

XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Efeito da Recombinação no Valor Genético Aditivo de Animais de Raça Composto Montana® para Peso aos 12 Meses

Fernando Augusto Corrêa Queiroz Cançado^{1*}, José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹,
Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira¹, Gabriela Giacomini³, João Luis Oliveira³, Rafael Nuñez
Dominguez², Gabriel Costa Medeiros¹, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Felipe Eguti de Carvalho¹,
Luis Telo da Gama⁴

¹Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Universidad Autónoma de Chapingo, México

³Associação Internacional de Criadores de Montana

⁴México Faculdade de Veterinária da Universidade de Lisboa, Portugal

*Autor correspondente: *facqc@usp.br*

Resumo: Animais que resultam de cruzamentos de raças distintas apresentam características de ambas as raças e frequentemente têm índices produtivos acima da média dos pais, devido à ocorrência de Heterose. O efeito da perda de heterose ao cruzarmos os animais cruzados chama-se Perda por Recombinação. Neste trabalho, avaliamos informações de peso aos 12 meses de 122.682 animais, os componentes de variância e o valor genético dos animais foram estimados através da família BLUPF90. Os resultados demonstraram que os parâmetros genéticos foram semelhantes quando estimados com e sem recombinação, mas observaram-se diferenças no ranking dos Valores Genéticos.

Palavras-chave: *Heterose, Cruzamento, Recombinação, Seleção*

Recombination effects on additive genetic values of composite beef cattle of the Montana Tropical program for weight at twelve months®

Abstract: Animals resulting from crosses of different breeds have characteristics of both breeds and production rates which are often above the average of the parents, due to the occurrence of heterosis. The effect of loss of heterosis when crossing the crossbred animals we call Loss by Recombination. In this study, we evaluated 12-month weight information for 122,682 animals, and variance components and the breeding value of the animals were estimated using the BLUPF90 family of programs. The results indicated that genetic parameters estimated with and without recombination were similar, but there were differences in ranking of Breeding Values.

Keywords: *Heterosis, crossbreeding, recombination, selection*

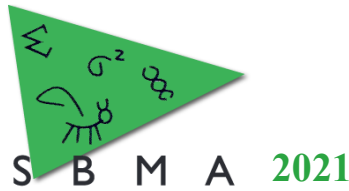
Introdução

O melhoramento animal consiste em selecionar os melhores detentores de genes para serem os pais da próxima geração, aumentando na população a frequência de genes de interesse. A complementariedade dos genes dos pais também é importante no processo de seleção, pois pode gerar um fenômeno conhecido como heterose, que é a superioridade da progênie de animais cruzados relativamente à média dos pais. A recombinação também é um efeito importante na seleção de animais cruzados, pois ela pode representar a perda da heterose quando se usam reprodutores cruzados (Dickerson, 1973) devido ao pareamento de alelos de linhagens parentais diferentes. Esse efeito de recombinação pode fazer variar a DEP dos animais e com isso atrapalhar a seleção eficiente de animais.

A raça Montana ® é uma raça sintética composta por quatro grupo genéticos, N, A, B, C, correspondendo a Zebu (*Bos indicus*), Adaptados (*Bos taurus*), Britânicos (*Bos taurus*) e Continentais (*Bos taurus*), respectivamente (Ferraz et. al., 1993). As raças compostas buscam explorar a maximização da heterose conforme supracitado. Portanto, o objetivo desse trabalho é avaliar o impacto na estimação de parâmetros e no valor genético dos animais com a inclusão da Recombinação na equação de predição.

Material e Métodos

Os dados fenotípicos e de pedigree foram cedidos pelo programa de melhoramento genético do Composto Montana ®. Os grupos contemporâneos consideraram a fazenda de nascimento, safra, sexo e



grupo de manejo. A quantidade de informações que tivemos para testar os modelos foram 122.682 observações do fenótipo, com média fenotípica de 276,8 kg e desvio padrão de 59,4 kg. O modelo incluiu 255.966 animais no pedigree e 2.392 grupos contemporâneos, 2.209 grupos de manejo. Os valores da heterose e recombinação, para cada observação foram obtidos como proposto por Dickerson (1973):

$$Het_{i,j}^p = (\alpha_i^s \alpha_j^d + \alpha_j^s \alpha_i^d) \quad (1)$$

$$Recomb_{i,j}^p = (\alpha_i^s + \alpha_j^d)(\alpha_j^s + \alpha_i^d) - Het_{i,j}^p \quad (2)$$

Os componentes de variância e os valores genéticos foram estimados usando programas da família BLUPF90, sendo eles RENUMF90 version 1.146 with zlib, AIREMLF90 1.145 e BLUPF90 1.68, segundo o seguinte modelo proposto por Santana (2013):

$$y = \mu + Xb + Za + Hm + Tp + Wc + e \quad (3)$$

Onde y é o vetor de fenótipos, b é o vetor de efeito fixos (grupos contemporâneos e covariáveis), a é o vetor de valores genéticos diretos, m é o vetor de efeitos genéticos maternos, p é o vetor de efeito ambiental permanente materno, c é o vetor de efeito aleatório de grupo de manejo, e X , Z , H , T e W são as matrizes de incidência destes efeitos. Nos efeitos fixos deste modelo são incluídas como covariáveis os efeitos lineares da heterose individual e materna, e do efeito de recombinação individual.

Para comparar o impacto de incluir o efeito de recombinação, os parâmetros genéticos foram estimados com um modelo que incluiu ou não este efeito fixo no modelo.

Resultados e Discussão

Os componentes de variância de ambos bancos foram estimados por metodologia AIREML e estão descritos na tabela 1. Os resultados foram bem próximos representando pouca influência dos efeitos de recombinação nos componentes estimados.

Tabela 1 – Componentes de variância estimados peso aos 12 meses de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	σ^2A	σ^2gman	σ^2e	h^2	AIC
Sem	241,12	80	591,85	0,29	1.158.961
Com	240,50	79	591,85	0,29	1.158.852

Sem e **Com** representam os modelos sem e com recombinação, σ^2A é a variância do efeito genético aditivo, σ^2gman é a variância no efeito aleatório do grupo de manejo, σ^2e é a variância residual, h^2 é a herdabilidade da característica e **AIC** é o critério de informações de Akaike.

Na tabela 2, encontram-se as estatísticas descritivas para os valores genéticos estimados para peso aos 12 meses sem e com recombinação. Apesar de valores muito próximos existiram diferenças entre as análises realizadas nos dois modelos. O efeito da recombinação gerou uma redução de valor genético, concordando com outros estudos.

Tabela 2 – Valores Genéticos (VG) estimados peso aos 12 meses de bovinos compostos Montana Tropical®

Recombinação	n	Min	Max	μVG	$\sigma^2 VG$
Sem ^a	255.966	-52,48	72,67	2,69	64,11
Com ^b	255.966	-52,58	72,95	2,051	61,46

Sem^a e **Com^b**, representam os modelos sem e com recombinação, apresentaram diferença significativa com teste F, p-value < 2.2e-16. μVG é a média do valor genético, $\sigma^2 VG$ é a variância do valor genético.

Já, na figura 1, podemos observar a distribuição dos valores genéticos estimados pelos dois modelos, sem e com recombinação, em que os melhores animais estão no canto inferior esquerdo e os piores no canto superior direito. Os animais acima da linha azul são aqueles em que a inclusão da

recombinação no modelo diminuiu seu valor genético e os animais abaixo da linha azul são aqueles que tiveram seu valor genético aumentado. A figura 1 A mostra a correlação de todos os animais, sendo os extremos mais correlatos e terço médio teve correlação bem inferior, resultando em um $R = 0,98$. Enquanto na figura 1 B vemos a correlação do TOP 100 animais. Os resultados tiveram correlação de $R = 0,87$ indicam uma leve melhoria do ranking dos animais que se beneficiam da recombinação e uma queda alta dos animais que tiveram perdas pela recombinação.

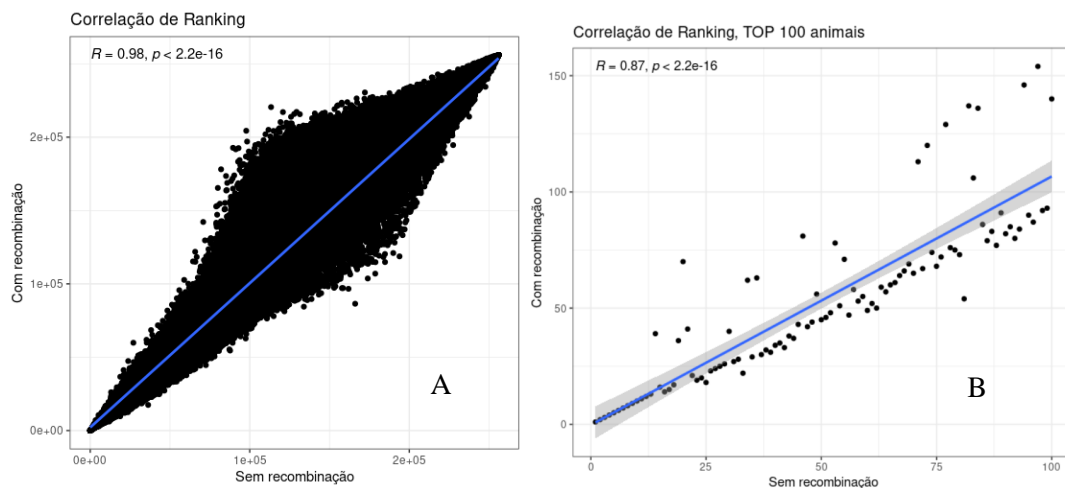


Figura 1 – Correlação de Ranking do valor genético dos animais para peso aos 12 meses sendo A, o geral e B o TOP 100 dos animais.

Conclusão

Esse estudo encontrou que o modelo incluindo os efeitos de recombinação resulta em parâmetros genéticos estimados que diferem pouco do modelo que ignora os efeitos de recombinação. Todavia, o modelo com efeito de recombinação pode ser usado para prever o mérito produtivo dos animais em populações compostas, pelo que deve ser estudado mais profundamente.

Agradecimentos

Agradecemos à Associação Internacional de Criadores de Montana e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00 e Bolsa de Mestrado, Código de Financiamento 001

Literatura citada

- DICKERSON, G. E. INBREEDING AND HETEROSIS IN ANIMALS. *Journal of Animal Science*, v. 1973, n. Symposium, p. 54–77, 1 jan. 1973.
- FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; GOLDEN, B.L. A formação do composto Montana Tropical. *Rev. Bras. Reprod. Animal*, v. 23, p. 115-117, 1999.
- SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. *Livestock Science*, v. 157, n. 1, p. 20–27, out. 2013.