



Impacto da inclusão de informações genômicas na avaliação genética para produção de leite na raça Girolando

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

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

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

*Autor correspondente: pamela.otto@ufsm.br

Resumo: A produção de leite (PL) é a característica de maior valor econômico para a pecuária leiteira brasileira. Objetivou-se com este estudo desenvolver um estudo de validação para PL na raça Girolando. As análises foram conduzidas com dados fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG), totalizando 236.738 registros de produção de leite em até 305 dias. As avaliações genéticas tradicional e genômica foram realizadas por meio de um modelo animal unicaracterística. A estimativa de herdabilidade foi igual a 0,29. Vacas somente com informações de genótipos apresentaram valores superiores para GEBV (713,56 kg), comparado ao EBV (309,44 kg), seguido por vacas com genótipo e fenótipo que apresentaram 674,79 kg e 579,21 kg, respectivamente. Na análise de validação dos reprodutores, o modelo genômico apresentou aumento de 0,13 para R_{GEBV}^2 e 0,22 para b_1 , em comparação com a análise tradicional. Os resultados indicam a importância da inclusão de informações genômicas para a avaliação genética da produção de leite, sugerindo que o modelo genômico é viável e pode ser vantajoso para as avaliações genéticas do PMGG.

Palavras-chave: bovinos de leite, bovinos cruzados, maturidade sexual, touros jovens.

Abstract: Milk yield (MY) is one of the most important traits in Brazilian dairy sector. The aim with this study was to perform a genomic validation analysis for the MY trait in Girolando cattle. The analyzes were carried out with data from the National Girolando Breeding Program (PMGG), using 236,738 milk yield records. Traditional and genomic genetic evaluations were performed using an animal single-trait model. Heritability was estimated at 0.29. Cows with only genotype information showed higher values for GEBV (713.56 kg), compared to EBV (309.44 kg), followed by cows with genotype and phenotype that showed 674.79 kg and 579.21 kg, respectively. In the sire validation analysis, the genomic model showed an increase of 0.13 for R_{GEBV}^2 and 0.22 for b_1 compared to the traditional analysis. The results indicate the importance of including genomic information for the genetic evaluation of milk yield, suggesting that the genomic model is feasible and may be advantageous to the PMGG genetic evaluations.

Keywords: crossbred cattle, dairy cattle, sexual maturity, young bulls.

Introdução

A produção de leite é uma das características de maior valor econômico no cenário brasileiro e majoritariamente sucede em sistemas de pastejo em ambientes desafiadores que requerem animais adaptados, como bovinos da raça Girolando. Uma das grandes vantagens desta raça é possibilitar a produção de leite sustentável em regiões tropicais e subtropicais, em razão de sua rusticidade, sendo, portanto, amplamente utilizada nesta atividade pecuária.

Para a obtenção de animais com altos índices de produção, é necessária seleção criteriosa e precisa dos melhores animais por meio de seus valores genéticos, os quais, até 2010, eram preditos usando avaliações genéticas tradicionais, ou seja, utilizando apenas informações de fenótipos e pedigree. Recentemente, o desenvolvimento da biologia molecular e biotecnologias possibilitou a inclusão de informações de DNA nas avaliações genéticas, a qual é denominada seleção genômica. O uso desta ferramenta na bovinocultura de leite, dentre suas várias vantagens, permite a identificação precoce de animais geneticamente superiores antes mesmo de atingirem a maturidade sexual, com incremento da acurácia das predições genéticas, contribuindo com um aumento no ganho genético para as próximas gerações. Desta forma, objetivou-se com este estudo realizar análise de validação genômica para a característica de PL em uma população de bovinos da raça Girolando.

Material e Métodos

Os dados utilizados no estudo incluíram um total de 236.738 registros de produção de leite de 132.899 vacas, fornecidos Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (PMGG). Um total de 16.457 animais foram



genotipados utilizando chips SNP de diferentes densidades. Genótipos gerados com chips de menor densidade foram imputados para o painel HD v. 2 usando o software FImpute (Sargolzaei et al., 2014). Após eliminação de marcadores com *call rate* < 0,98, frequência do menor alelo (MAF) < 0,02 e frequência alélica esperada para o equilíbrio de Hardy-Weinberg 0,15, o banco de dados de genótipos totalizou 16.457 animais genotipados para 404.620 marcadores.

As avaliações tradicional e genômica foram realizadas utilizando os programas da família BLUPF90 (Misztal et al., 2018), com o seguinte modelo unicaracterístico:

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

em que y é o vetor de observações para PL; 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. Assumiu-se que $a \sim N(0; \mathbf{H}\sigma_a^2)$ com matriz de relacionamento \mathbf{H} e a variância genética aditiva σ_a^2 ; $p \sim N(0; \mathbf{I}\sigma_p^2)$ com matriz de identidade \mathbf{I} e variância genética aditiva permanente σ_p^2 ; $h \sim N(0; \mathbf{I}\sigma_h^2)$ com variância genética aditiva de grupo contemporâneo σ_h^2 ; e $e \sim N(0; \mathbf{I}\sigma_e^2)$ com variância genética residual σ_e^2 . O modelo animal incluiu a idade da mãe com seus efeitos linear e quadrático, número de ordenhas e heterozigiosidade como efeito fixo e efeito genético aditivo direto, ambiente permanente, de grupo contemporâneo (rebanho, ano e estação de parto, composição racial) 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 análise de validação, foram identificados e selecionados touros Girolando com alta confiabilidade e com mais de 20 filhas com medidas fenotípicas. Avaliações genéticas e genômicas foram conduzidas utilizando-se um banco de dados reduzido, onde as informações das filhas dos touros de validação foram eliminadas. Para validar a predição genômica, os DYD (*daughter yield deviations*), calculados a partir dos dados completos (análise genômica e tradicional), foram regredidos nos (G)EBV obtidos nas análises dos dados reduzidos.

Resultados e Discussão

A estimativa de herdabilidade foi igual a 0,29, corroborando com valores encontrados na literatura em comparação com estudos realizados por Lee et al. (2020), que estimaram a herdabilidade em 0,28, 0,20 e 0,16 e Silva et al. (2019), que estimaram em 0,32, 0,22, 0,20 para primeira, segunda e terceira lactação, respectivamente, avaliando populações da raça Holandesa.

Para comparação dos valores genéticos e confiabilidade encontrados com as abordagens tradicional e genômica, as vacas foram classificadas 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 R_{GEBV}^2 médios foram calculados para cada grupo e estão apresentados na Tabela 1. Os valores médios de GEBV e EBV variaram de 285,94 kg a 713,56 kg e 251,90 kg a 579,21 kg, respectivamente. Vacas somente com genótipos, apresentaram valores superiores para GEBV (713,56 kg), comparado ao EBV (309,44 kg).

Tabela 1. Valores genéticos e genômicos ((G)EBV) e de confiabilidade (R_{GEBV}^2) médios para a produção de leite em uma população de bovinos da raça Girolando, estimados em diferentes grupos de vacas.

Nº animais	GEBV	R_{GEBV}^2	EBV	R_{EBV}^2
<i>Todas as vacas</i>				
241.504	285,94	0,40	251,90	0,38
<i>Vacas com genótipo e fenótipo</i>				
6.289	674,79	0,66	579,21	0,56
<i>Vacas com genótipo</i>				
7.479	713,56	0,51	309,44	0,25
<i>Vacas com fenótipo</i>				
126.608	305,20	0,48	281,63	0,48

Comparando-se os diferentes grupos nas análises genômicas, observa-se que o grupo com todas as vacas apresentou o menor GEBV (285,94 kg), enquanto o maior valor foi encontrado no grupo de vacas com genótipo (713,56 kg), seguido pelo grupo de vacas com genótipo e fenótipo (674,79 kg). Considerando as análises tradicionais, os EBV não apresentaram grande variação, se destacando no grupo de fêmeas com informação de genótipo e fenótipo, diferente



das análises genômicas que foram mais expressivas. Em relação às duas abordagens utilizadas, foram encontrados valores genéticos maiores nas análises genômicas, que variaram de 95,58 kg a 404,12 kg em relação às análises tradicionais. A utilização de dados genômicos na seleção aumenta a acurácia das estimativas de mérito genético para animais mais jovens, contribuindo conseqüentemente para o progresso genético dos rebanhos (Wiggans, et al. 2016).

Em relação as confiabilidades médias, observou-se aumento com a inclusão das informações genômicas, principalmente nos grupos de vacas com genótipo e fenótipo, e somente com genótipo (0,10 e 0,25, respectivamente), demonstrando a importância da inclusão das informações genotípicas na avaliação genética para PL para a predição de valores genéticos mais acurados, possibilitando melhor seleção de animais jovens, sem informações fenotípicas (Silva et al. 2019).

Os resultados da análise de validação dos reprodutores estão apresentados na Tabela 2. Pode-se observar que o modelo genômico apresentou valores superiores ao modelo tradicional, com aumentos de 0,13 e 0,22 para R^2_{GEBV} e b_1 , respectivamente. Em comparação com estudo realizado por Silva et al. (2019), os mesmos observaram aumento de 0,16 para ambos R^2_{GEBV} e b_1 , quando utilizado o modelo ssGBLUP, demonstrando a importância da utilização de informações genotípicas na avaliação genética em bovinos leiteiros.

Tabela 2. Valor médio das confiabilidades do (G)EBV (R^2_{GEBV}), coeficiente de regressão (b_1) e confiabilidade realizada (R^2) para teste de validação para a produção de leite, obtidos a partir dos modelos genômico (ssGBLUP) e tradicional (BLUP)

Nº touros validação	ssGBLUP			BLUP		
	R^2_{GEBV}	b_1	R^2	R^2_{GEBV}	b_1	R^2
79	0,55	0,66	0,40	0,42	0,44	0,14

Conclusões

O uso da avaliação genômica possibilitou a predição de maiores valores genéticos e confiabilidade médios, principalmente considerando animais jovens, em comparação com as avaliações tradicionais. Os resultados indicam a importância da inclusão de informações genômicas para a avaliação genética da produção de leite, sugerindo que o modelo genômico é viável e pode ser vantajoso para as avaliações genéticas do Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando.

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

- Lee, Y. M., Dang, C. G., Alam, M. Z., Kim, Y. S., Cho K. H., Park, K. D., Kim J. J. 2020. The effectiveness of genomic selection for milk production traits of Holstein dairy cattle. **Asian-Australas J Anim Sci.** Vol. 33, No. 3:382-389.
- 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.**
- Silva, A. A., Silva, D. A., Silva, F. F., Costa, C. N., Lopes, P. S., Caetano, A. R., Thompson G., Carnevali J. 2019. Autoregressive single-step test-day model for genomic evaluations of Portuguese Holstein cattle. **J. Dairy Sci.** **102.**
- 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