Parentesco genômico: uma alternativa para incrementar a sustentabilidade futura dos programas de melhoramento de bovinos de corte.

Fernando Baldi1, Rafael Espigolan1 e Raysildo B. Lôbo2

1Departamento de Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brasil;

2Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Ribeirão Preto, Brasil

As decisões de seleção e acasalamento são orientadas pelos resultados das avaliações genéticas realizadas por meio do modelo animal (BLUP) há mais de 3 décadas. Nesta metodologia, o aumento na acurácia dos valores genéticos ou DEPs pode ser obtido com a inclusão de informações fenotípicas de parentes com auxílio da matriz de parentesco ou relacionamento entre os animais. Entretanto, esta abordagem eleva a probabilidade de selecionar parentes colaterais para o acasalamento, o que aumenta a taxa de endogamia e a perda de variabilidade genética na população ao longo dos ciclos seletivos (WOOLLIAMS *et al.* 2015). Além disto, no caso da avaliação genética de animais jovens sem progênie e sem registros produtivos, o modelo animal assume que progênies oriundas de um mesmo acasalamento, ou seja, animais filhos do mesmo touro e mesma vaca, recebam exatamente o mesmo conjunto de genes de seus pais, não levando em conta os efeitos de segregação mendeliana (efeito de segregação aleatória de genes durante a formação das gametas), e consequentemente, atribuindo o mesmo valor genético ou DEP para todas as progênies jovens, sendo esse valor igual à DEP média dos pais.

O coeficiente de endogamia (FPED) é estimado utilizando as informações provenientes dos dados de pedigree, desde a publicação do trabalho de Wright (1922). Entretanto, o desenvolvimento de painéis de alta densidade com milhares de marcadores genéticos do tipo SNP (Polimorfismos de base única) conduziu a um crescente interesse em calcular os coeficientes de endogamia a partir de informações moleculares em populações de bovinos (FERENCAKOVIC *et al.*, 2011; MARRAS *et al.*, 2014; SAURA, *et al.*, 2015; ZAVAREZ *et al.*, 2015, PERIPOLLI *et al.*, 2016). A informação genômica é mais eficaz para estimar a autozigosidade e para detectar os efeitos da endogamia, quando comparada com a informação fornecida pelos dados de pedigree. Isso ocorre porque a informação de pedigree é baseada em relações de parentesco esperadas ou proporção esperada de genes em comum que dois indivíduos compartilham pelo fato de possuir um ancestral em comum. Por outro lado, através da informação genômica é possível estimar a proporção exata de genes que dois indivíduos compartilham, mesmo que não possuam nenhum ancestral em comum no arquivo de pedigree (KELLER *et al.*, 2011; VISSCHER *et al.*, 2006).

Com a utilização das informações moleculares provenientes dos milhares de SNPs, podem ser citados o coeficiente de endogamia calculado por meio da matriz de parentesco genômico (FGRM) e o coeficiente de endogamia obtido por meio das corridas de homozigose ou segmentos em homozigose (FROH). Na literatura é reportado que a principal limitação do FPED consiste em assumir que o genoma inteiro não está sob seleção e eventos de recombinação, e, portando, o coeficiente não leva em consideração o viés potencial dessas ocorrências (CURIK *et al.*, 2002). Por outro lado, FGRM e FROH predizem de maneira mais acurada a porcentagem autozigótica do genoma e podem ser estimados em qualquer animal genotipado, mesmo quando a informação de pedigree não está disponível. O FROH possui a vantagem de detectar a idade da endogamia com base no comprimento do segmento genômico em homozigose, ou seja, é possível estimar o momento em que dois animais aparentados (com pelo menos um ancestral em comum) foram acasalados, originando uma progênie endogâmica e, além disso, pode ser determinado o número de segmentos em homozigose..

A informação genômica vem sendo utilizada pelos programas de melhoramento de bovinos de leite e corte para aumentar a acurácia dos valores genéticos genômicos para os animais jovens com o objetivo de incrementar o ganho genético e a resposta econômica. Contudo, a resposta produtiva esperada com a seleção pode ser inferior à esperada como consequência da depressão endogâmica, termo definido pela diminuição no valor fenotípico de uma característica devido à decorrência direta da consanguinidade, sobretudo para características de baixa herdabilidade ou reprodutivas e aquelas relacionadas com adaptabilidade (FALCONER & MACKAY, 1996).

O uso da informação genômica para inferir ou corrigir o parentesco consiste em uma alternativa viável para os programas de melhoramento genético, podendo a aplicação da genômica ir além do objetivo de aumentar a acurácia. Portanto, o parentesco estimado a partir das informações genômicas permitirá um melhor delineamento e tomada de decisões nos acasalamentos, sobretudo em situações onde a informação de pedigree ou as possibilidades de acasalamentos são limitadas em rebanhos com animais de alto mérito genético, objetivando-se, desse modo, melhorar geneticamente as características de importância econômica, sem comprometer o ganho genético nas futuras gerações por meio da manutenção da variabilidade genética e um melhor controle da endogamia.

Referências Bibliográficas:

CURIK, I.; SOLKNER, J.; STIPIC, N. Effects of models with finite loci, selection, dominance, epistasis and linkage on inbreeding coefficients based on pedigree and genotypic information. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.119, p.101–115, 2002.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics, 4th edition. Longman, Harlow, Essex, UK, 1996.

FERENCAKOVIC, M.; HANZIC, E.; GREDLER, B.; CURIK, I.; SOLKNER, J. Runs of homozygosity reveal genome-wide autozygosity in the Austrian Fleckvieh cattle. Agriculturae Conspectus Scientificus, v.76, p.325–338. 2011.

KELLER, M.; VISSCHER, P.; GODDARD, M. Quantification of inbreeding due to distance ancestors and its detection using dense SNP data. Genetics, v.189, p.237–249, 2011.

MARRAS, G.; GASPA, G.; SORBOLINI, S.; DIMAURO, C.; AJMONE-MARSAN, P.; VALENTINI, A.; WILLIAMS, J. L.; MACCIOTTA, N. P. Analysis of runs of homozygosity and their relationship with inbreeding in five cattle breeds farmed in Italy. Animal Genetics, v.46, p.110–121, 2014.

PERIPOLLI, E.; MUNARI, D. P.; SILVA, M. V. G. B.; LIMA, A. L. F.; IRGANG, R.; BALDI, F. Runs of homozygosity: current knowledge and applications in livestock. Animal Genetics, v.48, p.255-271, 2016.

SAURA, M.; FERNANDEZ, A.; VARONA, L.; FERNANDEZ, A. I.; de CARA, M. A.; BARRAGAN, C.; VILLANUEVA, B. Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genomewide data. Genetics Selection Evolution, v.47, 1, 2015.

VISSCHER, P. M.; MEDLAND, S. E.; FERREIRA, M. A. R.; MORLEY, K. I.; ZHU, G.; COMES, B. K.; MONTGOMERY, G. W.; MARTIN, N. G. Assumption-free estimation of heritability from genome-wide identity-bydescent sharing between full siblings. PLoS Genetics, v.2, e41, 2006.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. American Naturalist, v.56, p.330–338, 1922.

WOOLLIAMS, J. A.; BERG, P.; DAGNACHEW, B.; MEUWISSEN, T. H. E. Genetic contributions and their optimisation. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.132, p.89-99, 2015.

ZAVAREZ, L. B.; UTSUNOMIYA, Y. T.; CARMO, A. S.; NEVES, H. H.; CARVALHEIRO, R.; FERENCAKOVIC, M.; PEREZ O'BRIEN, A. M.; CURIK, I.; COLE, J. B.; VAN TASSEL, C. P.; SILVA, M. V.; SONSTEGARD, T. S.; SOLKNER, J.; GARCIA, J. F. Assessment of autozygosity in Nellore cows (Bos indicus) through highdensity SNP genotypes. Frontiers in Genetics, v.6, 5, 2015.