 1) Todas as vacas da população; 2) Vacas com genótipo e fenótipo; 3) Vacas somente com genótipo (jovens); e 4) Vacas somente com fenótipo. Os (G)EBV e confiabilidades médios foram calculados para cada grupo e estão apresentados na Tabela 1. Os valores médios de GEBV e EBV para IDP variaram de 3,74 a 7,34 e 3,70 a 6,56 dias, e para IPP variaram de -21,88 a -44,78 e -20,09 a -36,95 dias, respectivamente.

Tabela 1. Valores genéticos e genômicos ((G)EBV) e de confiabilidade (R_{GEBV}^2) médios para a idade ao primeiro parto (IPP) e idade entre partos (IDP) para uma população de bovinos da raça Girolando.

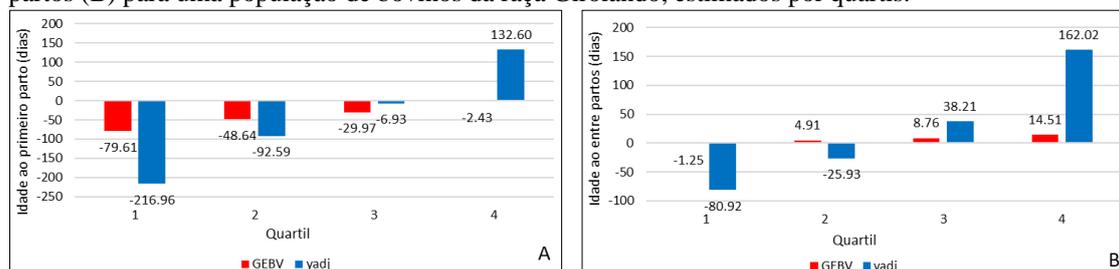
Característica	Nº animais	GEBV	GR ²	EBV	R ²
<i>Todas as vacas</i>					
IPP	211.504	-21,88	0,24	-20,09	0,23
IDP	211.504	3,74	0,12	3,70	0,11
<i>Vacas com genótipo e fenótipo</i>					
IPP	5.627	-44,78	0,49	-36,95	0,38
IDP	4.651	7,18	0,25	5,26	0,19
<i>Vacas só com genótipo</i>					
IPP	8.141	-37,25	0,41	-21,96	0,21
IDP	9.117	7,36	0,25	6,56	0,13
<i>Vacas só com fenótipo</i>					
IPP	100.487	-30,21	0,34	-28,96	0,33
IDP	57.701	3,79	0,15	3,82	0,15



A maior diferença entre os valores genéticos foi encontrada para IPP, ao comparar o EBV (-21,96 dias) com GEBV (-37,25 dias) no grupo de vacas com genótipo, representando uma diminuição de 15,29 dias. O grupo de vacas com genótipo e fenótipo apresentou as menores previsões para IPP em ambas as análises, enquanto para IDP, as menores previsões foram observadas no grupo de todas as vacas. Em geral, maiores valores de confiabilidade foram encontrados nas análises utilizando-se o modelo genômico, onde o grupo de vaca jovens, somente com genótipo, apresentou maior variação em comparação com as análises tradicionais, com um aumento de 0,20 para IPP e 0,12 para IDP. Estes resultados comprovam as vantagens das análises genômicas, principalmente para animais jovens, que apresentam baixa confiabilidade em análises tradicionais, contribuindo assim, para a melhoria do progresso genético da população (Hayes et al., 2009).

Os resultados das análises de validação das vacas estão apresentados na Figura 1. O quartil 1 apresentou as menores médias de GEBV para ambas as características (-79,61 e -1,25 dias para IPP e IDP, respectivamente), enquanto o quartil 4, constituído pelos piores animais para cada característica, apresentou as maiores médias (-2,43 e 14,51, respectivamente). Pode-se observar que a classificação dos valores médios dos fenótipos corrigidos para ambas as características seguiu o mesmo padrão que do GEBV, onde o grupo com menores valores de GEBV médios também apresentou a menor média para os fenótipos corrigidos, assim como o grupo que apresentou as maiores médias. Quando comparamos os GEBV, houve uma diferença de 78,35 e 159,28 dias entre os quartis extremos, enquanto essa diferença foi de 16,93 e 145,09 dias para o fenótipo corrigido para IPP e IDP, respectivamente. A predição genômica de vacas jovens e o fenótipo corrigido mostram diferenças no desempenho dos animais quando são agrupados por quartis, possibilitando a separação dos grupos de animais jovens de forma eficiente e permitindo a distinção e seleção do grupo de animais que apresentou as melhores médias para ambas as características.

Figura 1. Valores genômicos ((G)EBV) e fenótipo corrigido (yadj) médios para a idade ao primeiro parto (A) e idade entre partos (B) para uma população de bovinos da raça Girolando, estimados por quartis.



Conclusões

Os resultados mostraram que as previsões genômicas foram mais precisas para animais jovens que as avaliações genéticas tradicionais, sugerindo que esta metodologia pode ser uma eficiente ferramenta para melhorar geneticamente características reprodutivas em bovinos da raça Girolando. A utilização do modelo genômico foi eficaz na separação de animais jovens quando os GEBV e fenótipos corrigidos são agrupados por quartis, permitindo a identificação e seleção dos melhores animais do ponto de vista reprodutivo.

Agradecimentos

Ao Centro de Ciências Rurais da UFSM pelo apoio financeiro com a bolsa FIPE júnior, à FAPEMIG e ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal (INCT-CA) pelo suporte financeiro e técnico e Associação Brasileira de Criadores de Girolando pelo fornecimento dos dados necessários à realização deste estudo.

Literatura citada

- Hayes, B. J., P. J. Bowman, A. J. Chamberlain, and M. E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433–443.
- Mcmanus, C.; Louvandini, H.; Falcão, R. A.; Garcia, J. A. S.; Saueressig, M. G. Parâmetros reprodutivos para gado holandês em confinamento total no centro-oeste do Brasil. *Ciência Animal Brasileira*, v. 9, n. 2, p. 272–283, 2008.
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, Z. Vitezica. 2018. **Manual for BLUPF90 family programs**. University of Georgia.
- Sargolzaei, M., J. P. Chesnais, and F. S. Schenkel. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC Genomics* 15:478.
- Wiggans G. R., Cole J. B., Hubbard S. M., Sonstegard, T. S. 2017. Genomic Selection in Dairy Cattle: The USDA Experience. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 5:13.1–13.19