

Seleção genômica para resistência a carrapatos em bovinos Braford e Hereford¹

Mauricio Morgado de Oliveira², Cláudia Cristina Gulias Gomes³, Vanerlei Mozaquatro Roso⁴, Alexandre Rodrigues Caetano⁵, Ignacio Aguilar⁶, Fernando Flores Cardoso⁷

¹ Pós doutorado do primeiro autor, financiada pela Capes/PNPD

² Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, BRA. Bolsista Capes/PNPD. e-mail: oliveira.mauricio.morgado@gmail.com

³ Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, BRA. claudia@cppsul.embrapa.br

⁴ Gensys Consultores Associados. gensys@gensys.com.br

⁵ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. acaetano@cenargen.embrapa.br

⁶ Instituto Nacional de Investigación Agropecuária – INIA. e-mail: iaguilar@inia.org.uy

⁷ Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, BRA. Bolsista de Produtividade em Pesquisa do CNPq. e-mail: fcardoso@cppsul.embrapa.br

Resumo: O parasitismo pelo carrapato bovino (*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) representa um dos maiores entraves para o aumento da produtividade na pecuária nacional. A utilização de marcadores moleculares do tipo polimorfismos de base única (SNPs), associada a dados genéticos quantitativos, tende a tornar mais fidedigna à predição do mérito genético dos animais. O objetivo deste estudo foi avaliar a utilidade da avaliação genômica para prever a resistência genética a carrapatos em bovinos Braford e Hereford. Foram coletadas amostras de DNA de 2.161 animais, genotipadas com o BovineSNP50 Illumina v2 BeadChip, onde após o controle de qualidade resultaram em um total de 41.001 SNPs e 2.093 amostras, que foram analisadas conjuntamente com informações de contagens de carrapato e pedigree utilizando a metodologia de uma etapa em que o parentesco baseado no pedigree é ajustado pelos desvios devido a informação genômica. A utilização de marcadores permitiu dobrar a herança genética de 20%, tipicamente estimada desta característica, para 42%. A correlação entre os valores genéticos pelos dois procedimentos foi de 0,60 para a raça Braford e 0,48 para a raça Hereford. A utilização da seleção genômica, nas raças Braford e Hereford, para resistência a carrapatos permite maior ganho genético e pode ser aplicada nos animais logo após o nascimento.

Palavras-chave: bovinos de corte, SNP, carrapato, mérito genético

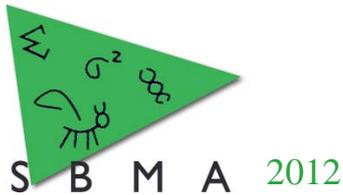
Genomic selection for tick resistance in Braford and Hereford cattle

Abstract: Parasitism by the cattle tick (*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) represents one of the biggest barriers to increase the productivity in the national beef industry. The use of single nucleotide polymorphisms (SNPs) molecular markers associated with quantitative genetic tends to be more accurate to predict genetic merit of animals. The objective of this work was to evaluate the utility of genomic evaluation to predict the genetic resistance to ticks in cattle. Samples of DNA of 2,161 animals, genotyped with BovineSNP50 Illumina v2 BeadChip, after quality control resulted in a total of 41,001 SNPs and 2,093 samples, were analyzed together with information on tick counts and pedigree using the single-step method where relationship based on pedigree is adjusted for deviations due to genomic information. The utilization of markers allowed doubling the heritage of 20%, usually estimated for this trait, to 42%. The correlation between breeding values for two procedures was 0.60 for Braford breed and 0.48 for Hereford breed. The use of genomic selection in Braford and Hereford breeds for resistance to ticks allows faster genetic gain and can be apply to the animals immediately after birth.

Keywords: beef cattle, SNP, tick, genetic merit

Introdução

O carrapato bovino (*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) é uma das principais causas de perdas produtivas na bovinocultura brasileira. O parasitismo provoca diminuição de desempenho dos animais e desvalorização dos couros pelo hematofagismo, e gastos elevados com tratamentos acaricidas (FAO, 2004; GRISI et al., 2002). Estimativas sugerem que as perdas anuais, apenas no Brasil, sejam de dois bilhões de dólares (GRISI et al., 2002). O carrapato é também o principal limitante para introdução de bovinos de origem britânica na vasta região tropical do país, através de sistemas de cruzamentos com as populações zebuínas existentes, uma vez que animais *Bos taurus* têm maior suscetibilidade a infestações



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

por carrapatos quando comparados a animais *Bos indicus* (FRISCH, 1999). O aumento da proporção de genética britânica no rebanho bovino nacional permitiria aprimorar o potencial genético do rebanho, principalmente em relação a características de qualidade da carne, precocidade sexual e de terminação. Frente aos grandes prejuízos causados, ao recorrente desenvolvimento de resistência do carrapato aos princípios ativos dos acaricidas e à ausência de alternativas eficazes de controle, o aumento da resistência genética do hospedeiro tem sido apontado como a única solução definitiva para o problema (FRISCH, 1999). A existência de variabilidade genética aditiva em bovinos para resistência ao carrapato possibilita o uso da seleção como uma alternativa para enfrentar o carrapato. O objetivo deste estudo foi avaliar a utilidade da avaliação genômica para prever a resistência genética a carrapatos em bovinos Braford e Hereford.

Material e Métodos

Amostras de sangue foram coletadas com os cartões da MGM de um total de 2.161 touros e novilhas Hereford e Braford avaliadas pelo programa de melhoramento genético da Conexão Delta G, uma associação de criadores das raças Hereford, Braford e Nelore. O DNA foi extraído a partir de dois discos de 6mm com protocolo padrão de laboratório e cada amostra foi genotipada com o BovineSNP50 Illumina v2 BeadChip (Illumina Inc., San Diego, CA) para um total de 54.609 polimorfismos de base única (SNP). Após controles de qualidade, um total de 41.001 SNP e 2.093 amostras foi aprovado e foram utilizados para estudos genômicos de associação e seleção genômica para contagem de carrapatos.

A utilização conjunta das informações de contagens de carrapato (3.114 animais com mais de duas contagens), pedigree (15.321 animais) e dos marcadores moleculares utilizando a metodologia de uma etapa (AGUILAR et al., 2010) em que o parentesco baseado no pedigree é ajustado pelos desvios devido a informação genômica (Misztal et al. 2009), para prever a resistência genética de animais das raças Hereford e Braford ao carrapato, por meio do procedimento denominado de seleção genômica (MEUWISSEN et al., 2001).

Resultados e Discussão

A utilização das informações de marcadores moleculares associados aos genes responsáveis pela resistência à infestação por carrapatos em bovinos Hereford e Braford, permitiu dobrar a herança genética estimada desta característica passando dos 20%, tipicamente encontrados quando se usam somente informações de pedigree e os dados de contagens, para 42% no presente estudo. Portanto, os resultados obtidos mostram que foi possível explicar quase metade das diferenças de infestação por carrapatos observadas entre os animais por meio de fatores genéticos aditivos, quando foram acrescentadas informações dos marcadores moleculares e utilizados conjuntamente os dados de contagens de carrapatos e o pedigree dos animais. A validação desse resultado foi realizada pela comparação dos valores genéticos dos animais obtidos com base nas informações dos marcadores moleculares e do pedigree, antes da avaliação por meio da exposição aos carrapatos, com os valores genéticos calculados após os animais terem sido desafiados e suas contagens de carrapatos incluídas na avaliação genética. A correlação entre os valores genéticos pelos dois procedimentos (já ao nascimento ou após o desafio e contagens de carrapatos aos 18 meses) foi de 0,60 para a raça Braford (Figura 1) e 0,48 para a raça Hereford. Esses valores de correlação, relativamente alto para o Braford e moderado para o Hereford, demonstram a viabilidade da utilização da seleção genômica nessas raças. Os valores mais baixos para a raça Hereford eram esperados pelo menor número de animais avaliados. Por outro lado, a correlação entre os valores genéticos estimados com base apenas no pedigree (sem informação de marcadores) antes e depois de obter os dados de contagens de animais jovens foi de apenas 0,30 (Figura 2). Utilizando estratégias semelhantes de seleção de animais logo ao nascimento, esses resultados permitiram estimar que os ganhos genéticos com a seleção genômica (que inclui as informações de marcadores) seriam duas vezes maiores que os previstos com a seleção tradicional, baseada somente em dados de pedigree.

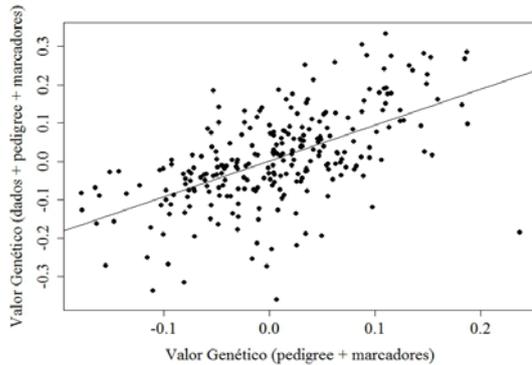


Figura 1. Correlação ($r=60$) de valores genéticos de animais Braford obtidos a partir de dados de contagens de carrapato, de pedigree e de marcadores moleculares aos 18 meses de idade e pela seleção genômica ao nascimento, usando somente dados de marcadores moleculares e pedigree.

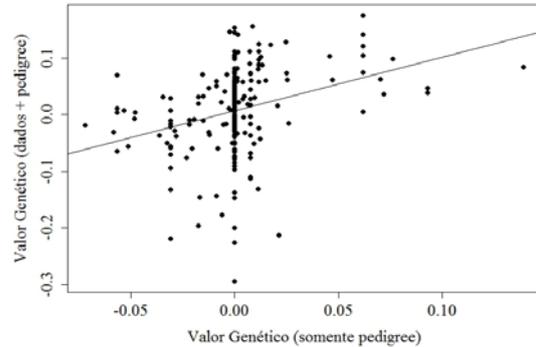


Figura 2. Correlação ($r=30$) de valores genéticos de animais Braford obtidos a partir de dados de contagens de carrapato e de pedigree aos 18 meses de idade e pela seleção ao nascimento pela média dos pais, usando somente dados de pedigree.

Conclusões

A utilização da seleção genômica, nas raças Braford e Hereford, para resistência a carrapatos permite maior ganho genético e pode ser aplicada nos animais logo após o nascimento.

Literatura citada

- AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D. L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T. J. 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, p.743-752, 2010.
- FAO. Guidelines resistance management and integrated parasite control in ruminants. Rome, 2004. 216p.
- FRISCH, J. E. Towards a permanent solution for controlling cattle ticks. **International Journal for Parasitology**, v.29, p.57-71, 1999.
- GRISI, L.; MASSARD, L. C.; BORJA, G. E. M.; PEREIRA, J. B. Impacto econômico das principais ectoparasitoses em bovinos no Brasil. **A Hora Veterinária**, Porto Alegre, v.21, p.8-10, 2002.
- MEUWISSEN, T.H.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, v.157, p.1819-1829, 2001.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v.92, p.4648-4655. 2009.