

VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Resultados preliminares do estudo de esquemas de seleção para o melhoramento genético de bubalinos leiteiros: abordagem genética[§]

Leonardo de Oliveira Seno¹, Jesús Fernández Martín², Vera Lucia Cardoso³, Luis Alberto García-Cortes², Miguel Ángel Toro², Lúcia Galvão de Albuquerque⁴, Humberto Tonhati⁴

[§]Bolsa: FAPESP

¹Doutorando em Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, campus de Jaboticabal, SP, Brasil, e-mail: lozeno@yahoo.com.br, Bolsista da FAPESP.

²Pesquisador do Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria – INIA, Madrid, España, e-mail: jmj@inia.es, garcia@inia.es, toro@inia.es

³APTA REGIONAL Ribeirão Preto, SAA/SP, e-mail: vlcardoso@apta.sp.gov.br

⁴Departamento de Zootecnia da FCAV-UNESP, Jaboticabal, e-mail: tonhati@fcav.unesp.br, lgalb@fcav.unesp.br

Resumo – Este estudo teve como objetivo avaliar, por meio de simulação, o impacto da utilização de teste de progênie, sobre o ganho genético para produção de leite e endogamia em uma população de bubalinos leiteiros no Brasil. Os resultados obtidos mostraram que a introdução de teste progênie para bubalinos leiteiros poderia proporcionar ganho genético para produção de leite relevante na população.

Palavras-chave: endogamia, modelagem, simulação, sistema de produção

Preliminary results of breeding schemes for genetic improvement of dairy buffaloes: genetic approach

Abstract – The aim of this study was to evaluate through computer simulation the impact of the use of progeny test on the genetic gain for milk yield and inbreeding in a population of dairy buffaloes in Brazil. The results obtained showed that the introduction of progeny testing programs for dairy buffaloes would increase the genetic gain for milk production in the population.

Keywords: inbreeding, modeling, production system, simulation

Introdução

No decorrer das últimas décadas a bubalinocultura de leite assumiu papel importante em diversas partes do mundo e do Brasil. Essa exploração vem sendo incentivada, basicamente, pela elevada demanda de queijos de qualidade em grandes centros comerciais. Estudos mostram incremento na produção de leite de bubalinos no Brasil (Tonhati, 2007). Este aumento, contudo, é decorrente de melhorias no manejo, como a utilização de duas ordenhas diárias, ao invés de uma (Ramos, 2006). Rendel & Robertson (1950) propuseram a realização de teste de progênie (TP) com o objetivo de utilizar,

eficientemente, as possibilidades oferecidas pela inseminação artificial (IA). A realização de esquemas de teste de progênie depende do desenvolvimento de um programa de controle leiteiro (PCL) abrangente e o uso extensivo de inseminação artificial, o que não é observado, atualmente, na bubalinocultura leiteira nacional. Desta forma, o objetivo deste estudo foi examinar, por meio de simulação, o ganho genético para produção de leite e a mudança na endogamia, em uma população de bubalinos leiteiros no Brasil como resultado da aplicação de esquemas de seleção que utilizam de teste de progênie e inseminação artificial, com número crescente de rebanhos que praticam controle leiteiro.

Material e Métodos

Um modelo de simulação estocástica foi utilizado para gerar resultados de um esquema convencional de TP que então foi comparado com esquemas de seleção aleatória (SA) e com o atual esquema de IA baseado em seleção fenotípica (SF).

Inicialmente, simulou-se uma população conceitualmente infinita, não endogâmica e não selecionada, composta por 20.000 búfalas e 10 touros de IA, sem avaliação previa. Assumiu-se para a geração dessa população uma faixa etária de dois a três anos para machos e de dois a seis anos para fêmeas. As fêmeas foram divididas em 100 rebanhos, perfazendo um número inicial de 180 a 220 búfalas. A porcentagem de fêmeas inseminadas foi de 80% para aqueles rebanhos que praticavam CL e de 25% para aqueles que não praticavam. Foi assumida maturidade sexual de 2 anos para ambos os sexos, 4 e 7 classes reprodutivas para machos e fêmeas, respectivamente, e um intervalo entre partos de 12 meses. Foi utilizada para monta natural (MN) uma proporção de 1 macho: 40 fêmeas e uma taxa de concepção de 90% para novilhas em MN e de 82 e 78% para búfalas adultas em MN e IA, respectivamente. A utilização de IA em novilhas não foi simulada, uma vez que esta tecnologia não é realizada na prática.

A característica considerada foi produção de leite aos 270 dias de lactação (PL270). No processo de simulação supôs-se para esta característica uma média inicial de 1.845 kg e variâncias aditiva (σ^2_a), de ambiente permanente (σ^2_{pe}), e residual (σ^2_e), de 36.000, 20.000 e 88.700 kg², respectivamente (Tonhati et al., 2007). Os dados foram simulados assumindo um modelo genético aditivo infinitesimal: $y_{ijk} = \mu + gc_{jk} + \beta_0 t + \beta_1 t^2 + a_i + p_i + e_{ijk}$, em que y_{ijk} é a PL270 da búfala i , no rebanho j e ano k , μ é a média populacional, gc_{jk} é o efeito fixo de rebanho j e ano k sobre o parto da búfala i , t representa o número de partos (incluído no modelo como covariável, com os coeficientes de regressão linear e quadrático da característica y_{ijk} $-\beta_0$ e β_1 iguais a 0,0293 e -0,0032, respectivamente; Tonhati et al., 2007), a_i é o valor genético aditivo da búfala i , p_i é o efeito de ambiente permanente da búfala i e e_{ijk} é o erro aleatório associado a cada observação. Se os pais eram desconhecidos, a_i foi gerado a partir de uma distribuição $N(0, \sigma^2_a)$. Já, se os pais eram conhecidos, a_i foi dado por $0,5(a_{i(s)} + a_{i(d)}) + M$, em que $a_{i(s)}$ e $a_{i(d)}$ são os valores genéticos verdadeiros do pai e da mãe do animal i e M é um desvio devido à segregação Mendeliana aleatória, que foi gerada como uma distribuição $N(0, 0,5(1 - F)\sigma^2_a)$. O termo $0,5(1 - F)$ foi considerado para calcular a redução da variabilidade genética devido à endogamia, sendo F , a endogamia média dos pais. Os coeficientes de endogamia foram calculados de acordo com o algoritmo de Meuwissen (1992). Os valores de p_i e de e_{ijk} , foram gerados a partir de $N(0, \sigma^2_{pe})$ e $N(0, \sigma^2_e)$, respectivamente.

Os esquemas de seleção foram: seleção aleatória sem IA (SA), seleção aleatória com IA (SAIA), seleção fenotípica (SF) e teste de progênie (TP). Para os esquemas SF e TP foi avaliado o impacto do aumento da porcentagem de rebanhos que praticam CL. As

porcentagens estudadas foram: 20% (SF1 e TP1), 50% (SF2 e TP2) e 80% (SF3 e TP3). Todos os esquemas tiveram como objetivo de seleção maximizar a produção de leite.

Para os esquemas SA e SAIA, foram assumidos como valores genéticos (\hat{a}) valores aleatórios que foram obtidos a partir de uma distribuição $U(0,1)$. O mesmo procedimento foi utilizado nos esquemas SF1, SF2 e SF3 para a porcentagem de rebanhos que não praticavam CL. Para a porcentagem que realizava CL foram assumidos como $\hat{a}(s)$ a média individual, tratando-se de uma búfala, com dados fenotípicos, a média fenotípica da mãe, para animais jovens e a média das filhas, tratando-se de um touro. Caso o animal não tivesse média até o momento da avaliação os $\hat{a}(s)$ também foram gerados a partir de uma distribuição $U(0,1)$. Para os esquemas de seleção TP1, TP2 e TP3, os $\hat{a}(s)$ de cada animal e as estimativas dos componentes de variância foram obtidas por meio do método de máxima verossimilhança restrita aplicado ao seguinte modelo animal: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpe} + \mathbf{e}$, em que, \mathbf{y} é o vetor de observações; \mathbf{b} é o vetor de efeitos fixos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aleatórios de animal; \mathbf{pe} vetor de efeitos aleatórios de ambiente permanente e \mathbf{e} é o vetor aleatório residual; \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{W} são as matrizes de incidência relativa às observações, para efeitos fixos, efeito aleatório de animal e de ambientais permanentes, respectivamente.

Todos os esquemas de seleção foram simulados 25 anos e replicado 25 vezes. Os resultados foram utilizados para calcular as médias dos valores genéticos verdadeiros, coeficientes de endogamia e as produções de leite. Para os cálculos das médias foram considerados aqueles indivíduos que estivessem hábeis para reprodução.

Resultados e Discussão

As médias anuais dos valores genéticos verdadeiros (Figura 1) e dos coeficientes de endogamia (Figura 2) dos animais ativos obtidos para os esquemas SF e TP foram contrastadas com as médias encontradas nos esquemas SA e SAIA.

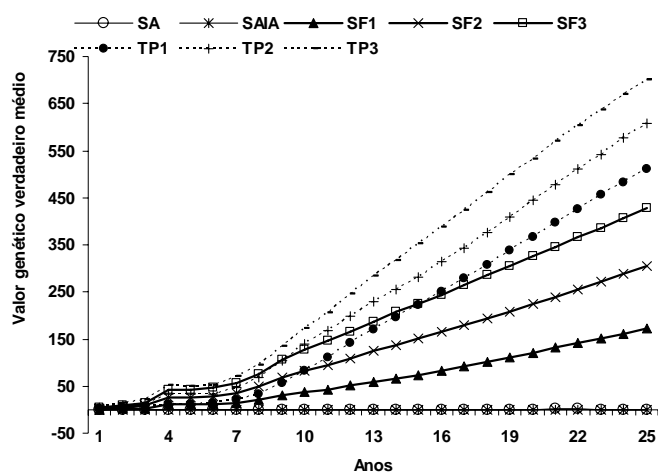


Figura 1. Médias anuais dos valores genéticos verdadeiros dos animais ativos em cada um dos esquemas de seleção de uma população simulada de bubalinos leiteiros.

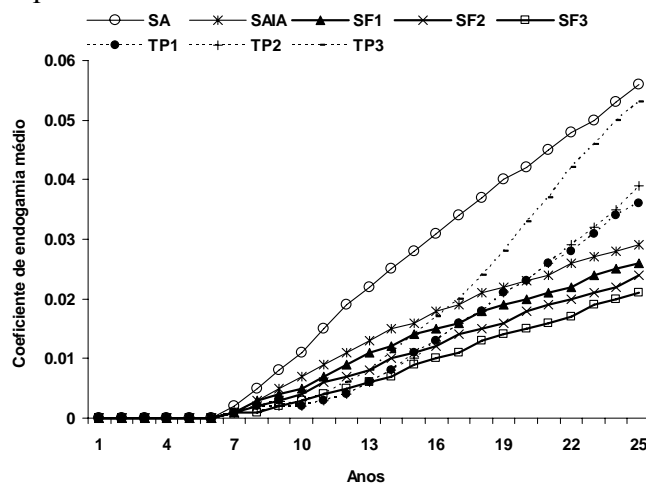


Figura 2. Médias anuais dos coeficientes de endogamia dos animais ativos em cada um dos esquemas de seleção de uma população simulada de bubalinos leiteiros.

Após 25 anos de avaliação não foi observado ganho genético para os esquemas SA e SAIA. Foram observados ganhos genéticos de 172,41, 304,13, 427,1, para os esquemas de seleção fenotípica SF1, SF2 e SF3, respectivamente e de 510,93, 607,25, 617,29, para os esquemas envolvendo teste de progênie TP1, TP2 e TP3, respectivamente. Os acréscimos

observados na PL270 foram iguais a os observados nos valores genéticos. Os ganhos genéticos para os esquemas TP foram superiores aos encontrados nos esquemas de SF, SA e SAIA (Figura 1). Também é possível observar que o aumento no número de propriedades em PCP promove aumento considerável no ganho genético dos esquemas de SF e TP. Estes resultados demonstram a importância da conscientização dos bubalinocultores quanto ao controle sistemático das informações de parentesco e dos desempenhos produtivos.

As médias dos coeficientes de endogamia para os esquemas SA e SAIA foram de 0,056 e 0,029, respectivamente. Já para os esquemas de SF foram de 0,026, 0,024, 0,021 para SF1, SF2 e SF3, respectivamente. E iguais a 0,036, 0,039, 0,044 para os esquemas TP1, TP2 e TP3, respectivamente. O acréscimo acentuado nos coeficientes de endogamia (Figura 2) no esquema de seleção SA ocorreu devido à ausência de conexão entre os rebanhos, uma vez que a seleção e os acasalamentos ocorreram exclusivamente dentro dos rebanhos. Conseqüentemente, a introdução de IA (SAIA) reduziu drasticamente os valores médios dos coeficientes de endogamia. Maiores reduções são observadas com aumento no número de propriedades que participam de PCL, já que os touros destinados a IA procediam preferencialmente das propriedades que participavam do PCL, sendo o tamanho efetivo (N_e) maior.

Estes resultados demonstram que a utilização de CL associada à realização de TP poderia aumentar significativamente a média leiteira nacional, atendendo a crescente demanda nacional de leite de búfalas para a elaboração de queijos de elevada qualidade, sobretudo de mozzarella.

Conclusões

A utilização de IA aumenta a conexão entre os rebanhos, promovendo melhora no fluxo de genes e redução de possíveis efeitos indesejáveis de endogamia na população. A introdução de TP para bubalinos leiteiros poderia proporcionar ganho genético relevante na população. O aumento na porcentagem de propriedades participantes em PCL pode concorrer à obtenção de maiores ganhos genéticos em esquemas de TP e de seleção fenotípica, bem como, incremento na produção de leite e redução no coeficiente de endogamia.

Literatura Citada

- MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.305-313, 1992.
- RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da Raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.8, p.1261-1267, 2006.
- RENDEL, J.M.; ROBERTSON, A. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. **Journal of Genetics**, v.50, n.1, p.1-8, 1950.
- TONHATI, H.; SESANA, R.C.; ALBUQUERQUE, L.G. Avaliação genética de búfalos leiteiros. In: **Avaliação genética de búfalos leiteiros** (TONHATI, H. & ALBUQUERQUE, L. G., ed.). Fundação de Apoio a Pesquisa, Ensino e Extensão – Funep, Jaboticabal, 2007. 101 p.