

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices
econômicos para a seleção de bovinos leiteiros**

Juliana Petrini

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em
Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e
Pastagens

**Piracicaba
2016**

Juliana Petrini
Engenheira Agrônoma

**Incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices econômicos para
a seleção de bovinos leiteiros**

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

Orientador:
Prof. Dr. **GERSON BARRETO MOURÃO**

Tese apresentada para obtenção do título de Doutora em
Ciências. Área de concentração: Ciência Animal e
Pastagens

Piracicaba
2016

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - DIBD/ESALQ/USP**

Petrini, Juliana

Incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices econômicos para a seleção de bovinos leiteiros / Juliana Petrini. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011. - - Piracicaba, 2016.

133 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Acido graxo 2. Holandesa 3. Índice de seleção 4. Marcador genético I. Título

CDD 636.214
P496i

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor"

DEDICATÓRIA

Dedico

A Deus, pela determinação e paciência sempre necessárias para o alcance dos meus objetivos.

À minha família, meus pais Eloisa e Sérgio, meu irmão Felipe e minha cunhada Carla, pelos conselhos e pelo apoio, amor, amizade e carinho, mas principalmente pelos exemplos de honestidade, persistência, dedicação e respeito ao próximo.

Aos meus amigos, por sempre estarem presentes em minha vida.

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e ao Programa de Pós-Graduação em “Ciência Animal e Pastagens” pela oportunidade de realização do doutorado.

Ao orientador Prof. Dr. Gerson Barreto Mourão, pelos ensinamentos, conselhos, amizade, apoio, paciência, e pela confiança depositada para o desenvolvimento deste trabalho e por sempre me guiar na vida acadêmica.

Ao Prof. Dr. Paulo Fernando Machado, ao Dr. Laerte Dagher Cassoli e à Clínica do Leite (ESALQ-USP) pela concessão dos dados utilizados neste estudo, pela parceria no desenvolvimento da linha de pesquisa em melhoramento genético de bovinos leiteiros, pela confiança depositada e apoio incondicional.

Ao Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho, pela ajuda ao desenvolvimento desta pesquisa, por meio de sugestões, críticas e ensinamentos para a melhoria do trabalho.

Ao Laboratório de Biotecnologia (ESALQ-USP), e especialmente a Ricardo Brassaloti, Nirlei Aparecida Silva e Fábio Pértile pela disponibilidade e pelos ensinamentos, paciência e suporte na extração do material genético e genotipagem, etapas fundamentais na condução deste trabalho.

A CDDR (Cooperative Dairy DNA Repository), representada pelo Dr. Gordon Doak e ao Prof. Dr. Kent Weigel (University of Wisconsin) pela concessão dos genótipos utilizados como referência na análise de imputação e ao Dr. George Wiggans (Animal Genomics and Improvement Laboratory, United States Department of Agriculture) pela realização da análise de imputação e apoio científico.

À banca de qualificação, formada pela Prof.^a Dr.^a Fernanda Marcondes de Rezende (Universidade Federal de Uberlândia), Prof. Dr. Fabyano Fonseca e Silva (Universidade Federal de Viçosa) e Prof. Dr. Luiz Lehmann Coutinho (ESALQ, Universidade de São Paulo) pela disponibilidade e pelos ensinamentos, conselhos, sugestões e críticas que contribuíram para o meu desenvolvimento profissional e para o aperfeiçoamento deste estudo.

Aos colegas do curso de pós-graduação, em especial aos amigos do Grupo de Estudos em Estatística e Melhoramento Animal, Aline Zampar, Amanda Botelho Alvarenga, Eula Carrara, Gilson Silvério da Rocha, Gregori Rovadoscki, João Vitor Teodoro, Johanna Ramírez Diaz, Laiza Helena de Souza Iung, Mary Ana Petersen Rodriguez, Mayara Salvian e Simone Pértile, ao agregado Gerson Oliveira Júnior, e também aos amigos do Laboratório de Biotecnologia, Dênia Attílio, Aline César, Fábio Pértile, Gabriel Costa, Tássia Gonçalves,

Thaís Godoy, Gabriela Borba, Ribamar Nunes e Berna Gimenez, pela amizade, companheirismo, conversas, ajuda nos estudos, apoio no desenvolvimento desta pesquisa, troca de experiências e de conhecimento, mas principalmente por compartilharem os momentos de diversão, descontração, dúvidas, dificuldades e muito trabalho.

Às amigas Mary Ana Petersen Rodriguez, Laiza Helena de Souza Iung e Mayara Salvian pela amizade e parceria no desenvolvimento de estudos em bovinos leiteiros, pelo apoio nas coletas de campo e trabalho em laboratório, cuja ajuda mútua contribuíram para que esta linha de pesquisa, nascida em 2009, hoje seja uma realidade.

Ao amigo Carlos Eduardo Oltramari pela imensurável ajuda com os conceitos relacionados à nutrição animal e formulação de rações.

Aos docentes dos Departamentos de Zootecnia, Genética e Ciências Exatas (ESALQ-USP), pela atenção, ensinamentos e pela preocupação com a formação acadêmica e científica de seus alunos, sempre os incentivando ao constante aprendizado.

Aos funcionários do Departamento de Zootecnia, pela atenção e carinho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq) e à Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo suporte financeiro a este projeto.

À Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de estudos, colaborando para a minha formação acadêmica.

Aos meus amigos, especialmente àqueles que conheci na Gloriosa Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” e com os quais dividi ótimos momentos desde o início da graduação até a finalização do doutorado, que contribuíram para que estes anos fossem inesquecíveis e que, mesmo à distância, continuam me apoiando e torcendo pelo meu sucesso.

À minha família, aos meus pais Eloisa e Sérgio, meu irmão Felipe e minha cunhada Carla, e nossa adorável gatinha de estimação Tininha, pela alegria, exemplo, carinho, apoio, amizade e conselhos nos momentos difíceis, pelo incentivo, pela paciência e principalmente por me ajudarem a manter a serenidade, sensatez e concentração essenciais durante todo o processo.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

EPÍGRAFE

“Todo progresso acontece fora da zona de conforto.”

Michael John Bobak

“A verdadeira viagem de descobrimento não consiste em procurar novas paisagens, mas em ter novos olhos.”

Marcel Proust

“Os pescadores sabem que o mar é perigoso e a tormenta, terrível. Mas este conhecimento não os impede de lançar-se ao mar.”

Van Gogh

SUMÁRIO

| | |
|---|-----|
| RESUMO | 11 |
| ABSTRACT | 13 |
| 1 INTRODUÇÃO..... | 15 |
| Referências | 16 |
| 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA | 19 |
| 2.1 Informações genômicas na seleção genética | 19 |
| 2.1.1 Metodologias estatísticas em seleção genômica..... | 24 |
| 2.1.2 Imputação de genótipos | 31 |
| 2.2 Índices de seleção | 33 |
| 2.2.1 Derivação de valores econômicos | 36 |
| Referências | 39 |
| 3 AVALIAÇÃO QUANTITATIVA-GENÔMICA DE BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA HOLANDESA PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO, REPRODUÇÃO E QUALIDADE DO LEITE..... | 51 |
| Resumo | 51 |
| Abstract..... | 52 |
| 3.1 Introdução | 52 |
| 3.2 Material e Métodos | 54 |
| 3.2.1 Animais e Dados..... | 54 |
| 3.2.2 Genótipos..... | 59 |
| 3.2.3 Estimação dos componentes de covariância..... | 62 |
| 3.2.4 Predição dos valores genéticos | 64 |
| 3.3 Resultados e Discussão | 65 |
| 3.3.1 Parâmetros genéticos | 65 |
| 3.3.2 Valores genéticos preditos e acurácia..... | 80 |
| 3.3.3 Ganho genético e tendência genética..... | 85 |
| 3.4 Conclusões | 91 |
| Referências | 92 |
| 4 INCLUSÃO DE INFORMAÇÕES GENÔMICAS NO DESENVOLVIMENTO DE ÍNDICES ECONÔMICOS PARA A SELEÇÃO DE BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA HOLANDESA..... | 101 |
| Resumo | 101 |

| | |
|--|-----|
| Abstract | 102 |
| 4.1 Introdução | 102 |
| 4.2 Material e Métodos | 104 |
| 4.2.1 Sistema de produção | 104 |
| 4.2.2 Descrição dos dados..... | 105 |
| 4.2.3 Índices econômicos | 111 |
| 4.2.4 Componentes de (co)variâncias e valores genéticos..... | 112 |
| 4.2.5 Derivação dos valores econômicos | 116 |
| 4.2.6 Resposta à seleção..... | 122 |
| 4.3 Resultados e Discussão | 123 |
| 4.4 Conclusões | 128 |
| Referências..... | 129 |

RESUMO

Incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices econômicos para a seleção de bovinos leiteiros

A eficiência econômica da bovinocultura leiteira está relacionada à utilização de animais que apresentem, concomitantemente, bom desempenho quanto à produção, reprodução, saúde e longevidade. Nisto, o índice de seleção configura-se como ferramenta importante ao aumento da lucratividade nesse sistema, visto que permite a seleção de reprodutores para várias características simultaneamente, considerando a relação entre elas bem como a relevância econômica das mesmas. Com a recente disponibilidade de dados genômicos tornou-se ainda possível expandir a abrangência e acurácia dos índices de seleção por meio do aumento do número e qualidade das informações consideradas. Nesse contexto, dois estudos foram desenvolvidos. No primeiro, o objetivo foi estimar parâmetros genéticos e valores genéticos (VG) para características relacionadas à produção e qualidade do leite incluindo-se a informação genômica na avaliação genética. Foram utilizadas medidas de idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose, caseína, escore de células somáticas (ECS) e perfil de ácidos graxos de 4.218 vacas bem como os genótipos de 755 vacas para 57.368 polimorfismos de nucleotídeo único (SNP). Os componentes de variância e VG foram obtidos por meio de um modelo misto animal, incluindo-se os efeitos de grupos de contemporâneas, ordem de lactação, dias em lactação e os efeitos aditivo genético, ambiente permanente e residual. Duas abordagens foram desenvolvidas: uma tradicional, na qual a matriz de relacionamentos é baseada no pedigree; e uma genômica, na qual esta matriz é construída combinando-se a informação de pedigree e dos SNP. As herdabilidades variaram de 0,07 a 0,39. As correlações genéticas entre PROD e os componentes do leite variaram entre -0,45 e -0,13 enquanto correlações altas e positivas foram estimadas entre GOR e os ácidos graxos. O uso da abordagem genômica não alterou as estimativas de parâmetros genéticos; contudo, houve aumento entre 1,5% e 6,8% na acurácia dos VG, à exceção de IPP, para a qual houve uma redução de 1,9%. No segundo estudo, o objetivo foi incorporar a informação genômica no desenvolvimento de índices econômicos de seleção. Neste, os VG para PROD, GOR, PROT, teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), ECS e vida produtiva foram combinados em índices de seleção ponderados por valores econômicos estimados sob três cenários de pagamento: exclusivamente por volume de leite (PAG1); por volume e por componentes do leite (PAG2); por volume e componentes do leite incluindo INSAT (PAG3). Esses VG foram preditos a partir de fenótipos de 4.293 vacas e genótipos de 755 animais em um modelo multi-característica sob as abordagens tradicional e genômica. O uso da informação genômica influenciou os componentes de variância, VG e a resposta à seleção. Entretanto, as correlações de ranking entre as abordagens foram altas nos três cenários, com valores entre 0,91 e 0,99. Diferenças foram principalmente observadas entre PAG1 e os demais cenários, com correlações entre 0,67 e 0,88. A importância relativa das características e o perfil dos melhores animais foram sensíveis ao cenário de remuneração considerado. Assim, verificou-se como essencial a consideração dos valores econômicos das características na avaliação genética e decisões de seleção.

Palavras-chave: Ácido graxo; Holandês; Índice de seleção; Marcador genético

ABSTRACT

Incorporation of genomic information in the development of economic indices for dairy cattle selection

The economic efficiency in dairy cattle is related to the use of animals with good performance in production, reproduction, health and longevity. This way, the selection index can be an important tool to increase profitability in this system, since it allows sire selection for multiple traits simultaneously, considering the relationship between them and their economic relevance for the activity. Also, the recent availability of genomic data has permitted to expand the coverage and accuracy of selection indexes by increasing the number and quality of the information considered. In this context, two studies were developed. In the first, the aim was to estimate genetic parameters and breeding values (BV) for milk production and quality traits, including the genomic information in genetic evaluation. Measures of age at first calving (AFC), milk yield (MY), somatic cells score (SCS) and percentages of fat (FP), protein (PP), lactose, casein, and fatty acids in milk of 4,218 cows as well as the genotypes of 755 of these cows for 57,368 single nucleotide polymorphisms (SNPs) were used. The variance components and BV were estimated from a mixed animal model which included the effects of contemporary groups, lactation order, days in lactation, and the additive genetic, permanent environmental and residual effects. Two approaches were developed: a traditional approach, in which the relationship matrix is based on pedigree information; and a genomic approach, in which the matrix is constructed by combining the pedigree and SNP information. The heritabilities ranged from 0.07 to 0.39. Genetic correlations between MY and milk components were between -0.45 and -0.13 whereas high and positive correlations were estimated between FP and fatty acids. The use of the genomic approach did not change genetic parameter estimates; however, there was an increase between 1.5% and 6.8% in BV accuracy; except for AFC, for which a reduction of 1.9% was observed. In the second study, the aim was to incorporate genomic information in the development of economic indexes for sire selection. In this, the BV for MY, FP, PP, total unsaturated fatty acids content (UFA), SCS and herd life were combined in selection indexes weighted by economic values estimated under three payment scenarios: exclusively by milk volume (PAY1); by milk volume and milk components (PAY2); and by milk volume and milk components including UFA (PAY3). These BV were predicted by using phenotypes of 4,293 cows and genotypes of 755 animals in a multi-trait model under traditional and genomic approaches. The use of genomic information influenced the estimates of variance component, BV and response to selection. However, the rank correlations between the approaches were high in all scenarios, with values between 0.91 and 0.99. Differences were mainly observed among PAY1 and the other scenarios, with correlations between 0.67 and 0.88. The relative importance of the traits and the profile of the best animals were sensitive to the scenario considered. Thus, it is essential to consider the economic values of the traits in genetic evaluation and selection decisions.

Keywords: Fatty acid; Genetic marker; Holstein; Selection index

1 INTRODUÇÃO

Apesar de o Brasil figurar no cenário internacional como quarto maior produtor de leite, com 33,350 milhões de toneladas produzidas em 2014, a pecuária leiteira brasileira ainda apresenta baixa eficiência, evidenciada pela produtividade de apenas 1,61 toneladas por animal, número inferior ao obtido por países de tradição no setor como Estados Unidos e China, com valores de 10,10 e 4,13 toneladas por vaca, respectivamente (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE – USDA, 2015). Dessa forma, se faz necessária a adoção de medidas que visem o aumento da eficiência produtiva da bovinocultura leiteira nacional. Dada a diversidade de fatores que afetam essa eficiência, o emprego do índice de seleção na avaliação genética de reprodutores apresenta-se como uma estratégia adequada a este objetivo.

Proposto por Hazel (1943), o índice de seleção pode ser compreendido como a predição do valor genético de um indivíduo para o mérito econômico total, o qual é oriundo da combinação de fatores de ponderação econômicos e informações genéticas de características associadas a determinados objetivos de seleção (BOURDON, 2000; SHOOK, 2006). O emprego do índice de seleção em melhoramento genético visa, portanto, o ganho genético máximo e simultâneo em características variáveis quanto à importância, correlação e influência genética e ambiental.

Ganhos genéticos por meio desta estratégia de seleção foram reportados em populações de suínos (HARRIS, 1998; STEWART et al., 1990), bovinos de corte (ENNS; NICOLL, 2008; KOCH; CUNDIFF; GREGORY, 1994; MACNEIL, 2003; MACNEIL; NORTHCUTT, 2008) e bovinos de leite (HARRIS; NEWMAN, 1994; SHOOK, 2006). Recentemente, com o desenvolvimento de tecnologias de genotipagem em larga escala, tem-se a possibilidade de expandir a abrangência, acurácia e aplicação dos índices de seleção por meio da inclusão de características de baixa herdabilidade e mensuração difícil ou tardia, da melhoria da qualidade das informações referentes aos relacionamentos genéticos, e da identificação de marcadores genéticos associados a estes índices e conseqüentemente, vinculados à eficiência econômica.

A incorporação de informações de *loci* individuais na avaliação genética por meio do índice de seleção foi primeiramente apresentada por Neimann-Sorensen e Robertson (1961) e Smith (1967), sendo expandida por Lande e Thompson (1990). Contudo, os trabalhos envolvendo a incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices de seleção restringem-se ao uso destes na combinação linear e ponderação das diversas fontes de

informação genética na obtenção de valores genômicos para determinadas características (BÖRNER; TEUSCHER; REINSCH, 2012; DEKKERS, 2007; SU et al., 2012). Assim sendo, são escassos os estudos que utilizam ferramentas moleculares na construção de índices econômicos, visando à seleção genômica de reprodutores para eficiência econômica.

Diante disso, com o objetivo de contribuir para o aumento da eficiência econômica e produtiva de rebanhos leiteiros por meio do melhoramento genético, nesta tese propôs-se:

(i) Quantificar a influência genética sobre a variação observada em características de interesse econômico bem como determinar o grau de relacionamento genético entre elas;

(ii) Desenvolver índices econômicos para a seleção de bovinos leiteiros a partir de informações fenotípicas e genotípicas associadas a características de produção, reprodução e qualidade do leite.

Referências

BÖRNER, V.; TEUSCHER, F.; REINSCH, N. Optimum multistage genomic selection in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, n. 4, p. 2097-2107, 2012.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. New Jersey: Prentice-Hall, 2000. 538 p.

DEKKERS, J.C.M. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 124, n. 6, p. 331-341, 2007.

ENNS, R.M.; NICOLL, G.B. Genetic change results from selection on an economic breeding objective in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 86, p. 3348-3357, 2008.

HARRIS, D.L. Livestock improvement: art, science, or industry? **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 76, p. 2294-2302, 1998.

HARRIS, D.L.; NEWMAN, S. Breeding for profit: synergism between genetic improvement and livestock production (a review). **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 72, p. 2178-2200, 1994.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Bethesda, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

KOCH, R.M.; CUNDIFF, L.V.; GREGORY, K.E. Cumulative selection and genetic change for weaning or yearling weight or for yearling weight plus muscle score in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 72, p. 864-885, 1994.

LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, Bethesda, v. 124, n. 3, p. 743-756, 1990.

MacNEIL, M.D. Genetic evaluation of an index of birth weight and yearling weight to improve efficiency of beef production. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 81, p. 2425–2433, 2003.

MacNEIL, M.D.; NORTH CUTT, S.L. National cattle evaluation system for combined analysis of carcass characteristics and indicator traits recorded using ultrasound in Angus cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 86, n. 2518–2524, 2008.

NEIMANN-SØRENSEN, A.; ROBERSON, A. The association between blood groups and several production characters in three Danish cattle breeds. **Acta Agriculturae Scandinavica**, Oslo, v. 11, p. 163-196, 1961.

SHOOK, G.E. Major advances in determining appropriate selection goals. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 1349-1361, 2006.

SMITH, C. Improvement in metric traits through specific genetic loci. **Animal Production**, Cambridge, v. 9, p. 349-358, 1967.

STEWART, T.S.; BACHE, D.H.; HARRIS, D.L.; EINSTEIN, M.E.; LOFGREN, D.L.; SCHINCKEL, A.P. A bioeconomic profit function for swine production: application to developing optimal multitrait selection indexes. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 107, p. 340-350, 1990.

SU, G.; MADSEN, P.; NIELSEN, U.S.; MÄNTYSAARI, E.A.; AAMAND, G.P.; CHRISTENSEN, O.F.; LUND, M.S. Genomic prediction for Nordic Red Cattle using one-step and selection index blending. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, n. 2, p. 909-917, 2012.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE – USDA. Disponível em: <www.usda.gov>. Acesso em: 15 mar. 2015.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Informações genômicas na seleção genética

A ideia do uso de marcadores genéticos no melhoramento animal foi primeiramente apresentada por Smith (1967). No entanto, os primeiros marcadores genéticos, os grupos sanguíneos, tornaram-se disponíveis ainda na década de 50, como os associados à porcentagem de gordura do leite no estudo de Rendel (1961). O uso destes bem como dos marcadores genéticos desenvolvidos posteriormente, como os microssatélites e polimorfismos de nucleotídeo único (*single nucleotide polymorphism*, SNP), objetivava inicialmente a identificação de regiões genômicas de grande efeito sobre a variação genética de características quantitativas. A partir de tal abordagem, denominada como mapeamento de QTL (*quantitative trait loci*) (SOLLER; PLOTKIN-HAZAN, 1977; SOLLER, 1978), foram identificados genes ligados a doenças e ao desempenho do animal, como o BLAD (SHUSTER et al., 1992), DUMPS (SCHWENGER; SCHOBER; SIMON, 1993), DGAT1 (GRISART et al., 2004), GRH (BLOTT et al., 2003) e SCD1 (TANIGUCHI et al., 2004).

Com os resultados advindos das análises de mapeamento de QTL foi também implantada a seleção assistida por marcadores (SAM), na qual os marcadores genéticos eram empregados na seleção indireta para alelos específicos (VAN EENENNAAM et al., 2014). Apesar de promissora, não houve aumento significativo na resposta à seleção por meio da SAM visto que a maioria das regiões genômicas identificadas respondiam por uma pequena fração da variabilidade genética e estavam frequentemente associadas a características de alta herdabilidade e de fácil mensuração fenotípica, para as quais a seleção convencional era eficiente (DEKKERS, 2004). Adicionalmente, era comum a não validação dos efeitos de marcadores em populações independentes devido às altas taxas de falsa descoberta ou a ausência de desequilíbrio de ligação entre o marcador e o QTL nestas populações (GODDARD; HAYES, 2009). Além disso, a realização de múltiplos testes de significância juntamente à adoção de limites de significância rigorosos ocasionavam a superestimação dos efeitos dos marcadores (BEAVIS, 1998) enquanto impossibilitavam a identificação de marcadores de menor efeito (LANDE; THOMPSON, 1990). Por fim, o custo requerido para o mapeamento de QTL era considerável, limitando a expansão desta tecnologia (DEKKERS, 2004).

Sugerida em Nejati-Javaremi, Smith e Gibson (1997) e Haley e Visscher (1998) e posteriormente desenvolvida em Meuwissen, Hayes e Goddard (2001), a seleção genômica

tornou-se somente viável a partir do desenvolvimento das plataformas de genotipagem contendo milhares de SNP. A lógica da seleção genômica é a predição do valor genético genômico (GEBV) como a soma dos efeitos dos marcadores genéticos, selecionando-se o indivíduo com base no seu genótipo. A estimação dos efeitos dos marcadores é realizada por meio de uma análise de associação, empregando-se dados fenotípicos e genotípicos de uma população denominada como treinamento ou referência. A equação de predição desenvolvida nesta análise é posteriormente aplicada na obtenção do mérito genético de um grupo de candidatos à seleção, uma população alvo, na qual apenas os genótipos estão disponíveis. Conforme os fenótipos da população alvo são coletados, a equação de predição é atualizada, de maneira a se manter a acurácia (Figura 1). De forma que toda a variância genética potencialmente associada aos marcadores seja capturada, na seleção genômica não é necessário que o efeito do marcador exceda um limiar de significância para a sua inclusão na equação de predição (VAN EENENNAAM et al., 2014). Adicionalmente, a possibilidade da estimação conjunta dos efeitos dos marcadores genéticos como efeitos aleatórios evita a superestimação destes efeitos que, combinados, produzirão os GEBV (TAYLOR, 2014).

A acurácia na seleção genômica é basicamente oriunda de marcadores genéticos que capturam os relacionamentos aditivos entre os indivíduos e de marcadores em desequilíbrio de ligação com QTL (DAETWYLER et al., 2012; HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007). A acurácia devida aos relacionamentos aditivos é menos persistente comparativamente àquela resultante do desequilíbrio de ligação (de ROOS; HAYES; GODDARD, 2009), reduzindo 50% a cada meiose (WOLC et al., 2011). Esta redução é ainda agravada com o aumento da distância genética entre as populações de treinamento e de seleção (VAN EENENNAAM et al., 2014). A acurácia de seleção é também dependente da densidade de marcadores genéticos, tamanho da população de treinamento, estrutura genética da característica bem como do modelo e metodologia utilizados (HILL, 2014).

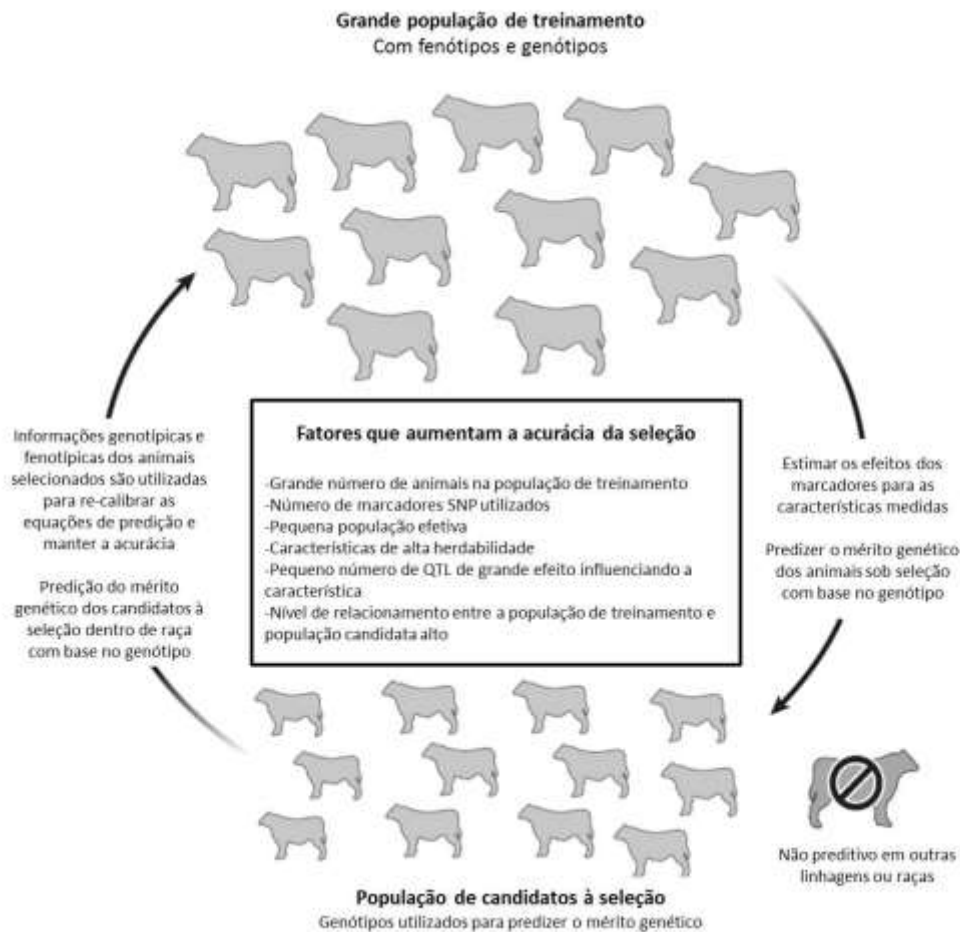


Figura 1. Esquema de aplicação da seleção genômica. Inicialmente, os fenótipos e genótipos de um grande número de indivíduos, denominados como população de treinamento, são utilizados na derivação da equação de predição. Esta equação pode ser posteriormente utilizada na obtenção do valor genético genômico de animais sem fenótipos, baseando-se a seleção somente em seus genótipos. Abreviações: QTL: *quantitative trait loci*, SNP: *single nucleotide polymorphism* (Adaptado de VAN EENENNAAM et al., 2014).

Comparativamente à avaliação genética tradicional, a avaliação genômica tem sido geralmente associada a valores genéticos de maior acurácia, principalmente quando animais jovens são considerados. Em VanRaden et al. (2009), a partir de uma população de referência formada por 3.576 touros da raça Holandesa genotipados para 40.426 SNP, foram obtidas acurácias entre 14 e 33% por meio da avaliação tradicional de 27 características e entre 33 e 78% na predição genômica, considerando-se uma população de validação composta por 1.759 touros. Similarmente, Wiggans, VanRaden e Cooper (2011) estimaram ganhos em acurácia entre 17,0 e 47,6% para as características de produção de leite, produção de gordura e proteína, teor de gordura e proteína, vida produtiva, escore de células somáticas e taxa de prenhez, com a inclusão dos efeitos dos SNP na avaliação genética de touros jovens da raça

Holandesa. De acordo com VanRaden et al. (2009) a informação proveniente do genótipo de um touro jovem para uma característica de alta herdabilidade como produção de proteína ($h^2 = 0,30$) corresponde à informação oriunda de 15 filhas enquanto para uma característica de baixa herdabilidade como taxa de prenhez ($h^2 = 0,04$), esta equivale a 67 filhas mensuradas. Comparativamente, a informação de pedigree equivale aos dados de seis e 32 filhas mensuradas para características de alta e baixa herdabilidade, respectivamente. Em média, a contribuição da informação genômica equivale a 11 filhas a mais que a informação de pedigree (VANRADEN et al., 2009).

A adoção de avaliações genômicas em programas de melhoramento genético é dependente da disponibilidade de uma grande população de referência bem como do interesse da indústria e produtores locais (PRYCE; DAETWYLER, 2012). A predição de valores genéticos genômicos em avaliações nacionais teve início ainda no ano de 2008 em países como Estados Unidos, Canadá, Dinamarca, Suécia, Finlândia e Nova Zelândia, sendo posteriormente implantada na Irlanda e França em 2009, Alemanha e Holanda em 2010 e Austrália em 2011, com acurácias entre 0,43 e 0,72 (PRYCE; DAETWYLER, 2012). Atualmente, os Estados Unidos consideram cerca de 538.000 animais com genótipos na avaliação genética a uma média de 18.000 animais genotipados adicionados mensalmente (WIGGANS et al., 2014). Uma fração desses países tem utilizado touros entre 14 e 20 meses de idade na reprodução e, na totalidade deles, aproximadamente metade dos 20 melhores touros não possuem filhas em produção, tendo sido apenas avaliados por seus genótipos. A participação de touros genomicamente testados no mercado tem variado entre 25 e 50% e na França, por exemplo, testes de progênie não são mais efetuados (PRYCE; DAETWYLER, 2012). Dessa forma, torna-se possível a redução do intervalo de gerações de touros utilizados na produção de novilhas de 72 para somente 30 meses, de touros como pais de touros de 63 para 21 meses, e de vacas utilizadas como mães de touros de 38 para 22 meses (VAN EENENNAAM et al., 2014). Por meio da avaliação genômica permite-se também o abate precoce de fêmeas geneticamente inferiores, reduzindo-se assim os custos associados à criação de novilhas (WEIGEL et al., 2012).

Além do ganho em acurácia, com a consequente redução no intervalo de gerações, a seleção genômica possibilita a antecipação da seleção para características medidas tardiamente nos animais bem como facilita a avaliação de características de difícil ou cara mensuração (SILVA et al., 2014). Por meio da informação dos genótipos possibilita-se também a melhoria da estimação do efeito da amostragem Mendeliana, reduzindo-se assim a seleção conjunta de parentes e, consequentemente, a endogamia (PRYCE; DAETWYLER,

2012). Os SNP podem ainda ser utilizados para a correção de erros de pedigree (SILVA et al., 2014).

A substituição integral dos testes de progênie pela avaliação genômica parece inevitável. Contudo, um risco desta mudança é a redução da população de referência, visto que apenas uma pequena parcela de touros será amplamente utilizada na reprodução (PRYCE; DAETWYLER, 2012). Objetivando-se evitar tal redução com a consequente perda em acurácia, esforços têm sido realizados para o constante aumento do tamanho das populações de referência. Dentre as estratégias estão o compartilhamento de genótipos entre países (HAILE-MARIAM et al., 2015; WIGGANS et al., 2015) e a genotipagem de vacas (PRYCE; DAETWYLER, 2012). Nos Estados Unidos, o número de fêmeas genotipadas mensalmente cresceu de 1.800 em 2010 para 12.650 em 2013, correspondendo a 74% dos genótipos recebidos (COOPER; WIGGANS; VANRADEN, 2014). Similarmente, na Austrália, a inclusão dos genótipos de 10.000 vacas da raça Holandesa a uma população de referência formada por 3.000 touros ocasionou ganhos em acurácia entre 4 e 8% em uma população de validação formada por 437 touros (PRYCE; HAYES; GODDARD, 2012). Por sua vez, o uso de uma população de referência formada por 4.200 vacas e 1.000 touros da raça Jersey foi associado a acurácias próximas às obtidas por meio do uso exclusivo dos touros para a estimação dos efeitos dos marcadores genéticos. A exceção foi a característica de fertilidade, cuja acurácia foi 0,16 maior considerando-se o primeiro grupo de animais (NIEUWHOF et al., 2012). A inclusão de vacas na avaliação genética requer, no entanto, cuidados quanto a um possível tratamento preferencial, geralmente dado a animais de elite (PRYCE; DAETWYLER, 2012).

De acordo com Stock e Reents (2013), o sucesso da seleção genômica ao longo prazo é dependente do desenvolvimento de ferramentas de monitoramento e gerenciamento da variação genética bem como de metodologias estatísticas que contabilizem a intensa pré-seleção de indivíduos e a resultante violação da pressuposição de normalidade nos modelos de predição. Além disso, será importante o engajamento quanto à amostragem de indivíduos para a coleta de fenótipos conforme os testes de progênie forem abandonados. Para os produtores, as tecnologias de genotipagem serão principalmente úteis para a otimização do planejamento de cruzamentos e escolha dos animais para reposição.

2.1.1 Metodologias estatísticas em seleção genômica

Diversas metodologias têm sido propostas para a estimação dos efeitos de marcadores genéticos e predição dos valores genéticos genômicos. A principal diferença entre tais abordagens é a hipótese acerca da distribuição do efeito dos marcadores, a qual irá refletir a distribuição dos efeitos dos QTL e o desequilíbrio de ligação entre os marcadores genéticos (no caso, os SNP) e os QTL (VAN EENENNAAM et al., 2014). Esses métodos podem ser divididos em duas categorias principais, sendo a primeira formada por métodos que regridem os dados fenotípicos sobre os marcadores genéticos diretamente; e a segunda composta por metodologias que predizem os valores genômicos como uma função do relacionamento genômico empregando uma estrutura de covariância entre os indivíduos (de los CAMPOS et al., 2009). O primeiro grupo de metodologias inclui as abordagens de regressão Bayesiana como BayesA, BayesB (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001), e o LASSO Bayesiano (*Bayesian least absolute shrinkage operator*; de los CAMPOS et al., 2009, PARK; CASELLA, 2008), enquanto o segundo grupo engloba abordagens que constroem uma matriz de relacionamentos a partir dos marcadores genéticos, como os métodos BLUP genômico (GBLUP; VANRADEN et al., 2009) e o BLUP genômico em *single-step* (ssGBLUP; MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009).

2.1.1.1 RR-BLUP e GBLUP

A regressão aleatória (*random regression*, RR-BLUP) foi um dos primeiros métodos propostos à seleção genômica. Nesta, a estimativa do efeito de cada marcador é obtida pela regressão dos fenótipos sobre os genótipos desses marcadores, assumindo-se tais efeitos como aleatórios e distribuídos normalmente com média zero e variância comum a todos os efeitos. A hipótese de variâncias iguais dos efeitos dos marcadores permite a eficiente estimação dos parâmetros do RR-BLUP por meio de métodos de máxima verossimilhança (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001). Contudo, tal característica pode ocasionar em encolhimento excessivo de marcadores com grandes efeitos e, portanto, subestimar a influência destes sobre o fenótipo estudado (HEFFNER; SORRELLS; JANNINK, 2009). Comparativamente ao método de mínimos quadrados e a abordagens de seleção de variáveis, o RR-BLUP tem se apresentado como mais adequado à seleção genômica, visto que possui estabilidade na presença de marcadores altamente correlacionados, permite a inclusão de um número maior de marcadores genéticos comparativamente ao volume de fenótipos, e estima

simultaneamente os efeitos para todos os marcadores, evitando a seleção e um possível viés advindo desta (ENDELMAN, 2011; WHITTAKER; THOMPSON; DENHAM, 2000).

Por sua vez, na melhor predição linear não-viesada genômica (GBLUP) os SNP são utilizados na estimação do grau de relacionamento entre indivíduos, explorando-se o desequilíbrio de ligação e os relacionamentos genético-aditivos (HABIER; FERNANDO; GARRICK, 2013) para a predição do mérito genético de um indivíduo. Trata-se, portanto, de um modelo aditivo infinitesimal no qual a matriz de relacionamentos baseada no pedigree é substituída por uma matriz derivada dos marcadores genéticos, denominada de matriz genômica (de los CAMPOS et al., 2013; VANRADEN et al., 2009). Dessa forma, a covariância entre indivíduos fundamenta-se na similaridade observada ao nível genômico em substituição à similaridade esperada por meio do pedigree, de forma que predições mais acuradas do mérito genético sejam obtidas (CLARK; van der WERF, 2013). Equivalente ao RR-BLUP, no GBLUP os efeitos dos marcadores genéticos são igualmente considerados como normalmente distribuídos à variância constante.

Considerado como um método simples, de baixa exigência computacional e desempenho similar a metodologias de seleção de variáveis para a maioria das características (HAYES et al., 2009b; VANRADEN et al.; 2009), o GBLUP é uma abordagem popular na seleção genômica (DING et al., 2013; HABIER et al. 2010, 2011; HAYES et al., 2009a; JIMÉNEZ-MONTERO; GONZÁLEZ-RECIO; ALENDA, 2013; PRYCE et al., 2012; SU et al., 2012a). As acurácias de predição de tal método tem sido similares e, ocasionalmente superiores às obtidas por BayesA, BayesB e demais metodologias Bayesianas (HABIER et al. 2010, 2011; JIMÉNEZ-MONTERO; GONZÁLEZ-RECIO; ALENDA, 2013). Isto se deve, provavelmente, à melhor captura dos relacionamentos entre os indivíduos nesse método, de forma que a acurácia de seleção não se apoia exclusivamente sobre o desequilíbrio de ligação (HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007, HABIER et al., 2010, 2011; VILLANUEVA et al., 2005). Contudo, com desequilíbrio baixo, a qualidade da predição se reduzirá rapidamente conforme os relacionamentos entre os animais diminuem (CLARK et al., 2012; HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007; HAYES; VISSCHER; GODDARD, 2009).

Por se tratarem de generalizações dos modelos mistos de Henderson (HENDERSON, 1984), estes métodos para análise genômica são associados à facilidade teórica e de aplicação em estudos de melhoramento genético. O método GBLUP, por exemplo, pode ser empregado juntamente a modelos de limiar, regressão aleatória e modelos de sobrevivência, ampliando a sua atuação a dados categóricos, medidas repetidas e dados censurados assimétricos (SILVA, 2013). O GBLUP é também uma abordagem atrativa quanto à avaliação do seu desempenho

na seleção genômica, visto que as acurácias dos valores genômicos podem ser calculadas similarmente ao realizado na análise tradicional, na qual as acurácias esperadas são calculadas diretamente dos coeficientes da diagonal da matriz inversa das equações de modelo misto (HAYES et al., 2009a).

2.1.1.2 *single-step* GBLUP

Uma modificação ao BLUP no contexto genômico foi proposta simultaneamente por Aguilar et al. (2010), Christensen e Lund (2010), Legarra, Aguilar e Misztal (2009) e Misztal, Legarra e Aguilar (2009). Nesta, a matriz de relacionamentos baseada no pedigree (**A**) é combinada com a matriz genômica (**G**) formando uma matriz única denominada de **H** (LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009). Esse método baseia-se na propriedade de que, em um dado *locus*, a covariância da frequência alélica ($g = \{0, 1/2, 1\}$) para o *i*-ésimo alelo de dois indivíduos *j* e *k* é descrita pela expressão $Cov(g_{ij}, g_{ik}) = \theta_{jk} p_i (1-p_i)$ (COCKERHAM, 1969), com θ_{jk} sendo a co-ancestralidade dos dois indivíduos (LEGARRA; DUCROCQ, 2012). Assim, é possível que os genótipos não observados de um determinado indivíduo sejam modelados por meio da matriz de relacionamentos baseada no pedigree (CHRISTENSEN; LUND, 2010, GENGLER; MAYERES; SZYDLOWSKI, 2007). Em **H**, a informação genotípica se propaga nos relacionamentos dos indivíduos não genotipados por meio de uma regressão linear que, implicitamente, prediz os genótipos não observados como combinações lineares dos genótipos observados, com os coeficientes de regressão derivados dos relacionamentos oriundos do pedigree (de los CAMPOS et al., 2013).

O emprego deste método foi reportado em estudos envolvendo seleção genômica em frangos (CHEN et al., 2011), suínos (FORNI; AGUILAR; MISZTAL, 2011) e bovinos de leite (AGUILAR et al., 2011, 2011; TSURUTA et al., 2011).

2.1.1.3 Regressões Bayesianas

Em inferência Bayesiana a modelagem é realizada em dois níveis: ao nível dos dados, por meio da função de verossimilhança, considerando-se, no entanto, variâncias específicas aos segmentos dos cromossomos; e ao nível destas variâncias. Posteriormente, a estimação é efetuada a partir da combinação da informação *a priori* das variâncias e da informação proveniente dos dados (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001). No método BayesA, assume-se o que muitos SNP possivelmente possuem efeitos individuais pequenos sobre a

característica e que apenas alguns destes polimorfismos possuem efeitos de moderados a altos, isto é, considera-se que a variância dos efeitos aditivos genéticos é variável entre os SNP (HAYES et al., 2009b). O desempenho do BayesA na seleção genômica, avaliado principalmente quanto à acurácia de seleção, tem sido similar ou ligeiramente superior às demais metodologias utilizadas visando esse objetivo (HABIER et al., 2011; HAYES et al., 2009b; JIMÉNEZ-MONTERO; GONZÁLEZ-RECIO; ALENDA, 2013). Especificamente entre BayesA e GBLUP, maiores acurácias têm sido estimadas para o primeiro em populações de referência multirraciais, visto que nestas são favorecidos polimorfismos em alto desequilíbrio de ligação com o QTL e, conseqüentemente, associados a efeitos de moderados a altos (HAYES et al., 2009a; PRYCE et al., 2011). No entanto, comparativamente às demais metodologias bayesianas, BayesA geralmente apresenta resultados inferiores na análise de características influenciadas por poucos SNP de grande efeito (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001). BayesA ajusta todos os SNP, efetuando o encolhimento dos polimorfismos apenas por meio das variâncias específicas dos *loci*. Portanto, ao contrário dos demais métodos, os efeitos dos SNP não são inteiramente iguais à zero. Dessa forma, mesmo para polimorfismos com verdadeiro efeito nulo são estimados pequenos efeitos, adicionando-se ruído aos valores genômicos preditos (HABIER et al., 2011). Adicionalmente, o ajuste de todos os SNP no método BayesA acarreta em maior exigência computacional (HABIER et al., 2011).

Também proposto por Meuwissen, Hayes e Goddard (2001), o método BayesB pressupõe que uma fração dos marcadores apresenta variação nula (não segrega) enquanto uma menor fração possui variância genética aditiva. Nisto, e contrariamente ao método BayesA em que variância específica de cada marcador igual a zero é infinitesimal; as distribuições *a priori* das variâncias serão igual a zero com probabilidade π ou associadas a uma distribuição qui-quadrado invertida escalonada com probabilidade $(1-\pi)$, em que π depende da taxa de mutação do gene. Pode-se considerar, portanto, BayesA como um caso especial de BayesB com π igual a zero (FERNANDO; GARRICK, 2013).

Os métodos BayesA e BayesB (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001) têm sido amplamente abordados em estudos de melhoramento animal (DING et al., 2013; JIMÉNEZ-MONTERO; GONZÁLEZ-RECIO; ALENDA, 2013; PRYCE et al., 2011; ZHONG et al., 2009), dado à adequação desses procedimentos a estruturas de dados nas quais o número de marcadores excede o número de observações; à consideração da incerteza sobre os parâmetros desconhecidos do modelo, além de se constituírem como uma progressão lógica do tradicional BLUP para especificações mais complexas dentro da avaliação genética. Entretanto, apesar de

tais vantagens, esses métodos apresentam problemas relativos às distribuições *a priori* dos efeitos dos marcadores. *A priori*, o efeito do polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) é zero com probabilidade π , e normalmente distribuído com média zero e variância específica do *locus* com probabilidade $(1-\pi)$. Esta variância específica possui como *priori* uma distribuição qui-quadrado invertida escalonada caracterizada por seus graus de liberdade (ν) e um parâmetro de escala (S) (HABIER et al., 2011). Gianola et al. (2009) demonstraram que a distribuição condicional completa *a posteriori* da variância específica do *locus* apresenta apenas um grau de liberdade adicional comparativamente à *priori*, independentemente do montante de dados genotípicos e fenotípicos considerados. Dessa forma, os métodos BayesA e BayesB (MEUWISSEN; HAYES; GODDARD, 2001) não permitem o aprendizado Bayesiano sobre as variâncias dos marcadores, dado que a extensão do encolhimento (*shrinkage*) dos efeitos desses marcadores será fortemente influenciada pela *priori*, anulando o objetivo da introdução de tais variâncias no modelo. Portanto, as magnitudes das estimativas dos efeitos dos marcadores serão dependentes dos graus de liberdade e do parâmetro de escala definidos na distribuição *a priori* (GIANOLA et al., 2009).

Adicionalmente, segundo Gianola et al. (2009), o método BayesB não está apropriadamente formulado em um contexto Bayesiano, visto que a adoção *a priori* da variância igual a zero não necessariamente significa que o parâmetro assume o valor zero. Tal variância implica em determinismo acerca do efeito, i.e., o parâmetro pode assumir qualquer valor sendo, no entanto, este conhecido com certeza. Nesse contexto, uma especificação adequada seria estabelecer o estado zero ao nível dos efeitos e não ao nível das variâncias (GIANOLA et al., 2009).

Visando corrigir os inconvenientes associados ao BayesA e BayesB, foram propostos os métodos BayesC e BayesD (HABIER et al., 2011). No primeiro, uma variância única e comum é adotada para os efeitos dos polimorfismos em substituição da variância específica do *locus*, de forma a se reduzir a influência do parâmetro de escala S . Por sua vez, no segundo método esse parâmetro de escala é considerado desconhecido, possuindo sua própria *priori*. Os métodos BayesC π e BayesD π são adaptações dos anteriores, diferenciando-se por assumirem a probabilidade π como desconhecida, sendo esta inferida dos dados, visto que π também afeta o encolhimento dos efeitos dos polimorfismos (HABIER et al., 2011). No método BayesA, π é igual à zero, indicando que todos os SNP possuem efeito diferente de zero; enquanto no BayesB, π é maior que zero, acomodando a hipótese de que vários SNP possuem efeito nulo.

Comparativamente aos métodos BayesA e BayesB, não tem sido verificadas alterações quanto à acurácia dos valores genômicos por meio dos métodos BayesC π e BayesD π , apesar das modificações propostas pelos últimos. Habier et al. (2011), empregando dados de 40.764 SNP e três populações de treinamento formadas por 1.000, 4.000 e 6.500 touros da raça Holandesa, estimaram acurácias variando de 0,04 a 0,51 para GBLUP; 0,06 a 0,56 para BayesA; 0,06 à 0,55 para BayesB; 0,06 a 0,58 para BayesC π e de 0,05 à 0,57 para BayesD π , de acordo com o tamanho da população de treinamento e característica considerada (produção de leite, gordura, proteína e escore de células somáticas) em uma população de validação de 113 touros. As baixas acurácias devem-se ao baixo relacionamento genético aditivo existente entre as populações de treinamento e validação, com a predição baseando-se apenas no desequilíbrio de ligação entre SNP e QTL (*quantitative trait loci – loci* de característica quantitativa). Neste mesmo estudo, em simulações sob diferentes coeficientes de herdabilidade ($h^2=0,03, 0,2$ e $0,9$), foi observado um melhor desempenho de BayesC π em relação ao BayesD π , dado que o número de SNP incluídos no modelo pelo segundo método foi superestimado relativamente ao número de QTL e, adicionalmente, não houve sensibilidade deste quanto ao tamanho da população de treinamento e ao coeficiente de herdabilidade da característica em estudo.

Por meio de uma população referência (treinamento) e de validação de 1.886 e 681 carneiros da raça Laucane, respectivamente, e aproximadamente 44.000 SNP; Duchemin et al. (2012) estimaram correlações entre as diferenças esperadas na progênie observadas e preditas (*daughter yield deviation, DYD*) similares entre os métodos BayesC π , GBLUP, mínimos quadrados parciais (PLS, *partial least squares*) e mínimos quadrados parciais esparsos (sPLS, *sparse partial least squares*), com valores para o primeiro método de 0,44 para produção de leite, 0,57 para teor de gordura e 0,46 para células somáticas, apesar do tempo computacional exigido superior comparativamente aos demais métodos. Igualmente, em Colombani et al. (2013), não foram observadas diferenças expressivas quanto à predição das diferenças esperadas na progênie entre os métodos GBLUP, BayesC π , Lasso Bayesiano, PLS e sPLS para produção de leite e taxa de concepção em touros das raças Holandesa e Montbéliarde. A exceção foi teor de gordura, para a qual os métodos Bayesianos apresentaram melhor desempenho provavelmente devido à influência de poucos SNP com grandes efeitos sobre esta característica, como aos correspondentes ao gene DGAT1 (GRISART et al., 2004). Adicionalmente, houve semelhanças entre as regiões do genoma associadas às características, com certa desigualdade em relação à taxa de concepção – uma característica de baixa herdabilidade e altamente poligênica e, portanto, associada a menor acurácia de predição.

De acordo com Meuwissen, Hayes e Goddard (2001), uma importante característica dos modelos de estudos em genômica deve ser o encolhimento (encurtamento, *shrinkage*) diferenciado dos marcadores genéticos, dado que apenas parte destes estão em desequilíbrio de ligação com regiões ou genes envolvidos no componente infinitesimal da característica de interesse (de los CAMPOS et al., 2009). Nesse contexto, o método de regressão LASSO (*least absolute shrinkage and selection operator*, TIBSHIRANI, 1996) visa combinar seleção de variáveis ao encolhimento, caracterizando-se pelo encolhimento do vetor dos coeficientes de regressão em direção à zero com a possibilidade de estabelecer alguns coeficientes como iguais a zero, de maneira a se estimar e selecionar variáveis em um procedimento simultâneo (HANS, 2009). Trata-se de um método de regressão penalizado em que a intensidade de penalização é dada por um parâmetro de regularização λ ($\lambda \geq 0$) (SILVA et al., 2011).

Proposto primeiramente por Tibshirani (1996), o método LASSO foi ampliado ao contexto Bayesiano (BLASSO) por Park e Casella (2008). Posteriormente, este foi adaptado por de los Campos et al. (2009) objetivando à acomodação da informação de pedigree e de demais covariáveis, além dos marcadores genéticos, de forma a adequar o uso desse método à seleção genômica. Assim como os demais métodos Bayesianos, o BLASSO permite desvios da normalidade, isto é, polimorfismos com grandes efeitos, apresentando ainda como vantagens a parametrização simples e a facilidade de implementação via amostragem de Gibbs (LEGARRA et al., 2010).

Em Jiménez-Montero, González-Recio e Alenda (2013), o BLASSO apresentou as maiores correlações de Pearson entre os valores genéticos genômicos e as provas desregredidas de touros da raça Holandesa para as características de produção de leite (0,60), gordura (0,61) e proteína (0,57) e menor erro quadrático médio em relação aos métodos GBLUP, BayesA e aprendizado de máquina (Random-Boosting), confirmando resultados anteriores reportados por Cleveland et al. (2010) e Legarra et al. (2011) comparativamente aos métodos BayesA e GBLUP, respectivamente. Por sua vez, a partir de dados de suínos (1.991 animais da raça Duroc, 26.142 SNP) para ganho de peso e taxa de conversão alimentar, Ostensen et al. (2011) estimou acurácias similares entre os métodos BLASSO e GBLUP, com valores entre 0,16 e 0,34 para ambos os métodos, variando de acordo com a característica e a variável-resposta considerada (valor genético e valor genético desregredido).

Grande parte dos trabalhos envolvendo seleção genômica tem indicado o condicionamento do desempenho dos métodos à estrutura genética das características bem como da população de treinamento. A ausência de consenso sobre o método adequado a estas análises juntamente à evolução das ferramentas computacionais tem estimulado o

desenvolvimento de trabalhos sobre métodos estatísticos aplicados à genômica, comparando estes quanto à acurácia de seleção, viés das estimativas e eficiência computacional, e visando, por fim, à indicação de modelos representativos dos fenômenos biológicos estudados.

2.1.2 Imputação de genótipos

A densidade de marcadores genéticos encontra-se como um dos fatores que afetam a acurácia da predição genômica e das análises de associação genômica ampla (HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2009; MEUWISSEN, 2009). A princípio, espera-se que a partir de um maior número de SNP obtenha-se melhores resultados na predição dos efeitos destes bem como no mapeamento de QTL devido à provável existência de um maior número de marcadores em desequilíbrio de ligação com mutações causais (MA et al., 2013). Weigel et al. (2009), comparando subconjuntos de SNP ($n = 300, 500, 750, 1.000, 1.250, 1.500$ e 2.000 SNP) na predição de valores genéticos para mérito líquido em uma população de touros da raça Holandesa, observaram maior coeficiente de determinação, menor variância residual e maior desvio-padrão dos valores genéticos com o aumento de marcadores genéticos na análise, indicando melhor ajuste do modelo e habilidade em diferenciar geneticamente os animais com o aumento no número de SNP na avaliação genética. Além disso, os subconjuntos maiores apresentaram maiores correlações com os valores genéticos preditos a partir de todos os SNP ($n = 32.518$) e também obtidos a partir dos testes de progênie, com correlações variando de 0,253 para o subconjunto com 300 SNP a 0,748 para 2.000 SNP. Em um estudo similar, Moser et al. (2010) também verificaram a redução na acurácia do valor genético predito para características de produção, conformação, sobrevivência e índices de lucro em touros e vacas da raça Holandesa com a diminuição no número de SNP.

Entretanto, o uso de um grande número de marcadores genéticos na seleção genômica ainda não é trivial, sendo limitado pelo elevado custo dos painéis de genotipagem de média e alta densidade de SNP. Nisto, os estudos citados de Weigel et al. (2009) e Moser et al. (2010) e, adicionalmente, Zhang et al. (2011) e Weller et al. (2014) reportaram estratégias de seleção de marcadores genéticos que permitiram a predição de valores genéticos com alta acurácia a partir de pequenos conjuntos de SNP. Contudo, a abordagem mais comum tem sido a transferência de informações de painéis de média e alta densidade a animais genotipados em painéis de baixa densidade por meio do uso de uma população de referência genotipada para um grande número de marcadores genéticos. Tal predição de SNP faltantes, denominada de imputação, também tem sido empregada para a análise conjunta de dados resultantes de

diversas plataformas de genotipagem e para a inferência de genótipos perdidos devido a razões técnicas próprias do algoritmo de genotipagem (DRUET; SCHROOTEN; de ROOS, 2010).

A imputação pode ser baseada na informação de família, utilizando-se das regras de ligação e segregação Mendeliana bem como na informação de população, fundamentada no desequilíbrio de ligação entre SNP faltantes e os SNP próximos (SUN et al., 2012). Dentre os programas comumente empregados para imputação encontram-se o fastPhase (SCHEET; STEPHENS, 2006), IMPUTE2 (HOWIE; DONELLY; MARCHINI, 2009), Beagle (BROWNING; BROWNING, 2009), MaCH (LI et al., 2010), Minimac (HOWIE et al., 2012) que incorporam exclusivamente a informação de população; CHROMIBD (DRUET; FARNIR, 2011), que adota a informação de família em seu desenvolvimento, e o DAGPHASE (DRUET; GEORGES, 2010), findhap.f90 (VANRADEN et al., 2011), cujos algoritmos derivam de uma combinação de ambas as abordagens. Na prática, a escolha do método apropriado não é óbvia, visto que nenhum realiza a imputação perfeitamente e há inconsistências entre os programas em relação aos genótipos imputados. De um ponto de vista de máquina de aprendizado, a imputação de genótipos pode ser considerada um problema de classificação e cada método, um classificador independente (SUN et al., 2012).

Diversos estudos têm analisado o desempenho dos algoritmos de imputação frente ao tamanho da população de referência, número de marcadores genéticos na população alvo e grau de relacionamento entre as populações de referência e alvo. Em Zhang e Druet (2010), por exemplo, foram estimados erros de imputação entre 2,0 e 11,7% e entre 3,3 e 10,7% para os programas DAGPHASE e CHROMIBD, respectivamente, de acordo com o tamanho do painel de baixa densidade considerado (384, 768, 1.536, 3.000 ou 6.000 SNP). Com o aumento do número de SNP na população alvo, houve uma redução no erro de imputação; contudo, esta redução foi menos expressiva com acréscimos a partir de um conjunto de 1.500 SNP. O programa CHROMIBD foi superior ao DAGPHASE para um menor número de SNP na população alvo e um maior número de ancestrais com genótipos. Por sua vez, o aumento no tamanho da população de referência influenciou apenas as análises do DAGPHASE. Tais diferenças entre os métodos foram provavelmente devidas à característica do DAGPHASE de utilizar o desequilíbrio de ligação na imputação, mais forte em densidade de marcadores maiores e melhor estimado em populações grandes. Como o CHROMIBD baseia-se em ancestrais recentes que transmitem relativamente longos fragmentos de cromossomos, torna-se possível manter o bom desempenho mesmo em baixas densidades de marcadores. Em um estudo similar utilizando os programas IMPUTE2, Beagle e fastPhase, Khatkar et al. (2012)

também observaram que o aumento da densidade de SNP na população alvo, do tamanho da população de referência bem como do relacionamento entre as populações de referência e alvo, aumentam a acurácia de imputação.

A qualidade deste procedimento é geralmente verificada mimetizando-se um painel de baixa densidade (ou a perda de genótipos) para um grupo de animais genotipados para painéis de média e alta densidade, de maneira que estes animais sejam incluídos na população alvo e, posteriormente, os genótipos imputados e verdadeiros sejam comparados. Nisto, são estimadas as medidas de acurácia de imputação, definida como a porcentagem de alelos corretamente imputados (ou a correlação entre os alelos imputados e verdadeiros), e erro de imputação, calculado como a porcentagem de alelos preditos de forma incorreta (KHATKAR et al., 2012). Além dos fatores mencionados anteriormente, afetam essas medidas a distribuição dos marcadores genéticos nas plataformas de genotipagem, o tamanho efetivo da população e a frequência alélica dos marcadores (SCHROOTEN et al., 2014).

2.2 Índices de seleção

A teoria do índice de seleção foi inicialmente apresentada por Smith (1936), utilizando-se a função discriminante de Fisher no melhoramento genético vegetal. Este trabalho, contudo, restringia-se à seleção de espécies autógamas e essencialmente não havia teoria genética envolvida. Hazel (1943) expandiu esta metodologia para situações nas quais se objetiva a seleção de indivíduos cuja progênie apresenta mérito genético superior, assumindo-se que cada indivíduo possui um valor genético verdadeiro desconhecido e a correlação entre os valores genéticos e as expressões fenotípicas observadas é conhecida (KEMPTHORNE; NORDSKOG, 1959).

Neste estudo, Hazel (1943) introduziu o conceito de agregado genotípico ou objetivo de seleção (H), definido como a soma dos valores genéticos (g_i) ponderados pelos respectivos valores econômicos relativos (a_i) de cada característica, $H = \sum a_i g_i$; e índice de seleção (I), obtido pela soma dos valores fenotípicos ou valores genéticos preditos (x_i) ponderados pelos coeficientes do índice (b_i), $I = \sum b_i x_i$.

O índice de seleção é derivado do agregado genotípico, visto que engloba somente características geneticamente avaliadas e não necessariamente as características diretamente relacionadas ao objetivo de seleção. Dessa forma, os coeficientes do índice são estimados de maneira a maximizar a correlação entre o agregado genotípico e o índice de seleção, por meio da equação $\mathbf{Pb} = \mathbf{Ga}$, em que \mathbf{P} é a matriz das (co)variâncias fenotípicas das características no

índice de seleção I ; G é a matriz das (co)variâncias genéticas entre as características no agregado genotípico H e o índice de seleção I ; a é o vetor dos ponderadores econômicos das características; e b é o vetor dos coeficientes de ponderação do índice de seleção.

Comparativamente às demais metodologias de seleção múltipla, como a seleção em tandem e em níveis independentes de eliminação, o índice de seleção apresenta maior eficiência quanto ao ganho genético (HAZEL; LUSH, 1942), principalmente para um número elevado de características de igual importância e intensidades de seleção baixas (YOUNG, 1961). Adicionalmente, Rönnigen e Van Vleck (1985) citam como propriedades do índice de seleção a variância mínima dos erros de predição entre as funções lineares oriundas da forma geral do índice, correlação máxima entre o agregado genotípico e o índice de seleção quando o primeiro representa o valor genético verdadeiro, probabilidade máxima de seleção do indivíduo de maior mérito total por meio da seleção pelo maior índice, e progresso genético máximo na primeira geração de seleção.

De acordo com Ponzoni e Newman (1989), a definição do objetivo de seleção e conseqüentemente, o desenvolvimento do índice envolve a especificação do sistema de reprodução, produção e comercialização; a identificação das fontes de receita e custo dos rebanhos; a determinação dos fatores biológicos associados às receitas e custos; além da derivação dos valores econômicos destes fatores. Inicialmente, os índices de seleção abrangiam somente características produtivas, volume de leite e em menor escala, conteúdos de gordura e proteína, dada a remuneração exclusiva por estes fatores. Contudo, recentemente tais índices têm incorporado características relacionadas à conformação, saúde do úbere e reprodução devido a exigências comerciais e restrições de preço associadas e ao aumento da atenção dos produtores quanto à deterioração da saúde do rebanho (MIGLIOR; MUIR; VAN DOORMAAL, 2005). Adicionalmente, foram reportadas correlações negativas entre produção de leite e saúde do úbere (HERINGSTAD et al., 2003) e volume de leite e desempenho reprodutivo (HAILE-MARIAM; BOWMAN, P.J.; GODDARD, M.E., 2003; KADARMIDEEN et al., 2003; VEERKAMP; KOENEN; DE JONG, 2001). Miglior, Muir e Van Doormaal (2005), avaliando os índices de seleção atualmente empregados em diversos países (Austrália, Canadá, Suíça, Alemanha, Dinamarca, Espanha, França, Grã-Bretanha, Irlanda, Israel, Itália, Japão, Holanda, Nova Zelândia e Estados Unidos); relataram uma ênfase relativa para produção, longevidade, saúde e reprodução de, em média, 59,5%, 27,9% e 12,6%, respectivamente.

Em Andrus e McGilliard (1975), as características incluídas no índice, visando a excelência global dos indivíduos, foram determinadas com base no efeito sobre o lucro. Nisto,

o índice foi formado por volume de leite, casos de mastite e teste de gordura, com o primeiro fator responsável pela maior proporção na variação no lucro; enquanto peso adulto, vida produtiva e tempo de ordenha não apresentaram efeito significativo de acordo com o teste F, e número de lactações por ano foi excluída devido à herdabilidade próxima a zero. Por sua vez, Cardoso et al. (2004) discutiram os critérios de seleção volume de leite, gordura e proteína, idade ao primeiro parto, peso adulto e vida útil por meio dos ponderadores econômicos derivados para os mesmos. Estes autores verificaram efeito positivo de idade ao primeiro parto sobre o lucro, indicando que a inclusão de características de reprodução influencia os custos relacionados à criação de novilhas, reposição e manutenção; e efeitos negativos dos conteúdos de gordura e de proteína, em virtude da bonificação ser restrita à produção de leite.

Segundo Harris e Newman (1994), os índices de seleção devem ser compostos por características de mensuração fácil e precoce associadas a estimativas de herdabilidade medianas e altas, além de contribuírem ou estarem relacionadas aos objetivos de seleção. Tais características, portanto, devem ser economicamente relevantes, estando diretamente associadas à rentabilidade do sistema de produção pela relação com custos específicos ou rendimentos a partir da venda do produto (GROEN et al., 1997).

Desde a apresentação das bases genéticas e econômicas em Hazel (1943), diversas adaptações ao índice de seleção foram propostas (LIN, 1978). Dentre estas, cita-se o índice restrito, no qual é possível restringir o ganho genético a um ou mais objetivos de seleção (KEMPTHORNE; NORDSKOG, 1959); o índice de ganhos desejáveis, utilizado quando pretende-se acelerar o ganho genético em uma característica comparativamente às demais (BRASCAMP, 1980) e o índice de múltiplo estágio, adotado em situações em que a informação acerca de uma característica é disponibilizada ao longo do tempo ou a coleta de dados de todos os animais sob seleção é onerosa (CUNNINGHAM, 1975).

Da mesma forma, o uso do índice de seleção conjuntamente a informações de marcadores moleculares foi primeiramente apresentado nos trabalhos de Neimann-Sorensen e Robertson (1961) e Smith (1967), sendo posteriormente expandida em Lande e Thompson (1990). Inicialmente, essa metodologia esteve restrita a simulações estocásticas, visto que a predição determinística através da teoria do índice de seleção exige normalidade multivariada, pressuposição violada no emprego de um número limitado de marcadores ou genes (LANDE; THOMPSON, 1990). Adicionalmente, o índice de seleção ignora mudanças na variância genética devido às modificações na frequência alélica, substancial quando a seleção é baseada em um baixo número de *loci* (DEKKERS, 2007). Pressuposições acerca de normalidade e mudanças na frequência alélica foram, no entanto, superadas com o advento da seleção

genômica, dada a disponibilidade de informações de marcadores ao longo do genoma (DEKKERS, 2007).

Em Dekkers (2007), por exemplo, a teoria do índice de seleção foi empregada como ferramenta na combinação de informações de marcadores e de fenótipos na predição de um valor genético total. Similarmente, VanRaden (2008) utilizou o índice de seleção para a obtenção da predição genômica a partir da ponderação de informações provenientes dos marcadores moleculares distribuídos ao longo do genoma e dos valores genéticos obtidos da população e dos indivíduos genotipados.

No entanto, apesar de existirem estudos envolvendo o uso do índice de seleção para incorporação de dados genotípicos na avaliação genética, como os acima citados e os descritos em Su et al. (2012b) e Börner, Teuscher e Reinsch (2012); ainda são escassas pesquisas que utilizem informações genômicas no desenvolvimento de índices econômicos. O emprego de dados genômicos tem auxiliado à avaliação genética devido ao rastreamento da herança de segmentos dos cromossomos, provendo uma informação mais precisa de parentesco comparativamente à derivada exclusivamente do pedigree (HARRIS; JOHNSON, 2010), adicionalmente à associação de polimorfismos nestes segmentos do genoma a características de interesse. Consequentemente, por meio dos valores genômicos, há a possibilidade de seleção de animais jovens com razoável confiança, o que reduz o intervalo de gerações e aumenta a resposta à seleção.

2.2.1 Derivação de valores econômicos

O valor econômico de uma característica é definido como a alteração no lucro consequente da mudança em uma unidade no mérito genético da mesma, mantendo-se constante as demais variáveis que podem influenciar a receita ou os custos de determinado sistema produtivo (GROEN, 1988; HAZEL, 1943). De acordo com Groen et al. (1997), a derivação destes valores econômicos pode ser realizada por meio de métodos objetivos e não objetivos.

Os métodos objetivos caracterizam-se pelo uso de equações para a representação do comportamento do sistema de produção, isto é, empregam ferramentas de modelagem para a análise do sistema produtivo. Tais métodos podem ainda se diferenciar em abordagem positiva ou de avaliação de dados e abordagem normativa ou de simulação de dados (JAMES; ELLIS, 1979). Na primeira, dados econômicos e técnicos observados são empregados na derivação da importância econômica das características. Configura-se uma desvantagem dessa

abordagem a adoção de preços históricos, enquanto as decisões referentes ao melhoramento genético devem ser norteadas pelo futuro (CHARFEDDINE, 2000; GROEN et al., 1997). Além disso, visto que diversos fatores podem influenciar tais informações, se faz necessária a utilização de um grande volume de dados bem como uma análise detalhada de prováveis variáveis associadas ao lucro, de maneira a se evitar possíveis vieses e, conseqüentemente, se isolar adequadamente o efeito monetário da característica (JAMES; ELLIS, 1979).

Por sua vez, a abordagem normativa ou de simulação de dados exige um modelo conceitual do sistema de produção animal e do sistema econômico operante. Nisto, não há coleta de dados, sendo os relacionamentos dentro do sistema quantificados por desenvolvimento lógico dos mecanismos do mesmo (JAMES; ELLIS, 1979). Esta abordagem baseia-se em funções de lucro e modelos bioeconômicos que objetivam a obtenção da receita líquida, possibilitando a compreensão da sensibilidade dos valores econômicos às circunstâncias de produção ao nível individual e de fazenda (CARDOSO et al., 2004; GROEN; VAN ARENDONK, 1997).

Também denominada de função de eficiência (GROEN et al., 1997), a função de lucro é obtida pela derivada parcial de uma equação representada pela diferença entre a receita e o custo do sistema, apresentando a simplicidade e generalização como principais vantagens (MILLER; PEARSON, 1979). Entretanto, de acordo com Bourdon (1998), tais vantagens podem ser interpretadas como deficiências do método, dado que a equação de lucro pode não ser suficientemente precisa ou representativa para a aplicação adequada em propriedades distintas. Nos trabalhos de Madalena (2000) e Vercesi Filho et al. (2000), equações de lucro foram empregadas para a estimação dos pesos econômicos de características produtivas e reprodutivas em rebanhos leiteiros.

O modelo bioeconômico é referido como uma simulação envolvendo múltiplas equações, nas quais se avalia o aumento marginal na eficiência de produção dado o aumento no mérito genético de uma característica (DEKKERS, 1991; GROEN, 1988; TESS; BENNETT; DICKERSON, 1983). Diferentemente das funções de lucro, os modelos bioeconômicos não utilizam apenas informações econômicas e produtivas, considerando também na análise dados biológicos e o modelo de produção aplicado (GROSSO, 2011). Dessa forma, as equações que compõem um modelo bioeconômico podem ser agrupadas em três etapas, sendo que na primeira incluem-se as equações que simulam as relações biológicas; na segunda, consideram-se as equações relativas ao manejo enquanto na última etapa constroem-se as equações que determinam a lucratividade. Os modelos bioeconômicos são, portanto, considerados uma alternativa mais precisa e realista às equações de lucro;

contudo, apresentando como desvantagem o montante de informações necessárias para a descrição do sistema produtivo, as quais podem estar indisponíveis ou serem de difícil obtenção (BOURDON, 1998). Exemplos do uso de modelos bioeconômicos na derivação de valores econômicos são apresentados em Dekkers (1991), Dekkers, Hag e Weersink (1998), Halasa et al. (2009), Hirooka, Groen e Hiller (1998), Janssen e Van Ittersum (2007), Kikuhara e Hirooka (2009) e Krupová et al. (2009).

Em resumo a abordagem positiva é somente dados econômicos sem modelo enquanto na abordagem normativa têm-se modelos sem dados (JAMES; ELLIS, 1979). Entretanto, na prática, comumente são utilizados procedimentos que incorporam elementos de ambas as abordagens, de maneira a superar as desvantagens inerentes a ambas. Adicionalmente, são necessários dados para o conhecimento dos mecanismos que compõem o sistema produtivo bem como modelos para a estimação adequada dos efeitos das variáveis associadas a este sistema (JAMES; ELLIS, 1979).

Contrariamente aos métodos objetivos, nos métodos não objetivos não há derivação dos valores econômicos por estimação direta da influência do progresso genético de uma característica sobre o aumento da eficiência econômica do sistema de produção; dado que estes assumem que não há conhecimento suficiente de todos os aspectos relevantes envolvidos em um sistema produtivo (GROEN et al., 1997). Compostos pelos índices de ganhos restritos ou desejáveis, esses métodos atribuem valores econômicos de forma a atingir um nível de ganho genético estabelecido (KEMPTHORNE; NORDKOG, 1959). Tais métodos são utilizados quando se deseja o ganho genético em uma característica sem mudança ou com uma mudança específica em uma característica correlacionada, como taxa de crescimento e consumo (CAMERON, 1997). Assim sendo, esses índices são geralmente empregados no melhoramento genético de suínos e aves, visto que os produtores tendem a calcular os valores econômicos de acordo com o desempenho de sua granja relativamente aos concorrentes. Adicionalmente, tais métodos podem ser úteis no exame dos limites de uma possível área de solução para o melhoramento genético (GROEN et al., 1997). Entretanto, a restrição da resposta à seleção pode reduzir substancialmente a taxa de ganho no mérito genético global tanto pela redução do valor econômico da resposta quanto pela redução da acurácia do critério de seleção (CAMERON, 1997; GIBSON; KENNEDY, 1990).

Acerca dos métodos de derivação dos valores econômicos, Groen et al. (1997) afirma não existir uma metodologia superior, visto que o desempenho do método dependerá das características e circunstâncias consideradas. Além disso, a superioridade teórica de um determinado método pode não estar associada à viabilidade na aplicação do mesmo.

Referências

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D.L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T.J. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 743–752, 2010.

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; WIGGANS, G.R.; LAWLOR, T.J. Multiple trait genomic evaluation of conception rate in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 2621-2624, 2011.

BEAVIS, W.D. QTL analyses: power, precision, and accuracy. IN: PATERSON, A.H. (Ed.) **Molecular dissection of complex traits**. New York: CRC Press, 1998. chap. 10, p. 145-162.

ANDRUS, D.F.; MCGILLIARD, L.D. Selection of dairy cattle for overall excellence. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 58, n. 12, p. 1876-1879, 1975.

BLOTT, S.; KIM, J.J.; MOISIO, S.; SCHMIDT-KUNTZEL, A.; CORNET, A.; BERZI, P.; CAMBISANO, N.; FORD, C.; GRISART, B.; JOHNSON, D.; KARIM, L.; SIMON, P.; SNELL, R.; SPELMAN, R.; WONG, J.; VILKKI, J.; GEORGES, M.; FARNIR, F.; COPPIETERS, W. Molecular dissection of a quantitative trait locus: a phenylalanine-to-tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition. **Genetics**, Bethesda, v. 163, p. 253–266, 2003.

BÖRNER, V.; TEUSCHER, F.; REINSCH, N. Optimum multistage genomic selection in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, n. 4, p. 2097-2107, 2012.
BOURDON, R.M. Shortcomings for current genetic evaluation systems. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 76, n. 9, p. 2308-2323, 1998.

BRASCAMP, E. W. Selection indices with constraints. **Animal Breeding Abstracts**, Wallingford, v. 52, p. 645-655, 1984.

BROWNING, B.L.; BROWNING, S.R. A unified approach to genotype imputation and haplotype-phase inference for large data sets of trios and unrelated individuals. **The American Journal of Human Genetics**, Houston, v. 84, p. 210–223, 2009.

CAMERON, N.D. **Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding**. Oxford: CAB International, 1997. 203p.

CARDOSO, V.L.; NOGUEIRA, J.R.; VERCESI FILHO, A.E.; EL FARO, L.; LIMA, N.C. Breeding goals and economic values for pasture based milk production systems in the Southeast region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n. 2, p. 320-327, 2004.

CHARFEDDINE, N. Economic aspects of defining breeding objectives in selection programmes. **CIHEAM Series**, Paris, p. 1-17, 2000.

CHEN, C.Y.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; TSURUTA, S.; MEUWISSEN, T.H.E.; AGGREY, S.E.; WING, T.; MUIR, W.M. Genome-wide marker-assisted selection combining all pedigree phenotypic information with genotypic data in one step: An example using broiler chickens. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 89, p. 23-28, 2011.

CHRISTENSEN, O.F.; LUND, M.S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 42, p. 2-10, 2010.

CLARK, S.A.; HICKEY, J.M.; DAETWYLER, H.D.; VAN DER WERF, J. The importance of information on relatives for prediction of genomic breeding values and the implications for the makeup of reference data sets in livestock breeding schemes. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 44, p. 4-15, 2012.

CLARK, S.A.; van der WERF, J. Genomic best linear unbiased prediction (gBLUP) for the estimation of genomic breeding values. IN: GONDRO, C.; van der WERF, J.; HAYES, B. J. (Ed.). **Genome-wide association studies and genomic prediction, methods in molecular biology**. New York: Springer, 2013. chap. 13, p. 321-330.

CLEVELAND, M.A.; FORNI, S.; DEEB, N.; MALTECCA, C. Genomic breeding value prediction using three Bayesian methods and application to reduced density marker panels. **BMC Proceedings**, Londres, v. 4, Supl. 1, p. S6.

COCKERHAM, C.C. Variance of gene frequencies. **Evolution**, Malden, v. 23, p. 72-84, 1969.

COLOMBANI, C.; LEGARRA, A.; FRITZ, S.; GUILLAUME, F.; CROISEAU, P.; DUCROCQ, V.; ROBERT-GRANIÉ, C. Application of Bayesian least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) and BayesC π methods for genomic selection in French Holstein and Montbéliarde breeds. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, p. 575-591, 2013.

COOPER, T.A.; WIGGANS, G.R.; VANRADEN, P.M. Including cow information in genomic prediction of Holstein dairy cattle in the US. IN: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 10, 2014, Toronto. **Proceedings...** Toronto: WCGALP, 2014. Disponível em: <https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/803_paper_5545_manuscript_78_0.pdf?sfvrsn=2>. Acesso em: 20 out. 2015.

CUNNINGHAM, E.P. Multi-stage index selection. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 46, p. 55-61, 1975.

DAETWYLER, H.D.; KEMPER, K.E.; VAN DER WERF, J.H.J.; HAYES, B.J. Components of the accuracy of genomic prediction in a multi-breed sheep population. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, p. 3375-84, 2012.

de los CAMPOS, G.; HICKEY, J.M.; PONG-WONG, R.; DAETWYLER, H.D.; CALUS, M.P.L. Whole-genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. **Genetics**, Bethesda, v. 193, p. 327-345, 2013.

de los CAMPOS, G.; NAYA, H.; GIANOLA, D.; CROSSA, J.; LEGARRA, A.; MANFREDI, E.; WEIGEL, K.; COTES., J.M. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers and pedigrees. **Genetics**, Bethesda, v. 182, p. 375-385, 2009.

de ROOS, A.P.W.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Reliability of genomic predictions across multiple populations. **Genetics**, Bethesda, v. 183, p. 1545–53, 2009.

DEKKERS, J.C.M. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.82, p. E313–E328, 2004.

_____. Estimation of economic values for dairy cattle breeding goals - bias due to suboptimal management policies. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 29, n. 2-3, p. 131-149, 1991.

DEKKERS, J.C.M.; HAG, J.H.T.; WEERSINK, A. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 53, p. 237-252, 1998.

DEKKERS, J.C.M. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 124, n. 6, p. 331-341, 2007.

DING, X.; ZHANG, Z.; LI, X.; WANG, S.; WU, X.; SUN, D.; YU, Y.; LIU, J.; WANG, Y.; ZHANG, Y.; ZHANG, S.; ZHANG, Y.; ZHANG, Q. Accuracy of genomic prediction for milk production traits in the Chinese Holstein population using a reference population consisting of cows. **Journal of Dairy Science**, Les Ulis, v. 96, p. 5315-5323, 2013.

DRUET, T.; FARNIR, F.P. Modeling of identity-by-descent processes along a chromosome between haplotypes and their genotyped ancestors. **Genetics**, Bethesda, v. 188, p. 409–419, 2011.

DRUET, T.; GEORGES, M. A hidden Markov model combining linkage and linkage disequilibrium information for haplotype reconstruction and QTL fine mapping. **Genetics**, Bethesda, v. 184, p. 789–798, 2010.

DRUET, T.; SCHROOTEN, C.; de ROOS, A.P.W. Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 5443-5454, 2010.

DUCHEMIN, S.I.; COLOMBANI, C.; LEGARRA, A.; BALOCHE, G.; LARROQUE, H.; ASTRUC, J.; BARILLET, F.; ROBERT-GRANIÉ, C.; MANFREDI, E. Genomic selection in the French Lacaune dairy sheep breed. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 2723-2733, 2012.

ENDELMAN, J.B. Ridge regression and other kernels for genomic selection with package rrBLUP. **The Plant Genome**, Madison, v. 4, p. 250-255, 2011.

FERNANDO, R.L.; GARRICK, D. Bayesian methods applied to GWAS. IN: GONDRO, C.; van der WERF, J.; HAYES, B. J. (Ed.). **Genome-wide association studies and genomic prediction, methods in molecular biology**. New York: Springer, 2013. chap. 10, p. 237-274.

FORNI, S.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 1-8, 2011.

GENGLER, N.; MAYERES, P.; SZYDLOWSKI, M. A simple method to approximate gene content in large pedigree populations: Application to the myostatin gene in dual purpose Belgian Blue cattle. **Animal**, Cambridge, v. 1, p. 21–28, 2007.

GIANOLA, D.; de los CAMPOS, G.; HILL W.G.; MANFREDI, E.; FERNANDO, R. Additive genetic variability and the Bayesian alphabet. **Genetics**, Bethesda, v. 183, p. 347-363, 2009.

GIBSON, J.P.; KENNEDY, B.W. The use of constrained selection indices in breeding for economic merit. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg v. 80, p. 801-805, 1990.

GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. Mapping genes for complex traits in domestic animals and their use in breeding programmes. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 10, p. 381–391, 2009.

GRISART, B.; FARNIR, F.; KARIM, L.; CAMBISANO, N.; KIM, J.J.; KVASZ, A.; MNI, M.; SIMON, P.; FRÈRE, J.M.; COPPIETERS, W.; GEORGES, M. Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 101, p. 2398–2403, 2004.

GROEN, A.F. Derivation of economic values in cattle breeding - A model at farm level. **Agricultural Systems**, Filadélfia, v. 27, n. 3, p. 195-213, 1988.

GROEN, A.F.; STEINE, T.; COLLEAU, J.J.; PEDERSEN, J.; PRIBYL, J.; REINSCH, N. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP working group. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 49, n. 1, p. 1-21, 1997.

GROEN, A.F.; VAN ARENDONK, J.A.M. **Breeding programs**. Wageningen: Wageningen Agricultural University, 1997. 98p.

GROSSO, J.L.B.M. **Proposição de índices de seleção em frangos de corte**. 2011. 94 p. Tese (Doutorado em Qualidade e Produtividade Animal) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; DEKKERS, J.C.M. Genomic selection using low-density marker panels. **Genetics**, Bethesda, v. 182, p. 343–353, 2009.

_____. The impact of genetic relationship information on genome-assisted breeding values. **Genetics**, Bethesda, v. 177, p. 2389-2397, 2007.

HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; GARRICK, D.J. Genomic BLUP decoded: a look into black box of genomic prediction. **Genetics**, Bethesda, v. 194, n. 3, p. 597-607, 2013.

HABIER, D.; FERNANDO, R.L.; KIZILKAYA, K.; GARRICK, D.J. Extension of the bayesian alphabet for genomic selection. **BMC Bioinformatics**, Londres, v. 12, p. 186-198, 2011.

HABIER, D.; TETENS, J.; SEEFRIED, F.; LICHTNER, P.; THALLER, G. The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 42, p. 5-17, 2010.

HAILE-MARIAM, M.; BOWMAN, P.J.; GODDARD, M.E. Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 80, n. 3, p. 189-200, 2003.

HAILE-MARIAM, M.; PRYCE, J.E.; SCHROOTEN, C.; HAYES, B.J. Including overseas performance information in genomic evaluations of Australian dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 98, p. 1-17, 2015.

HALASA, T.; NIELEN, M.; HUIRNE, R.B.M.; HOGEVEEN, H. Stochastic bio-economic model of bovine intramammary infection. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 124, n. 1-3, p. 295-305, 2009.

HALEY, C.S.; VISSCHER, P.M. Strategies to utilize marker quantitative trait loci associations. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, suppl. 2, p. 85-97, 1998.

HANS, C. **Bayesian LASSO regression**. Disponível: <<http://faculty.chicagobooth.edu/workshops/econometrics/past/pdf/asp047v1.pdf>>, 2009. Acesso em 16 de out. de 2013.

HARRIS, B.L.; JOHNSON, D.L. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 1243-1252, 2010.

HARRIS, D.L.; NEWMAN, S. Breeding for profit: synergism between genetic improvement and livestock production (a review). **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 72, n. 8, p. 2178-2200, 1994.

HAYES, B.J.; BOWMAN, P.J.; CHAMBERLAIN, A.C.; VERBYLA, K.; GODDARD, M.E. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 41, p. 51-60, 2009a.

HAYES, B.J.; BOWMAN, P.J.; CHAMBERLAIN, A.J.; GODDARD, M.E. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 433-443, 2009b.

HAYES, B.J.; VISSCHER, P.M.; GODDARD, M.E. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix. **Genetics Research Cambridge**, Cambridge, v. 91, p. 47-60, 2009.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Bethesda, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

HAZEL, L.N.; LUSH, J.L. The efficiency of three methods of selection. **Journal of Heredity**, Oxford, v. 33, n. 11, p. 393-399, 1942.

HEFFNER, E.L.; SORRELLS, M.E.; JANNINK, J. Genomic selection for crop improvement. **Crop Science**, Madison, v. 49, p. 1-12, 2009.

HENDERSON, C.R. **Applications of Linear Models in Animal Breeding**. Disponível em <ftp://tech.obihiro.ac.jp/suzuki/Henderson.pdf>, 1984. Acesso em 29 de out. de 2013.

HERINGSTAD, B.; CHANG, Y.M.; GIANOLA, D.; KLEMETSDAL, G. Genetic analysis of longitudinal trajectory of clinical mastitis in first-lactation Norwegian cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, n. 8, p. 2676-2683, 2003.

HILL, W.G. Applications of population genetics to animal breeding, from Wright, Fisher and Lush to genomic prediction. **Genetics**, Bethesda, v. 196, p. 1-16, 2014.

HIROOKA, H.; GROEN, A.F.; HILLER, J. Developing breeding objectives for beef cattle production 1. A bio-economic simulation model. **Animal Science**, Cambridge, v. 66, p. 607-621, 1998.

HOWIE B.N.; DONNELLY, P.; MARCHINI, J. A flexible and accurate genotype imputation method for the next generation of genome-wide association studies. **PLoS Genetics**, Cambridge, v. 5, n. 6, p. e1000529, 2009.

HOWIE, B.; FUCHSBERGER, C.; STEPHENS, M.; MARCHINI, J.; ABECASIS, G.R. Fast and accurate genotype imputation in genome-wide association studies through pre-phasing. **Nature Genetics**, New York, v. 44, p. 955-959, 2012.

JANSSEN, S.; VAN ITTERSUM, M. K. Assessing farm innovations and responses to policies: A review of bio-economic farm models. **Agricultural Systems**, Filadélfia, v. 94, n. 3, p. 622-636, 2007.

JAMES, A.D.; ELLIS, P.R. The evaluation of production and economic effects of disease. IN: INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON VETERINARY EPIDEMIOLOGY AND ECONOMICS, 2, 1979, Canberra. **Proceedings...** Canberra: ISVEE, 1979. p. 363-372

JIMÉNEZ-MONTERO, J.A.; GONZÁLEZ-RECIO, O.; ALENDA, R. Comparison of methods for the implementation of genome-assisted evaluation of Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, p. 625-634, 2013.

KADARMIDEEN, H. N.; THOMPSON, R.; COFFEY, M.P.; KOSSAIBATI, M. Genetic parameters and evaluations from single- and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 81, n. 2-3, p. 183-195, 2003.

KEMPTHORNE, O; NORDSKOG, A.W. Restricted selection indices. **Biometrics**, Arlington, v. 15, n. 1, p. 10-19, 1959.

KHATKAR, M.S.; MOSER, G.; HAYES, B.J.; RAADSMA, H.W. Strategies and utility of imputed SNP genotypes for genomic analysis in dairy cattle. **BMC Genomics**, Londres, v. 13, p. 538, 2012.

- KIKUHARA, K.; HIROOKA, H. Application of a simulation model for dairy cattle production systems integrated with forage crop production: the effects of whole crop rice silage utilization on nutrient balances and profitability. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, Seoul, v. 22, n. 2, p. 216-224, 2009.
- KRUPOVA, Z.; HUBA, J.; DANO, J.; KRUPA, E.; ORAVCOVÁ, M.; PESKOVICOVÁ, D. Economic weights of production and functional traits in dairy cattle under a direct subsidy regime. **Czech Journal of Animal Science**, *Kamýcká*, v. 54, n. 6, p. 249-259, 2009.
- LANDE, R.; THOMPSON, R. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. **Genetics**, Bethesda, v. 124, p. 743-756, 1990.
- LEGARRA, A.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 4656-4663, 2009.
- LEGARRA, A.; DUCROCQ, V. Computational strategies for national integration of phenotypic, genomic, and pedigree data in a single-step best linear unbiased prediction. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 4629-4645, 2012.
- LEGARRA, A.; ROBERT-GRANIÉ, C.; CROISEAU, P.; GUILLAUME, F.; FRITZ, S.; DUCROCQ, V. Aptitude of Bayesian Lasso for genomic selection. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 9, 2010, Leipzig. **Proceedings...** Leipzig: WCGALP, 2010, p. 1-8.
- LEGARRA, A.; ROBERT-GRANIÉ, C.; CROISEAU, P.; GUILLAUME, F.; FRITZ, S. Improved Lasso for genomic selection. **Genetics Research Cambridge**, Cambridge, v. 93, n. 1, p. 77-87, 2011.
- LIN, C. Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 52, n. 2, p. 49-56, 1978.
- LI, Y.; WILLER, C.J.; DING J.; SCHEET, P.; ABECASIS, G.R. MaCH: using sequence and genotype data to estimate haplotypes and unobserved genotypes. **Genetic Epidemiology**, Malden, v. 34, p. 816-834, 2010.
- MADALENA, F.E. Valores econômicos para a seleção de gordura e proteína do leite. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 678-684, 2000.
- MA, P.; BRONDUM, R.F.; ZHANG, Q.; LUND, M.S.; SU, G. Comparison of different methods for imputing genome-wide marker genotypes in Swedish and Finnish Red Cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, p. 4666-4677, 2013.
- MEUWISSEN, T. H. E. Accuracy of breeding values of 'unrelated' individuals predicted by dense SNP genotyping. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 41, p. 35, 2009.
- MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**, Bethesda, v. 157, p.1819-1829, 2001.
- MIGLIOR, F.; MUIR, B.L.; VAN DOORMAAL. Selection indices in Holstein cattle of various countries. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, n. 3, p. 1255-1263, 2005.

- MILLER, R.H.; PEARSON, R.E. Economics aspects of selection. **Animal Breeding Abstracts**, Wallingford, v. 47, p. 281-290, 1979.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 4648-4655, 2009.
- MOSER, G.; KHATKAR, M.; HAYES, B.; RAADSMA, H. Accuracy of direct genomic values in Holstein bulls and cows using subsets of SNP markers. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 42, n. 1, p. 37, 2010.
- NEIMANN-SORENSEN, A.; ROBERSON, A. The association between blood groups and several production characters in three Danish cattle breeds. **Acta Agriculturae Scandinavica**, Estocolmo, v. 11, p. 163-196, 1961.
- NEJATI-JAVAREMI, A.; SMITH, C.; GIBSON, J.P. Effect of total allelic relationship on accuracy of evaluation and response to selection. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, p.1738–1745, 1997.
- NIEUWHOF, G.J.; BEARD, K.T.; KONSTANTINOV, K.V.; REICH, C.M.; MASON, B.; HAYES, B.J. Validation of genomic evaluations in Australian Jersey cattle using a reference set that include cows. IN: AUSTRALASIAN DAIRY SCIENCE SYMPOSIUM, 5, 2012, Melbourne. **Proceedings...** Melbourne: ADSS, 2012. p. 31-33.
- OSTERSEN, T.; CHRISTENSEN, O.F.; HENRYON, M.; NIELSEN, B.; SU, G.; MADSEN, P. Deregressed EBV as the response variable yield more reliable genomic predictions than traditional EBV in pure-bred pigs. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 38-44, 2011.
- PARK, T.; CASELLA, G. The Bayesian LASSO. **Journal of the American Statistical Association**, Abingdon, v. 103, p.681–686, 2008.
- PRYCE, J.E.; ARIAS, J.; BOWMAN, P.J.; DAVIS, S.R.; MACDONALD, K.A.; WAGHORN, G.C.; WALES, W.J.; WILLIAMS, Y.J.; SPELMAN, R.J.; HAYES, B.J. Accuracy of genomic predictions of residual feed intake and 250-day body weight in growing heifers using 625,000 single nucleotide polymorphism markers. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 2108-2119, 2012.
- PRYCE, J.E.; DAETWYLER, H.D. Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. **Animal Production Science**, Melbourne, v. 52, p. 107-114, 2012.
- PRYCE, J.E.; GREDLER, B.; BOLORMAA, S.; BOWMAN, P.J.; EGGER-DANNER, C.; FUERST, C.; EMMERLING, R.; SÖLKNER, J.; GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. Genomic selection using a multi-breed, across-country reference population. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 2625-2630, 2011.

PRYCE, J.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. **Genotyping dairy females can improve the reliability of genomic selection for young bulls and heifers and provide farmers with new management tools**. 2012. 8 p. Disponível em:

<http://www.icar.org/cork_2012/Manuscripts/Published/Pryce%202.pdf>. Acesso em: 20 out. 2015.

PONZONI, R. W.; NEWMAN, S. Developing breeding objectives for Australian beef cattle production. **Animal Production**, Cambridge, v. 49, p. 35-47, 1989.

RENDEL, J. Relationships between blood groups and the fat percentage of the milk in cattle. **Nature**, London, v. 189, p. 408–409, 1961.

RÖNNINGEN, K., VAN VLECK, L.D. Selection index theory with practical applications. IN: CHAPMAN, A.B. (Ed.). **World Animal Science**. Amsterdam: Elsevier, 1985, p. 187-222.

SCHEET, P.; STEPHENS, M. A fast and flexible statistical model for large-scale population genotype data: applications to inferring missing genotypes and haplotypic phase. **The American Journal of Human Genetics**, Houston, v. 78, n. 4, p. 629–644, 2006.

SCHROOTEN, C.; DASSONNEVILLE, R.; DUCROCQ, V.; BRONDUM, R.F.; LUND, M.S.; CHEN, J.; LIU, Z.; GÓNZALEZ-RECIO, O.; PENA, J.; DRUET, T. Error rate for imputation from the Illumina BovineSNP50 chip to the Illumina BovineHD chip. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 46, p. 10, 2014.

SCHWENGER, B.; SCHOBER, S.; SIMON, D. DUMPS cattle carry a point mutation in the uridine monophosphate synthase gene. **Genomics**, Amsterdam, v. 16, p. 241–244, 1993.

SHUSTER, D. E.; KEHRLI JR., M. E.; ACKERMANN, M. R.; GILBERT, R. O. Identification and prevalence of a genetic defect that causes leukocyte adhesion deficiency in Holstein cattle. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 89, p. 9225–9229, 1992.

SILVA, F.F. **Seleção genômica no software R**. Viçosa: UFV, 2013. 19 p. (Apostila).

SILVA, F.F.; VARONA, L.; RESENDE, M.D.V.; BUENO FILHO, J.S.S.; ROSA, G.J.M.; VIANA, J.M.S. A note on accuracy of Bayesian LASSO regression in GWS. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 142, p. 310-314, 2011.

SILVA, M.V.B.; SANTOS, D.J.A. dos; BOISON, S.A.; UTSUNOMIYA, A.T.H.; CARMO, A.S.; SONSTEGARD, T.S.; COLE, J.B.; VAN TASSEL, C.P. The development of genomics applied to dairy breeding. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 166, p. 66-75, 2014.

SMITH, C. Improvement of metric traits through specific genetic loci. **Animal Production**, Cambridge, v. 9, p. 349–358, 1967.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, Malden, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOLLER, M. The use of loci associated with quantitative effects in dairy cattle improvement. **Animal Production**, Cambridge, v. 27, p. 133–139, 1978.

SOLLER, M.; PLOTKIN-HAZAN, J. The use of marker alleles for the introgression of linked quantitative alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 51, p. 133–137, 1977.

STOCK, K.F.; REENTS, R. Genomic selection: Status in different species and challenges for breeding. **Reproduction in Domestic Animals**, Malden, v. 48, p. 2-10, 2013.

SU, G.; BRONDUM, R.F.; MA, P.; GULDBRANDTSEN, B.; AAMAND, G.P.; LUND, M.S. Comparison of genomic predictions using medium-density (~54,000) and high-density (~777,000) single nucleotide polymorphism marker panels in Nordic Holstein and Red Dairy Cattle populations. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 4657-4665, 2012a.

SU, G. ; MADSEN, P.; NIELSEN, U.S.; MÄNTYSAARI, E.A.; AAMAND, G.P.; CHRISTENSEN, O.F.; LUND, M.S. Genomic prediction for Nordic Red Cattle using one-step and selection index blending. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, n. 2, p. 909-917, 2012b.

SUN, C.; WU, X.; WEIGEL, E.A.; ROSA, U.J.; BAUCK, S.; WOODWARD, B.W.; SCHNABEL, R.D.; TAYLOR, E.F.; GIANOLA, D. An ensemble based approach to imputation of moderate density genotypes for genomic selection with application to Angus cattle. **Genetics Research Cambridge**, Cambridge, v. 94, p. 133-150, 2012.

TANIGUCHI, M.; UTSUGI, T.; OYAMA, K.; MANNEN, H.; KOBAYASHI, M.; TANABE, Y.; OGINO, A.; TSUJI, S. Genotype of stearoylCoA desaturase is associated with fatty acid composition in Japanese Black cattle. **Mammalian Genome**, Heidelberg, v. 14, p. 142-148, 2004.

TAYLOR, J.F. Implementation and accuracy of genomic selection. **Aquaculture**, Amsterdam, 420–421, S8-S14, 2014.

TESS, M.W.; BENNETT, G.L.; DICKERSON, G.E. Simulation of genetic changes in life-cycle efficiency of pork production .1. A bioeconomic model. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 56, n. 2, p. 336-353, 1983.

TIBSHIRANI, R. Regression shrinkage and selection via the LASSO. **Journal of the Royal Statistical Society: Series B**, Malden, v. 58, p. 267–288, 1996.

TSURUTA, S.; MISZTAL, I.; AGUILAR, I.; LAWLOR, T.J. Multiple-trait genomic evaluation of linear type traits using genomic and phenotypic data in US Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 4198-4204, 2011.

VAN EENENNAAM, A.L.; WEIGEL, K.A.; YOUNG, A.E.; CLEVELAND, M.A.; DEKKERS, J.C.M. Applied animal genomics: results from the field. **Annual Review of Animal Biosciences**, Palo Alto, v.2, p. 105–139, 2014.

VANRADEN, P.M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 11, p. 4414-4423, 2008.

VANRADEN, P.M.; O'CONNELL, J.R.; WIGGANS, G.R.; WEIGEL, K.A. Genomic evaluations with many more genotypes. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 10, 2011.

VANRADEN, P.M.; VAN TASSELL, C.P.; WIGGANS, G.R.; SONTEGARD, T.S.G.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J.F.; SCHENKEL, F.S. Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 16–24, 2009.

VEERKAMP, R.F.; KOENEN, E.P.; DE JONG, G. Genetic correlations among body condition score, yield, and fertility in first-parity cows estimated by random regression models. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, n. 10, p. 2327–2335, 2001.

VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; FERREIRA, J.J.; PENNA, V.M. Pesos econômicos para seleção de gado de leite. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 145–152, 2000.

VILLANUEVA, B.; PONG-WONG, R.; FERNÁNDEZ, J.; TORO, M.A. Benefits from marker-assisted selection under an additive polygenic genetic model. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 83, p. 1747–1752, 2005.

WEIGEL, K.A.; de los CAMPOS, G.; GONZALEZ-RECIO, O.; NAYA, H.; WU, X.L.; LONG, N.; ROSA, G.J.; GIANOLA, D. Predictive ability of direct genomic values for lifetime net merit of Holstein sires using selected subsets of single nucleotide polymorphism markers. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, n.10, p. 5248–5257, 2009.

WEIGEL, K.A.; HOFFMAN, P.C.; HERRING, W.; LAWLOR Jr., T.J. Potential gains in lifetime net merit from genomic testing of cows, heifers, and calves on commercial dairy farms. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 2215–2225, 2012.

WELLER, J.I.; GLICK, G.; SHIRAK, A.; EZRA, E.; SEROUSSI, E.; SHEMESH, M.; ZERON, Y.; RON, M. Predictive ability of selected subsets of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in a moderately sized dairy cattle. **Animal**, Cambridge, v. 8, n. 2, p. 208–216, 2014.

WHITTAKER, J.C.; THOMPSON, R.; DENHAM, M.C. Marker-assisted selection using ridge regression. **Genetics Research Cambridge**, Cambridge, v. 75, p. 249–252, 2000.

WIGGANS, G.R.; COOPER, T.A.; VANRADEN, P.M.; NULL, D.J.; HUTCHISON, J.L.; MELAND, O.M.; TOOKER, M.E. Calculation and delivery of US Genomic evaluations for dairy cattle. IN: ASAS Joint Annual Meeting, 2014, Kansas City. **Proceedings...** Kansas City: JAM, 2014. Disponível em: <
<https://asas.confex.com/asas/jam2014/webprogram/Paper4285.html>>. Acesso em: 11 out. 2015.

WIGGANS, G.R.; SU, G.; COOPER, T.A.; NIELSEN, U.S.; AAMAND, G.P.; GULDBRANDTSEN, B.; LUND, M.S.; VANRADEN, P.M. Improving accuracy of Jersey genomic evaluations in the United States and Denmark by sharing reference populations bulls. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 98, p. 3508–3513, 2015.

WIGGANS, G.R.; VANRADEN, P.M.; COOPER, T.A. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 3202–3211, 2011.

WOLC, A.; ARANGO, J.; SETTAR, P.; FULTON J.; O'SULLIVAN, N.P.; PREISINGER, R.; HABIER, D.; FERNANDO, R.; GARRICK, D.J.; DEKKERS, J.C.M. Persistence of accuracy of genomic estimated breeding values over generations in layer chickens. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 23, 2011.

YOUNG, S.S.Y. A further examination of the relative efficiency of three methods of selection for genetic gains under less-restricted conditions. **Genetical Research**, Cambridge, v. 2, p. 106-121, 1961.

ZHANG, Z.; DING X.; LIU, J.; ZHANG, Q.; de KONING, D.J. Accuracy of genomic prediction using low-density marker panels. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, n. 7, p. 3642–3650, 2011.

ZHANG, Z.; DRUET, T. Marker imputation with low-density marker panels in Dutch Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 5487-5494, 2010.

ZHONG, S.; DEKKERS, J.C.M.; FERNANDO, R.L.; JANNINK, J. Factors affecting accuracy from genomic selection in populations derived from multiple inbred lines: a Barley case study. **Genetics**, Bethesda, v. 182, p. 355-364, 2009.

3 AVALIAÇÃO QUANTITATIVA-GENÔMICA DE BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA HOLANDESA PARA CARACTERÍSTICAS DE PRODUÇÃO, REPRODUÇÃO E QUALIDADE DO LEITE

Resumo

A estimação de parâmetros genéticos permanece como etapa essencial da avaliação genética, dada a especificidade desses valores à população sob seleção e a constante inclusão de novas características como critérios na seleção de reprodutores. Com a recente disponibilidade de dados genotípicos, tornou-se ainda possível a obtenção acurada de parâmetros e valores genéticos associados a características de baixa herdabilidade, de mensuração cara, difícil ou tardia na vida do animal. Dessa forma, o objetivo neste estudo foi investigar o potencial de uso de características relacionadas à saúde do úbere e composição do leite como critérios de seleção em programas de melhoramento genético, determinar o grau de relacionamento entre estas, e avaliar o progresso genético alcançado por meio de seleção nestas características de importância econômica incluindo-se a informação genômica na avaliação genética. Dados fenotípicos ($n = 36.457$) de 4.203 vacas bem como genótipos para 57.368 polimorfismos de nucleotídeo único de 755 destas vacas foram utilizados. Os componentes de covariância e valores genéticos foram obtidos por meio da metodologia de máxima verossimilhança restrita sob modelo misto animal, considerando-se uma matriz de relacionamentos baseada no pedigree ou uma matriz de relacionamentos combinada, a qual emprega informações do pedigree e de dados genotípicos simultaneamente. Adicionalmente, o ganho genético anual e tendência genética foram preditos a partir de uma regressão linear dos valores genéticos em relação ao ano de nascimento. Coeficientes de herdabilidade altos (entre 0,30 e 0,39) foram estimados para teor de lactose, teor de proteína, teor de caseína no leite e idade ao primeiro parto enquanto coeficientes de herdabilidade moderados (entre 0,19 e 0,26) foram obtidos para teor de gordura, teor de ácidos graxos saturados e teor de ácido palmítico no leite. Correlações genéticas negativas e moderadas foram obtidas entre produção de leite e componentes do leite, com valores entre -0,45 e -0,13, e negativa e baixa entre produção de leite e idade ao primeiro parto, com valor igual a -0,04. O escore de células somáticas apresentou baixa correlação com as outras características estudadas enquanto correlações genéticas altas e positivas foram estimadas entre teor de gordura e ácidos graxos do leite. A inclusão da informação de marcadores genéticos na matriz de relacionamentos não alterou as estimativas de parâmetros genéticos ou a classificação dos animais de acordo com o valor genético, com correlações de ranking acima de 0,87. Contudo, o uso da abordagem genômica ocasionou aumento entre 1,5% e 6,8% na acurácia dos valores genéticos, à exceção de idade ao primeiro parto, para a qual houve uma redução de 1,9%. Ganhos genéticos e tendências genéticas favoráveis foram preditas para idade ao primeiro parto, teor de lactose, teor de proteína, teor de caseína e escore de células somáticas. O relacionamento antagônico entre produção de leite e teor dos componentes do leite bem como o ganho genético nulo em características relacionadas à qualidade do leite, como teor de gordura; enfatizam a necessidade de adoção de medidas que visem o progresso genético simultâneo nessas características, ponderadas pelas correlações genéticas e relevância econômica das mesmas, como o emprego do índice de seleção.

Palavras-chave: Ácidos graxos do leite; Correlação; Escore de células somáticas; Herdabilidade; SNP; Tendência genética

Abstract

The estimation of genetic parameters remains an essential step of the genetic evaluation, given the specificity of these values to the population under selection and the constant addition of new traits as criteria in sire selection. With the recent availability of genotypic data, it also became possible to improve the accuracy of genetic parameters and breeding values estimate obtained for traits with low heritability, difficult or expensive to measure or measured late in life. Therefore, the aim in this study was to investigate the potential use of health and milk composition traits as selection criteria in animal breeding programs, to assess the degree of relationship among them, and to evaluate the genetic progress achieved by selection in these economic important traits by including genomic information on genetic evaluation. Phenotypic records ($n = 36,457$) of 4,203 cows as well as the genotypes for 57,368 single nucleotide polymorphisms from 755 of these cows were used. Covariance components and breeding values were estimated using the restricted maximum likelihood methodology under a mixed animal model, considering a pedigree-based relationship matrix or a combined pedigree-genomic matrix. Annual genetic gains and genetic trends were predicted through a linear regression of breeding values in relation to birth year. High coefficients of heritability (between 0.30 and 0.39) were estimated for lactose content, protein content, casein content in milk and age at first calving whereas moderate coefficients of heritability (between 0.19 and 0.26) were obtained for fat content, total saturated fatty acids content and palmitic acid content in milk. Negative and moderate genetic correlations were determined between milk yield and milk component traits, with values ranging from -0.45 to -0.13, and negative and low between milk yield and age at first calving, with value equal to -0.04. Somatic cells score presented low correlation with the other studied traits whereas the genetic correlations between fat content and milk fatty acids content were high and positive. The inclusion of genetic markers information in the relationship matrix did not alter the estimates of genetic parameters or the animals' ranking according with their breeding values, with rank correlations higher than 0.87. However, the accuracy of breeding values increased from 1.5 to 6.8%, excepted for age at first calving, for which the accuracy decreased 1.9%. Favorable genetic gains and genetic trends were predicted for age at first calving, lactose content, protein content, casein content and somatic cells score. The antagonistic relationship between milk yield and milk components as well as the null genetic gain in some important milk quality traits, like fat content; emphasize the necessity in adopting strategies that allow the simultaneous genetic progress on these traits by considering their genetic correlation and economic relevance, such as the selection index.

Keywords: Correlation; Genetic trend; Heritability; Milk fatty acids; SNP; Somatic cells score

3.1 Introdução

O conhecimento acerca dos parâmetros genéticos é essencial para o delineamento de programas de melhoramento animal. Por meio destas estimativas torna-se possível compreender o mecanismo de herança das características observadas, quantificar a influência da genética sobre a expressão fenotípica de uma característica, mensurar o grau de associação entre medidas de uma mesma característica coletadas em diferentes períodos da vida de um indivíduo, avaliar o fenótipo como indicador do mérito genético bem como quantificar o grau

de relacionamento genético entre as características de interesse econômico. Além disso, essas informações são utilizadas na predição dos valores genéticos e da resposta à seleção, auxiliando nas decisões sobre a seleção de reprodutores e manejo de cruzamentos.

Em bovinocultura leiteira, diversos trabalhos têm apresentado valores de coeficientes de herdabilidade, repetibilidade e correlações genéticas para características de interesse econômico, como produção de leite, gordura e proteína, concentração de sólidos no leite e escore de células somáticas (BASTIN; SOYEURT; GENGLER, 2013; HAILE-MARIAM; BOWMAN; GODDARD, 2001; STOOP et al., 2008; TIEZZI et al., 2013). Contudo, a estimação de parâmetros genéticos permanece como uma etapa fundamental da avaliação genética. Primeiramente, pela recente ampliação dos critérios de seleção a características de fertilidade, eficiência alimentar e qualidade nutricional do leite. Em segundo, devido à especificidade desses parâmetros à população sob seleção.

Tradicionalmente, os parâmetros genéticos são estimados com base nas informações fenotípicas e de pedigree, utilizando-se um modelo misto animal. Atualmente, no entanto, com a disponibilidade da informação genômica, a similaridade genética entre os indivíduos pode ser determinada mais acuradamente, contabilizando-se os desvios oriundos da amostragem Mendeliana. O uso de dados moleculares tem sido especialmente útil na avaliação genética de animais jovens e de características de baixa herdabilidade, difícil ou tardia mensuração, visto que possibilita a estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos acurados mesmo se dados fenotípicos e de pedigree estão indisponíveis ou estão em número limitado (KRAG et al., 2013).

A informação genômica pode ser incorporada na avaliação genética substituindo-se a matriz de relacionamentos tradicional, baseada na informação de pedigree, por uma matriz genômica (VANRADEN, 2008), que utiliza exclusivamente a informação advinda dos polimorfismos de nucleotídeo único (SNP); ou por uma matriz que combina ambas as informações de pedigree e dos SNP, incluindo animais genotipados e não genotipados (AGUILAR et al., 2010). Estudos que incluem dados genotípicos na avaliação genética de bovinos leiteiros têm observado um aumento na acurácia das estimativas de parâmetros genéticos (HAILE-MARIAM et al., 2013; KRAG et al., 2013; VEERKAMP et al., 2011) bem como das predições dos valores genéticos (VANRADEN et al., 2009; WIGGANS; VANRADEN; COOPER, 2011).

Assim sendo, os objetivos neste estudo foram: *i*) investigar o potencial de uso de características relacionadas à saúde do úbere e composição do leite como critérios de seleção em programas de melhoramento genético, *ii*) determinar o grau de relacionamento entre estas,

iii) e avaliar o progresso genético alcançado por meio de seleção nestas características de importância econômica incluindo-se a informação genômica na avaliação genética.

3.2 Material e Métodos

3.2.1 Animais e Dados

Foram utilizadas mensurações mensais de características produtivas de vacas holandesas, obtidas juntamente a quatro fazendas entre maio de 2012 e dezembro de 2014 com a colaboração da Clínica do Leite, pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (Universidade de São Paulo, unidade de Piracicaba). Três destas fazendas estão localizadas no Estado de São Paulo, caracterizado por temperaturas médias mensais variando de 9,1 a 29,4 °C e pluviosidade anual de aproximadamente 1.500 mm. A quarta fazenda está localizada no estado do Paraná, com temperaturas médias mensais entre 8,2 e 27,6°C e pluviosidade anual de 1.971 mm (Figura 2). Nestes rebanhos, as vacas são ordenhadas três vezes ao dia em um sistema automático de ordenha, sendo mantidas em free-stall e alimentadas por ração misturada total. Os componentes principais da ração são silagem de milho, feno de capim, caroço de algodão, farelo de soja, casca de soja, farelo de milho, polpa cítrica, minerais e vitaminas. Inicialmente, o número de vacas por fazenda foi igual a 3.323, 544, 348 e 1.003.



Figura 2 - Imagens de duas das quatro fazendas englobadas nesse estudo.

Foram disponibilizadas informações individuais acerca da genealogia, data de parto, dias em lactação e número de lactações adicionalmente aos dados de desempenho individual, como idade ao primeiro parto (IPP, em dias), produção de leite (PROD, em kg), contagem de

células somáticas (CCS), teor (g/100g de leite) de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CAS) e de ácidos graxos (saturados, SAT, insaturados, INSAT, monoinsaturados, MONO, poli-insaturados, POLI, ácido graxo palmítico, C16:0, esteárico, C18:0, e oleico, C18:1, Tabela 1) no leite. As mensurações dos componentes do leite foram determinadas por meio de espectrometria em infravermelho médio (Delta Instruments CombiScope™ Filter, Advanced Instruments, Inc., Norwood, EUA), utilizando-se amostras de leite refrigeradas e conservadas com bronopol. Não foram desenvolvidas equações de calibração nesse estudo. No entanto, a mensuração de ácidos graxos por espectrometria em infravermelho médio foi validada para a metodologia de cromatografia gasosa, conforme detalhado em Rodriguez et al. (2014). As correlações entre as medidas de ácidos graxos obtidas pelos dois métodos variaram de 0,60 a 0,92 e um viés de -8,6 a 6,91 g/100g de gordura foi estimado utilizando-se o teste de Bland-Altman. Apesar desta diferença, 94% das amostras foram incluídas nos limites de concordância do teste de Bland-Altman, indicando que os métodos apresentam o mesmo padrão de composição da gordura do leite e conseqüentemente, permitem conclusões similares sobre as amostras de leite sob avaliação.

Tabela 1 - Ácidos graxos considerados nos grupos de ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO) e poli-insaturados (POLI).

| Grupo | Ácido graxo |
|--------------|--|
| SAT | Butírico (C4:0), caprótico (C6:0), caprílico (C8:0), cáprico (C10:0) hendecanóico (C11:0), láurico (C12:0), tridecanóico (C13:0), mirístico (C14:0), pentadecanóico (C15:0), palmítico (C16:0), margárico (C17:0), esteárico (C18:0), n-nonadecílico (C19:0), tricosanóico (C23:0), lignocérico (C24:0) |
| INSAT | Miristoléico (C14:1), cis-10-pentadecanóico (C15:1), palmitoléico (C16:1), cis-10-heptadecanóico (C17:1), oleico (C18:1 ω 9), elaídico (C18:1 ω 9), vacênico (C18:1 ω 7), linoleico (C18:2 ω 6), linolênico (C18:3 ω 3), nonadecenoico (C19:1), linoleico conjugado (c9,t11-CLA), di-homo- γ -linolênico (C20:3 ω 3), erúxico (C22:1 ω 9), eicosapentaenoico (EPA, C20:5), docosadienóico (C22:2), nervônico (C24:1) |
| MONO | Miristoléico (C14:1), cis-10-pentadecanóico (C15:1), palmitoléico (C16:1), cis-10-heptadecanóico (C17:1), oleico (C18:1 ω 9), elaídico (C18:1 ω 9), vacênico (C18:1 ω 7), nonadecenoico (C19:1), erúxico (C22:1 ω 9), nervônico (C24:1) |
| POLI | Linoleico (C18:2 ω 6), linolênico (C18:3 ω 3), linoleico conjugado (c9,t11-CLA), di-homo- γ -linolênico (C20:3 ω 3), eicosapentaenoico (EPA, C20:5), docosadienóico (C22:2) |

Visto que a característica de contagem de células somáticas não apresenta distribuição normal dos dados, em substituição desta foi calculado o escore de células somáticas (ECS)

utilizando-se a equação $ECS = \text{Log}_2(\text{CCS}/100.000) + 3$, igualmente ao proposto em Aka e Shook (1980). Inicialmente, a contagem de células somáticas nas amostras de leite analisadas variou de 1.000 a 15.974.000 células por mililitro de leite.

Os grupos de contemporâneas (GC) foram formados concatenando-se o ano de parto, estação de parto (abril a setembro – estação seca; outubro a março – estação das águas), rebanho e mês e ano de análise, de maneira que foram compostos 561 grupos com um a 738 indivíduos. Para a característica de idade ao primeiro parto, os grupos de contemporâneas consideraram apenas o rebanho, ano e estação de parto, formando-se 60 GC de um a 304 indivíduos. Anteriormente às análises genéticas, foram eliminadas informações referentes a animais pertencentes à GC com menos de cinco indivíduos; com nenhum dado de desempenho em determinada data de coleta; e sem informação de data de parto, ordem de lactação e/ou idade. Foram ainda excluídos registros fora da amplitude aceitável (mais ou menos três desvios-padrão, Tabela 2), associados a dias em lactação inferior a cinco ou superior a 305, a idade maior que 3.025 dias (aproximadamente oito anos) e também a número de lactações igual ou maior a sete.

Tabela 2 - Mínimo e máximo aceitável para a manutenção da medida no banco de dados para idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CAS), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1)*.

| Característica | Mínimo | Máximo |
|-----------------------|---------------|---------------|
| IPP | 418,78 | 1.252,39 |
| PROD | 5,00 | 64,43 |
| ECS | -3,39 | 10,14 |
| GOR | 1,00 | 6,03 |
| PROT | 2,05 | 4,23 |
| LACT | 3,56 | 5,51 |
| CAS | 1,40 | 3,40 |
| SAT | 0,58 | 3,95 |
| INSAT | 0,06 | 2,06 |
| MONO | 0,03 | 1,76 |
| POLI | 0,00 | 0,32 |
| C16:0 | 0,14 | 1,60 |
| C18:0 | 0,10 | 1,13 |
| C18:1 | 0,00 | 1,40 |

*PROD medida em kg. ECS expressa em pontos. Demais componentes do leite expressos em g/100g de leite. IPP em dias.

Ao final da edição dos dados restaram 36.457 informações referentes a 4.203 vacas, filhas de 226 touros e pertencentes a 298 GC. Especificamente para IPP, 51 GC restaram para análise. A distribuição dos registros entre os GC é apresentada na Figura 3. Foram consideradas 2.614, 1.937, 1.135, 565, 242 e 48 vacas de primeira à sexta lactação, respectivamente, com 1.188 vacas possuindo registros em duas ou mais lactações. A distribuição dos dados por dias em lactação e ordem de lactação é apresentada na Figura 4 enquanto a descrição estatística das características mensuradas está inserida na Tabela 3.

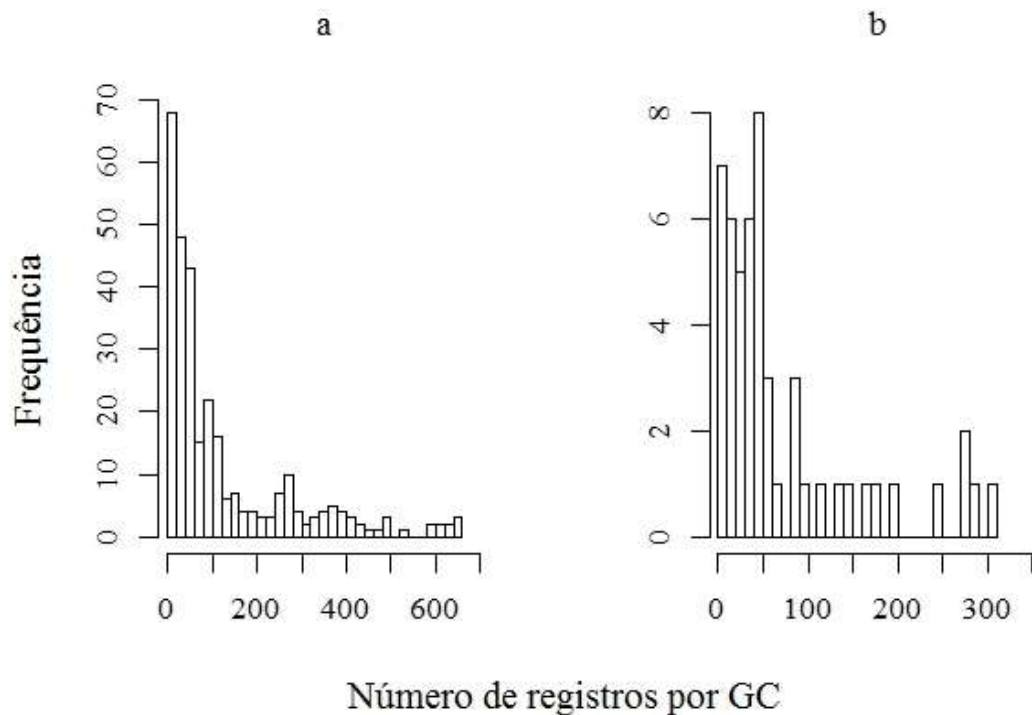


Figura 3 - Distribuição dos registros entre os grupos de contemporâneos (GC) considerados para as características de produção e qualidade do leite (a) e entre os grupos de contemporâneos considerados para idade ao primeiro parto (b).

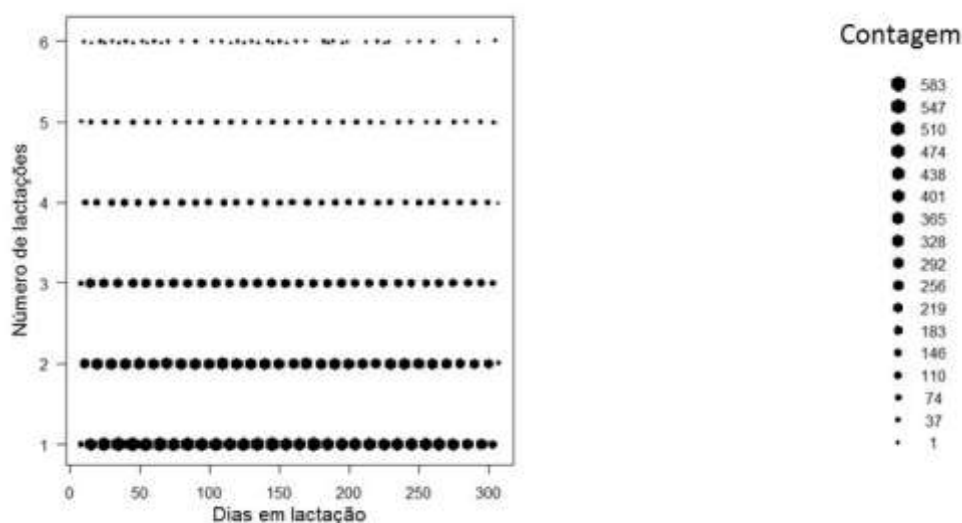


Figura 4 - Número de informações disponíveis por número de lactações e dias em lactação.

Tabela 3 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) obtidos para idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1)*.

| Característica | N | Média | DP | CV | MIN | MAX |
|----------------|--------|--------|---------|------|--------|----------|
| IPP | 3.755 | 826,18 | 117,890 | 14,3 | 491,00 | 1.249,00 |
| PROD | 30.430 | 34,20 | 10,076 | 29,5 | 5,00 | 64,00 |
| ECS | 34.162 | 3,06 | 2,257 | 73,8 | -2,64 | 10,11 |
| GOR | 32.952 | 3,45 | 0,748 | 21,7 | 1,00 | 6,03 |
| PROT | 33.195 | 3,05 | 0,302 | 9,9 | 2,07 | 4,23 |
| LACT | 33.051 | 4,60 | 0,238 | 5,2 | 3,56 | 5,25 |
| CASEIN | 25.016 | 2,32 | 0,280 | 12,1 | 1,40 | 3,40 |
| SAT | 29.696 | 2,23 | 0,506 | 22,7 | 0,61 | 3,95 |
| INSAT | 29.606 | 1,03 | 0,298 | 28,8 | 0,07 | 2,06 |
| MONO | 29.599 | 0,87 | 0,257 | 30,8 | 0,04 | 1,76 |
| POLI | 29.744 | 0,16 | 0,049 | 30,8 | 0,01 | 0,32 |
| C16:0 | 29.731 | 0,84 | 0,221 | 26,2 | 0,15 | 1,60 |
| C18:0 | 29.556 | 0,61 | 0,156 | 25,6 | 0,10 | 1,13 |
| C18:1 | 29.580 | 0,67 | 0,214 | 32,1 | 0,01 | 1,40 |

*PROD medida em kg. ECS expressa em pontos. Demais componentes do leite expressos em g/100g de leite.

O número de vacas por rebanho foi igual a 2.800, 518, 139 e 746. O número de medidas por vaca variou de um a 28, com a média de medidas por lactação por vaca igual a 5,57 (Tabela 4).

Tabela 4 - Montante de animais em relação ao número de medidas (de 1 a 28) por característica.

| Característica* | Número de medidas | | | | | | |
|-----------------|-------------------|-------|--------|---------|---------|---------|---------|
| | 1 | 2 a 5 | 6 a 10 | 11 a 15 | 16 a 20 | 21 a 25 | 26 a 28 |
| PROD | 263 | 1.323 | 1.649 | 1.017 | 133 | 21 | 3 |
| ECS | 173 | 1.035 | 1.823 | 869 | 274 | 13 | 0 |
| GOR | 179 | 1.171 | 1.776 | 823 | 222 | 12 | 0 |
| PROT | 175 | 1.150 | 1.786 | 830 | 231 | 12 | 0 |
| LACT | 182 | 1.152 | 1.800 | 813 | 226 | 12 | 0 |
| CASEIN | 191 | 1.212 | 1.618 | 524 | 65 | 1 | 0 |
| SAT | 198 | 1.496 | 1.631 | 686 | 164 | 7 | 0 |
| INSAT | 191 | 1.504 | 1.634 | 680 | 162 | 6 | 0 |
| MONO | 192 | 1.500 | 1.635 | 682 | 162 | 6 | 0 |
| POLI | 194 | 1.494 | 1.635 | 686 | 165 | 6 | 0 |
| C16:0 | 198 | 1.494 | 1.632 | 687 | 164 | 7 | 0 |
| C18:0 | 192 | 1.493 | 1.646 | 671 | 161 | 7 | 0 |
| C18:1 | 193 | 1.498 | 1.644 | 674 | 162 | 6 | 0 |

*PROD = produção de leite, ECS = escore de células somáticas, GOR = teor de gordura, PROT = teor de proteína, LACT = teor de lactose, CASEIN = teor de caseína, SAT = teor de ácidos graxos saturados, INSAT = teor de ácidos graxos insaturados, MONO = teor de ácidos graxos monoinsaturados, POLI = teor de ácidos graxos poli-insaturados, C16:0 = teor de ácido graxo palmítico, C18:0 = teor de ácido graxo esteárico, C18:1 = teor de ácido graxo oleico.

3.2.2 Genótipos

Genótipos de 768 das vacas mensuradas foram obtidos por meio do painel Illumina Bovine LD BeadChip (Illumina, San Diego, EUA, 6k), o qual inclui 6.909 polimorfismos de nucleotídeo único (*single nucleotide polymorphism*, SNP). Estas vacas são filhas de 113 touros e representam 249 GC. A extração do material genético foi feita a partir de bulbos pilosos da vassoura da cauda das vacas, utilizando-se o NucleoSpin Tissue[®] Kit (Macherey-Nagel GmbH & Co. KG, Düren, Alemanha).

A seleção das vacas para genotipagem foi realizada aleatoriamente por meio do método da amostragem estratificada simples, na qual todos os indivíduos possuem a mesma probabilidade de serem escolhidos, sem reposição, dentro de cada estrato (fazenda). A quantidade de animais selecionados por fazenda foi proporcional ao tamanho do rebanho, de maneira que o grupo de indivíduos genotipados foi composto por 515, 157 e 91 animais de três fazendas consideradas nesse estudo. Participaram da seleção apenas animais com informações de parentesco (pai e mãe) e com dados fenotípicos para as características de interesse. Adicionalmente, atentou-se para que os touros com maior número de filhas e grupos de contemporâneas fossem representados pelas vacas genotipadas. Na edição dos dados

fenotípicos, 89 vacas genotipadas tiveram seus dados fenotípicos excluídos. As estatísticas descritivas dos dados de produção dos demais 666 animais são apresentadas na tabela 5.

Tabela 5 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) obtidos para idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de lactose (LACT), teor de caseína (CASEIN), escore de células somáticas (ECS), teor de ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1)* dos animais genotipados.

| Característica | N | Média | DP | CV | MIN | MAX |
|-----------------------|----------|--------------|-----------|-----------|------------|------------|
| IPP | 569 | 849,85 | 125,689 | 14,8 | 623 | 1.247 |
| PROD | 5.523 | 32,78 | 10,375 | 31,7 | 5,00 | 64,00 |
| GOR | 6.434 | 3,38 | 0,731 | 21,6 | 1,02 | 6,00 |
| PROT | 6.457 | 3,01 | 0,301 | 10,0 | 2,10 | 4,23 |
| LACT | 6.419 | 4,52 | 0,244 | 5,4 | 3,56 | 5,18 |
| CASEIN | 3.626 | 2,27 | 0,287 | 12,7 | 1,41 | 3,40 |
| ECS | 6.574 | 3,66 | 2,291 | 62,6 | -2,06 | 9,83 |
| SAT | 6.125 | 2,18 | 0,485 | 22,2 | 0,66 | 3,93 |
| INSAT | 6.103 | 1,02 | 0,290 | 28,3 | 0,07 | 2,06 |
| MONO | 6.100 | 0,87 | 0,247 | 28,5 | 0,05 | 1,76 |
| POLI | 6.114 | 0,16 | 0,049 | 31,6 | 0,01 | 0,32 |
| C16:0 | 6.126 | 0,82 | 0,206 | 25,0 | 0,17 | 1,60 |
| C18:0 | 6.091 | 0,61 | 0,151 | 24,8 | 0,10 | 1,13 |
| C18:1 | 6.103 | 0,65 | 0,205 | 31,3 | 0,02 | 1,40 |

*IPP expressa em dias. PROD medida em kg. ECS expressa em pontos. Demais componentes do leite expressos em g/100g de leite.

Análise de imputação foi utilizada para o enriquecimento dos dados genotípicos. A população de referência adotada para esta imputação foi formada por 707.185 touros e vacas da raça Holandesa, dos quais 72 eram pais de 573 vacas com genótipos. Essa população de referência possuía genótipos para 60.671 SNP nas plataformas Illumina BovineSNP50 (Illumina, San Diego, EUA; Figura 5) ou GeneSeek Genomic Profiler HD (Neogen Agrigenomics, Lexington, EUA). O procedimento de imputação foi desenvolvido pelo Animal Genomics and Improvement Laboratory (Agricultural Research Service, USDA) sob responsabilidade do Dr. George Wiggans, utilizando o programa findhap.f90 (VANRADEN, 2015; VANRADEN et al., 2011). Neste programa a construção dos haplótipos é baseada na informação de população e de família. Os genótipos são codificados numericamente como 0 e 2 para os homocigotos de cada alelo e 1 para o heterocigoto. Os haplótipos são codificados como 0 para o primeiro alelo, 2 para o segundo alelo e 1 para alelo desconhecido. Primeiramente, os cromossomos são divididos em blocos de SNP, formando uma biblioteca de blocos de haplótipos ordenados por frequência. Os haplótipos do painel de baixa densidade

são buscados nesta biblioteca até um haplótipo correspondente ser identificado, sendo então os alelos desconhecidos substituídos pelos alelos do haplótipo encontrado. Posteriormente, o haplótipo complementar, obtido pela remoção do primeiro haplótipo do genótipo, é buscado na biblioteca de haplótipos remanescentes. Caso o haplótipo não exista na biblioteca, ele é adicionado ao fim da lista de haplótipos. Nas duas primeiras interações apenas a informação de população é empregada. Os métodos baseados no pedigree e na população são utilizados conjuntamente nas iterações subsequentes para a localização de haplótipos. Ao final, a imputação de haplótipos de ancestrais não-genotipados bem como a resolução de conflitos entre genótipos de parentais e progênie são realizadas somente a partir do pedigree (SUN et al., 2012; VANRADEN et al., 2011).

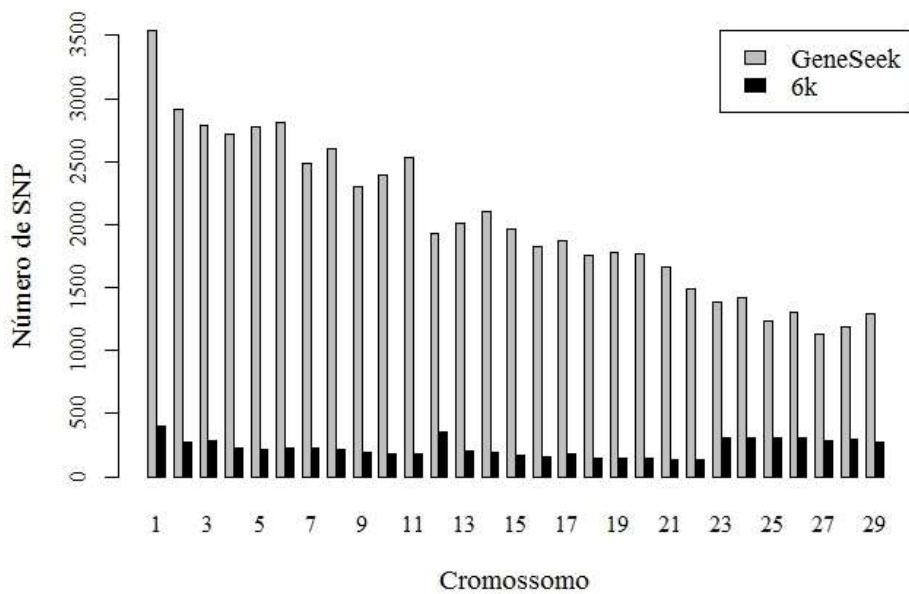


Figura 5 - Número de SNP por cromossomo (exceto os cromossomos sexuais) no painel de baixa densidade (6k) e no painel de referência (GeneSeek) anteriormente às análises de controle de qualidade.

Durante a análise de imputação, onze amostras com genótipos duplicados e/ou com parentesco incompatível foram excluídas, restando 757 amostras com informação de 60.671 SNP. Adicionalmente foram eliminadas amostras com call-rate menor que 90% (n=2) bem como marcadores situados nos cromossomos sexuais (n=1.549), com proporção de genótipos perdidos maior que 20% (n=145), monomórficos (n=102), com frequência alélica menor que 0,02 (*minor allele frequency*, MAF, n=1.507). Nenhum SNP foi eliminado devido ao critério

de frequência de heterozigotos maior que 0,15 do que o esperado por equilíbrio de Hardy-Weinberg. Assim, foram considerados 755 vacas e 57.368 SNP nas análises genéticas.

3.2.3 Estimação dos componentes de covariância

Os componentes de variância foram estimados sob duas abordagens: uma baseada no pedigree, incluindo a matriz de relacionamentos \mathbf{A} no modelo genético; e uma abordagem genômica, a qual incluiu a matriz \mathbf{H} combinando a informação dos marcadores genéticos e do pedigree. Para ambas, o seguinte modelo genético uni-característica foi ajustado:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{S}\mathbf{c} + \boldsymbol{\varepsilon} \quad [1]$$

em que \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas; \mathbf{X} é a matriz de incidência dos efeitos fixos; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos; \mathbf{Z} é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios aditivos genéticos; \mathbf{a} é o vetor de efeitos aditivos genéticos, os quais são a soma dos efeitos genômicos e poligênicos residuais; \mathbf{S} é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios de ambiente permanente; \mathbf{c} é o vetor dos efeitos permanentes de ambiente; e $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de efeitos residuais, com $\boldsymbol{\varepsilon} \sim \text{NID}(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma^2)$. O vetor $\boldsymbol{\beta}$ incluiu os efeitos de grupo de contemporâneas, ordem de lactação, e como covariável o efeito cúbico de dias em lactação. Os efeitos de ambiente permanente bem como de ordem de lactação não foram considerados no modelo para IPP. Foi ainda assumido $\mathbf{a} \sim \text{N}(\mathbf{0}, \mathbf{A}\hat{\sigma}_a^2)$ para a abordagem baseada no pedigree, e $\mathbf{a} \sim \text{N}(\mathbf{0}, \mathbf{H}\hat{\sigma}_a^2)$ para a abordagem genômica.

A inversa da matriz \mathbf{H} seguiu a estrutura apresentada em Aguilar et al. (2010) e Christensen e Lund (2010):

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{G}_w^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}, \quad [2]$$

em que \mathbf{A}_{22} é a sub-matriz de \mathbf{A} para os animais genotipados, e $\mathbf{G}_w = w\mathbf{G} + (1-w)\mathbf{A}_{22}$, com \mathbf{G} igual à matriz de relacionamento genômica obtida em VanRaden (2008), e a constante w igual a 0,80, representando a proporção da variância genética aditiva contabilizada pelos marcadores genéticos. A escolha do valor de w foi baseada em Christensen et al. (2012), no qual o valor ótimo de w encontrou-se entre 0,70 e 0,85. O pedigree foi formado por 8.790 animais, 4.197 vacas e 576 touros de 6,85 gerações, considerando-se a primeira geração como um (BRINKS; CLARK; RICE, 1961).

A variância fenotípica foi obtida como a soma da variância genética aditiva, variância devida aos efeitos de ambiente permanente e variância residual. Por sua vez, o coeficiente de

herdabilidade (h^2) foi calculado como a razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica enquanto a proporção da variância fenotípica devido aos efeitos de ambiente permanente (c^2) foi determinada como a razão entre a variância de ambiente permanente e a variância fenotípica.

Os componentes de covariância associados aos efeitos aditivos genéticos, de ambiente permanente e residuais foram estimados por meio do modelo bi-característica:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \boldsymbol{\beta}_1 \\ \boldsymbol{\beta}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{S}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{S}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{c}_1 \\ \mathbf{c}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \boldsymbol{\varepsilon}_1 \\ \boldsymbol{\varepsilon}_2 \end{bmatrix} \quad [3]$$

em que os vetores \mathbf{y}_1 e \mathbf{y}_2 são referentes às observações da primeira e segunda característica, respectivamente; \mathbf{X}_1 e \mathbf{X}_2 são as matrizes de delineamento e $\boldsymbol{\beta}_1$ e $\boldsymbol{\beta}_2$ são os vetores de efeitos fixos para a primeira e segunda característica, respectivamente; \mathbf{Z}_1 e \mathbf{Z}_2 são as matrizes de delineamento e \mathbf{a}_1 e \mathbf{a}_2 são os vetores dos efeitos aleatórios aditivos genéticos, com $N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}^{-1})$ ou $N(\mathbf{0}, \mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{H}^{-1})$, em que \mathbf{G}_0 é a matriz de (co)variâncias entre os efeitos genéticos aditivos; \mathbf{S}_1 e \mathbf{S}_2 são as matrizes de delineamento dos efeitos aleatórios de ambiente permanente para a primeira e segunda característica enquanto \mathbf{c}_1 e \mathbf{c}_2 são os vetores dos efeitos de ambiente permanente, com $\mathbf{c}_1, \mathbf{c}_2 \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{E}_p \otimes \mathbf{I})$, em que \mathbf{E}_p é a matriz de (co)variâncias entre os efeitos de ambiente permanente; e $\boldsymbol{\varepsilon}_1$ e $\boldsymbol{\varepsilon}_2$ são os vetores de efeitos residuais $N(\mathbf{0}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I})$, sendo \mathbf{R} a matriz de (co)variâncias entre os efeitos residuais.

As correlações genéticas (r_g) foram obtidas como a razão entre a covariância aditiva genética e a raiz quadrada do produto das variâncias genéticas de cada característica enquanto as correlações fenotípicas (r_p) foram obtidas por meio da razão entre a covariância fenotípica (igual à soma entre as covariâncias genética, de ambiente permanente e residual) e a raiz quadrada do produto das variâncias fenotípicas associadas a cada característica.

Nas análises bi-característica envolvendo IPP o efeito permanente de ambiente foi incluído no modelo de maneira a forçar a covariância entre os efeitos ambientais dentro da covariância entre os efeitos de ambiente permanente ao invés de incluí-los na covariância entre efeitos residuais quando uma das características é medida mais de uma vez. Contudo, apesar da inclusão da covariância ambiental na covariância entre os efeitos de ambiente permanente ser viável, a interpretação destes valores para uma característica sem medidas repetidas, como IPP, deve ser realizada com cuidado (OKUT et al., 1999). Dado o completo confundimento entre os efeitos permanentes de ambiente e efeitos residuais, a variância devida a esses efeitos pode ser atribuída a ambos os componentes de variância (HANFORD; VAN VLECK; SNOWDER, 2003). Dessa forma, a variância ambiental para IPP nesta análise

foi calculada como a soma entre os componentes de variância para efeito permanente e efeito residual (HANFORD; VAN VLECK; SNOWDER, 2003). Similarmente ao descrito anteriormente, as correlações genéticas foram calculadas como a razão entre a covariância genética e a raiz quadrada do produto entre as variâncias genéticas enquanto as correlações fenotípicas foram estimadas pela razão entre a covariância fenotípica (obtida pela soma das covariâncias genética e ambiental) e a raiz quadrada do produto entre variâncias fenotípicas de cada característica (obtidas como a soma entre as variâncias genética e ambiental).

As estimativas dos componentes de (co)variância e seus respectivos erros-padrão foram obtidas por meio do método de máxima verossimilhança restrita com o algoritmo AI (*average information*) sob os modelos [1] e [3], utilizando o programa AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002, critério de convergência = 10^{-12}). Os erros-padrão para a variância aditiva, variância dos efeitos de ambiente permanente e variância residual foram estimados como a raiz quadrada dos elementos da diagonal da inversa da matriz de informação. Para a variância fenotípica, coeficientes de herdabilidade, proporção da variância fenotípica devida aos efeitos de ambiente permanente, correlações genéticas e correlações fenotípicas, como alternativa aos erros-padrão, foram obtidos os desvios-padrão para as estimativas utilizando a abordagem de amostragem repetida proposta por Meyer e Houle (2013). Para tanto, 5.000 amostras dos componentes de variância e covariância foram obtidos da distribuição multivariada assintótica. Posteriormente, as funções dos componentes de variância são computadas para cada amostra e, médias e desvios-padrão são calculados para cada função a partir dos valores de todas as amostras (ELZO et al., 2015).

3.2.4 Predição dos valores genéticos

As estimativas oriundas da análise sob o modelo [1] foram posteriormente adotadas na predição dos valores genéticos, desenvolvidas no programa BLUPF90 (MISZTAL et al., 2002). Esta predição foi realizada sob abordagem tradicional, baseada na matriz de relacionamentos, e genômica, baseada na matriz de relacionamentos combinada, incluindo-se os efeitos descritos em [1].

A acurácia (r) dos valores genéticos foi estimada por meio da expressão:

$$r = \sqrt{1 - \frac{EP_j^2}{\hat{\sigma}_a^2}} \quad [4]$$

em que EP_j é o erro-padrão associado ao valor genético do *j-ésimo* animal e $\hat{\sigma}_a^2$ é a variância genética aditiva da característica (HAYES et al., 2009).

Adicionalmente, a tendência genética foi estimada pela regressão linear dos valores genéticos, obtidos em ambas as abordagens, em relação ao ano de nascimento. O coeficiente de regressão foi considerado o ganho genético anual de cada característica. A regressão linear foi desenvolvida pela equação:

$$y_{ij} = \mu + b(x_{ij} - \bar{x}) + e_{ij} \quad [5]$$

Em que y_{ij} é o valor genético predito para o *j-ésimo* animal do *i-ésimo* ano de nascimento, μ é o intercepto, b é o coeficiente angular associado ao ano de nascimento, x_{ij} é o *i-ésimo* ano de nascimento do *j-ésimo* animal, \bar{x} é a média do ano de nascimento, e e_{ij} é o resíduo, NID (0, $\hat{\sigma}^2$).

3.3 Resultados e Discussão

3.3.1 Parâmetros genéticos

As estimativas de componentes de variância e herdabilidade para características de produção e composição do leite obtidas por meio das abordagens tradicional e genômica são apresentadas nas Tabelas 6 e 7, respectivamente, enquanto as correlações genéticas e fenotípicas são apresentadas nas Tabelas de 8 a 10. As estimativas de herdabilidade e correlação (e erros-padrão) obtidos utilizando-se uma matriz de relacionamentos baseada no pedigree e uma matriz de relacionamentos combinada foram similares (Tabelas 6 a 9), provavelmente devido à semelhança entre ambas (MISZTAL; AGGREY; MUIR, 2013). A diferença média entre os elementos de **A** e **H** foi de apenas 0,01 enquanto a diferença média entre as inversas de **G** (matriz genômica) e **A₂₂** (sub-matriz de **A** para os animais genotipados) foi igual a 0,00024 (Figura 6). Adicionalmente, a quantidade de informação por vaca pode ter minimizado o impacto da informação genômica sobre os resultados. O número de registros mensais por vaca variou de um a 28. Além disso, 1.010 vacas com fenótipos também possuem filhas mensuradas. Deve-se considerar que o principal objetivo da genômica é permitir a avaliação acurada de animais ao nascimento. Portanto, apesar dos dados genotípicos contribuírem para o aumento da acurácia na avaliação de vacas mensuradas, pouco resta da variação fenotípica para os genótipos explicarem. Consequentemente, torna-se possível a obtenção de estimativas confiáveis sem a informação dos SNP.

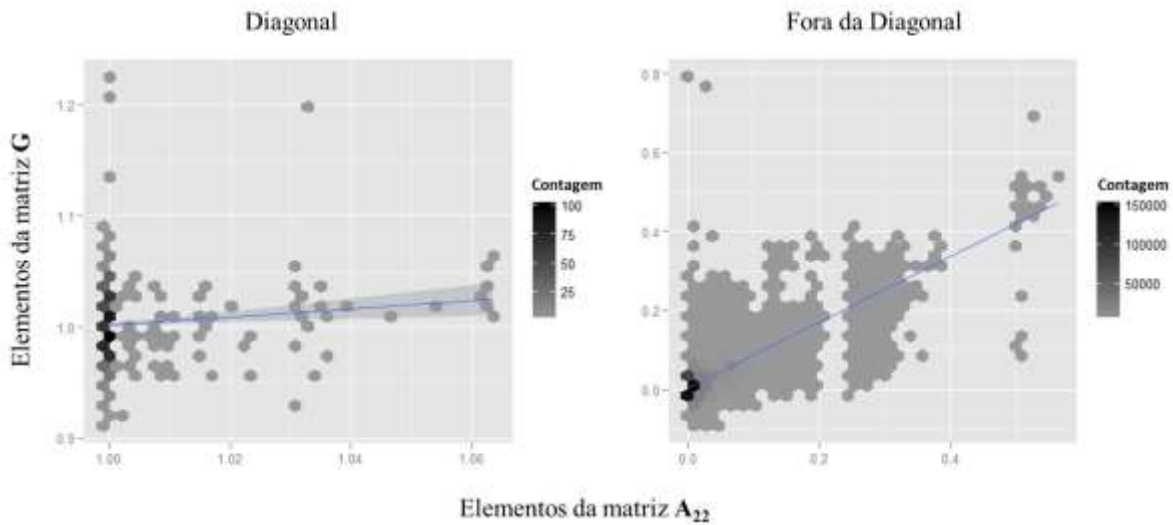


Figura 6 - Elementos da diagonal e de fora da diagonal das matrizes A_{22} (sub-matriz de A para os animais genotipados) e G (matriz genômica) (a linha em azul representa uma regressão linear enquanto a área sombreada são os intervalos de confiança a 0,95 de probabilidade)

Provavelmente uma maior diferença entre as abordagens tradicional e genômica fosse observada se a relação entre o número de vacas genotipadas e o total de vacas fosse maior bem como se houvesse a inclusão dos genótipos dos touros. Veerkamp et al. (2011) estimaram parâmetros genéticos para produção de leite, peso corporal e consumo de matéria seca utilizando uma matriz de relacionamentos baseada no pedigree, na informação de 43.011 SNP, ou na combinação de ambos, em um banco de dados formado por 639 (517 com genótipos) vacas holandesas de primeiro parto. Eles observaram uma redução nas estimativas de herdabilidade quando os relacionamentos genômicos foram adotados, possivelmente devido a diferenças de base e escala entre as matrizes de relacionamento bem como à informação adicional do efeito de amostragem Mendeliana na matriz genômica. No entanto, o uso da matriz baseada na informação dos SNP contribuiu para o aumento na acurácia destas estimativas. Em um estudo similar de Haile-Mariam et al. (2013), considerando-se a diferença esperada na progênie (DEP) para determinada característica como fenótipo de 2.216 touros da raça Holandesa genotipados para 45.993 SNP, uma menor fração da variação na DEP foi explicada pelo efeito genético aditivo quando utilizada a matriz genômica em comparação à matriz de relacionamentos baseada no pedigree. Esta menor “herdabilidade” foi atribuída a um possível desequilíbrio de ligação imperfeito entre o SNP e o loci de característica quantitativa (*quantitative trait loci* – QTL) que influencia o fenótipo. Entretanto, ainda são escassos estudos que analisam o impacto da informação genômica sobre a estimação de parâmetros genéticos.

Tabela 6 - Componentes de (co)variâncias e coeficientes de herdabilidade* (erro-padrão) estimados sob abordagem tradicional para produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1)**.

| Característica | $\hat{\sigma}_a^2$ | $\hat{\sigma}_{pe}^2$ | $\hat{\sigma}_e^2$ | $\hat{\sigma}_p^2$ | h^2 | c^2 |
|----------------|-----------------------|------------------------|------------------------|------------------------|-----------------|-----------------|
| IPP | 3.698,9 (542,84) | | 6.371,3 (431,84) | 10.070 (266,30) | 0,37 (0,048) | |
| PROD | 8,42420 (1,503600) | 19,68500 (1,318700) | 40,47500 (0,354480) | 68,58400 (0,899850) | 0,12 (0,021) | 0,29 (0,020) |
| ECS | 0,52033 (0,087570) | 1,29330 (0,077619) | 2,48210 (0,020354) | 4,29570 (0,055156) | 0,12 (0,020) | 0,30 (0,018) |
| GOR | 0,09636 (0,009690) | 0,03606 (0,007097) | 0,38122 (0,003184) | 0,51365 (0,005666) | 0,19 (0,018) | 0,07 (0,014) |
| PROT | 0,02257 (0,001771) | 0,00662 (0,001206) | 0,03615 (0,000302) | 0,06534 (0,000971) | 0,35 (0,024) | 0,10 (0,019) |
| LACT | 0,01324 (0,001240) | 0,00673 (0,000891) | 0,02427 (0,000203) | 0,04424 (0,000657) | 0,30 (0,025) | 0,15 (0,021) |
| CASEIN | 0,02122 (0,001773) | 0,00490 (0,001219) | 0,02854 (0,000277) | 0,05465 (0,000931) | 0,39 (0,028) | 0,09 (0,023) |
| SAT | 0,05703 (0,005180) | 0,01887 (0,003670) | 0,15201 (0,001349) | 0,22791 (0,002929) | 0,25 (0,021) | 0,08 (0,017) |
| INSAT | 0,00512 (0,000807) | 0,00329 (0,000665) | 0,05772 (0,000511) | 0,06612 (0,000610) | 0,08 (0,012) | 0,05 (0,010) |
| MONO | 0,00352 (0,000579) | 0,00246 (0,000483) | 0,04304 (0,000381) | 0,04902 (0,000448) | 0,07 (0,012) | 0,05 (0,010) |
| POLI | 0,00019 (0,000026) | 0,00012 (0,000021) | 0,00146 (0,000013) | 0,00176 (0,000017) | 0,11 (0,014) | 0,07 (0,012) |
| C16:0 | 0,01048 (0,000938) | 0,00332 (0,000659) | 0,02627 (0,000233) | 0,04007 (0,000525) | 0,26 (0,021) | 0,08 (0,017) |
| C18:0 | 0,00243 (0,000294) | 0,00126 (0,000228) | 0,01428 (0,000228) | 0,01797 (0,000187) | 0,13 (0,016) | 0,07 (0,013) |
| C18:1 | 0,00240 (0,000387) | 0,00190 (0,000327) | 0,02896 (0,000257) | 0,03326 (0,000306) | 0,07 (0,011) | 0,06 (0,010) |

* $\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância permanente de ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica; h^2 = coeficiente de herdabilidade; c^2 = proporção da variância fenotípica devida ao efeito de ambiente permanente.

**Variâncias associadas à IPP medida em dias². PROD medida em kg², a ECS expressa em pontos² e aos demais componentes do leite expressas em (g/100g de leite)².

Tabela 7 - Componentes de (co)variâncias e coeficientes de herdabilidade* (erro-padrão) estimados sob abordagem genômica para idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1)**.

| Característica | $\hat{\sigma}_a^2$ | $\hat{\sigma}_{pe}^2$ | $\hat{\sigma}_e^2$ | $\hat{\sigma}_p^2$ | h^2 | c^2 |
|----------------|-----------------------|------------------------|------------------------|------------------------|-----------------|-----------------|
| IPP | 3.558,6 (521,43) | | 6.496,9 (415,80) | 10.055,0 (264,61) | 0,35 (0,047) | |
| PROD | 8,58850 (1,509800) | 19,52800 (1,319700) | 40,47500 (0,354480) | 68,59100 (0,900990) | 0,13 (0,021) | 0,28 (0,020) |
| ECS | 0,53628 (0,088418) | 1,27860 (0,077865) | 2,48200 (0,020354) | 4,29690 (0,055296) | 0,12 (0,020) | 0,30 (0,018) |
| GOR | 0,09744 (0,009644) | 0,03489 (0,007041) | 0,38124 (0,003184) | 0,51357 (0,055296) | 0,19 (0,018) | 0,07 (0,014) |
| PROT | 0,02300 (0,001755) | 0,00617 (0,001186) | 0,03615 (0,000302) | 0,06532 (0,000970) | 0,35 (0,023) | 0,09 (0,019) |
| LACT | 0,01370 (0,001230) | 0,00631 (0,000875) | 0,02427 (0,000203) | 0,04428 (0,000658) | 0,31 (0,025) | 0,14 (0,021) |
| CASEIN | 0,02149 (0,001758) | 0,00459 (0,001202) | 0,02854 (0,000277) | 0,05463 (0,000930) | 0,39 (0,028) | 0,08 (0,023) |
| SAT | 0,05757 (0,005152) | 0,01826 (0,003637) | 0,15202 (0,001349) | 0,22785 (0,002927) | 0,25 (0,021) | 0,08 (0,016) |
| INSAT | 0,00530 (0,000811) | 0,00311 (0,000664) | 0,05772 (0,000511) | 0,06613 (0,000611) | 0,08 (0,012) | 0,05 (0,010) |
| MONO | 0,00364 (0,000583) | 0,00235 (0,000483) | 0,04304 (0,000381) | 0,04903 (0,000449) | 0,07 (0,012) | 0,05 (0,010) |
| POLI | 0,00020 (0,000026) | 0,00011 (0,000021) | 0,00146 (0,000013) | 0,00176 (0,000017) | 0,11 (0,014) | 0,06 (0,012) |
| C16:0 | 0,01062 (0,000934) | 0,00319 (0,000653) | 0,02627 (0,000233) | 0,04008 (0,000526) | 0,26 (0,021) | 0,08 (0,017) |
| C18:0 | 0,00243 (0,000293) | 0,00125 (0,000226) | 0,01428 (0,000127) | 0,01797 (0,000187) | 0,14 (0,016) | 0,07 (0,013) |
| C18:1 | 0,00246 (0,000388) | 0,00184 (0,000326) | 0,02896 (0,000257) | 0,03326 (0,000306) | 0,07 (0,011) | 0,06 (0,010) |

* $\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva; $\hat{\sigma}_{pe}^2$ = variância permanente de ambiente; $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual; $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica; h^2 = coeficiente de herdabilidade; c^2 = proporção da variância fenotípica devida ao efeito de ambiente permanente.

**Variâncias associadas à IPP medida em dias². PROD medida em kg², a ECS expressa em pontos² e aos demais componentes do leite expressas em (g/100g de leite)².

Coefficientes de herdabilidade maiores que 0,30 foram estimados para PROT, CASEIN, LACT e IPP. Herdabilidades moderadas foram obtidas para GOR, SAT e C16:0 enquanto as demais características apresentaram herdabilidades baixas, variando entre 0,07 e 0,14. O efeito permanente de ambiente foi principalmente importante para PROD e ECS, correspondendo a aproximadamente 30% da variância fenotípica (Tabelas 6 e 7). No geral, os

coeficientes de herdabilidade foram menores do que os estimados por Bastin, Gengler e Soyeurt (2011), Schopen et al. (2009), Soyeurt et al. (2008) e Stoop et al. (2008), os quais também empregaram medidas determinadas por espectrometria em infravermelho médio. A herdabilidade para GOR nestes estudos variaram entre 0,37 e 0,50 enquanto para PROT foram estimados valores entre 0,44 e 0,66. Tal diferença pode ser consequência do uso de vacas primíparas. Diferenças nos coeficientes de herdabilidade para características de produção de leite entre partições foram reportadas por Bastin, Soyeurt e Gengler (2013), com maiores herdabilidades geralmente estimadas na primeira partição. Walsh et al. (2007), baseado em McDonald (1968), atribuíram o efeito de partição sobre características do leite à presença de tetos com canais maiores e mais dilatados em vacas multíparas. Além disso, em Schopen et al. (2009) e Stoop et al. (2008), as medidas foram realizadas entre 63 e 282 dias em lactação, período no qual herdabilidades maiores foram reportadas (BASTIN; GENGLER; SOYEURT, 2011). No entanto, Tiezzi et al. (2013) e Penasa et al. (2015) obtiveram estimativas próximas às do presente estudo. No primeiro, 63.470 registros de 16.089 vacas de primeira à nona lactação e com seis a 365 dias em lactação foram utilizados para estimar valores de herdabilidade de 0,21 para GOR e 0,28 para PROT. No segundo estudo, as herdabilidades para GOR e PROT foram iguais a 0,20 e 0,27, respectivamente, em uma população de 25.317 vacas holandesas multíparas com amostras de leite coletadas entre cinco e 365 dias em lactação.

O mesmo comportamento foi observado para LACT, com estimativas de herdabilidade entre 0,48 e 0,51 em Miglior et al. (2007) e igual a 0,62 em Schopen et al. (2009). Contudo, uma estimativa próxima, igual a 0,33, foi estimada para LACT por Tiezzi et al. (2013) considerando-se registros mensais de 25.590 vacas da raça Holandesa de primeira à nona lactação e com dias em lactação entre seis e 365. No geral, poucos estudos apresentam a herdabilidade para LACT apesar da importância desse composto como maior carboidrato e osmólito do leite, determinando o volume de leite, e como matéria-prima na produção de derivados lácteos, como queijo e soro. Adicionalmente, um efeito favorável do teor de lactose sobre o tempo de coagulação foi reportado em uma população Ayrshire (LINDSTRÖM, ANTILA, SYVÄJÄRVI, 1984). No entanto, devido a sua moderada à alta herdabilidade e correlação positiva com PROT e GOR, critérios de seleção comuns na bovinocultura leiteira, uma seleção indireta para LACT provavelmente ocorre.

Para teor de caseína, coeficientes de herdabilidade igualmente elevados têm sido estimados em populações de diversas raças leiteiras, como 0,35 para Ayrshire (IKONEN et al., 2004), 0,35 (CASSANDRO et al., 2008) e 0,28 (TIEZZI et al., 2013) para Holandês e

0,31 para Pardo Suíço (SAMORÉ et al., 2007). Recentemente, o enfoque sobre o teor de caseína no leite tem aumentado por sua relação com as propriedades de coagulação do leite e importância na produção de queijos. Cassandro et al. (2008), por exemplo, reportou correlações genéticas de -0,22, 0,53, -0,36 e 0,65 entre porcentagem de caseína e tempo de coagulação do leite, consistência do coalho, pH e acidez titulável, respectivamente, indicando a possibilidade de uso do teor de caseína como critério para seleção indireta em tais características. Contudo, dada a alta correlação entre teor de proteína e caseína ($r_g = 0,99$, Tabelas 8 e 9), e a comum adoção de teor de proteína como critério de seleção, torna-se redundante a inclusão de ambas as características em programas de melhoramento genético.

Herdabilidades baixas para PROD e ECS foram também estimadas por Cassandro et al. (2008), Koivula, Negussie e Mäntysaari (2004), Negussie, Strandén e Mäntysaari (2008), Penasa et al. (2015), Soyeurt et al. (2007) e Tiezzi et al. (2013), com valores entre 0,09 e 0,18 para PROD, e 0,04 e 0,12 para ECS. Contudo, diferenças entre estudos em relação ao coeficiente de herdabilidade para ECS eram esperadas, vista a variedade de equações existentes para a transformação de contagem de células somáticas em escore de células somáticas. Neste estudo, as estimativas para ECS apresentaram grande erro-padrão, mesmo com a inclusão dos dados genotípicos, provavelmente devida a alta variabilidade desta característica (coeficiente de variação igual a 73,8, Tabela 3). Assim, uma maior quantidade de informações é necessária de maneira a se obter estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos para ECS.

Diferenças nas unidades de mensuração, modelos utilizados e metodologias de mensuração tornam laboriosa a comparação de parâmetros genéticos para ácidos graxos entre estudos (BASTIN; GENGLER; SOYEURT, 2011; MELE et al., 2009). Adicionalmente, estas características são altamente influenciadas pelas condições ambientais, principalmente pela dieta (PENASA et al., 2015). De fato, maiores herdabilidades foram estimadas por Soyeurt et al. (2008) para o teor de ácidos graxos saturados ($h^2 = 0,42$) e ácidos graxos monoinsaturados ($h^2 = 0,14$) no leite, e por Bastin, Gengler e Soyeurt (2011), com valores de 0,43 para SAT, 0,21 para MONO, 0,30 para POLI, 0,22 para INSAT, 0,41 para C16:0, 0,38 para C18:0 e 0,18 para C18:1. No entanto, herdabilidades similares foram estimadas por Penasa et al. (2015), com estimativas de 0,25; 0,07; 0,08 e 0,08 para SAT, INSAT, MONO e POLI, respectivamente. Igualmente a este estudo, nesses três trabalhos os coeficientes de herdabilidade associados aos ácidos graxos saturados foram maiores às estimativas obtidas para os ácidos graxos insaturados. Isto possivelmente se deve à origem dos ácidos graxos. Como argumentado por Bastin, Gengler e Soyeurt (2011), os ácidos graxos saturados de

cadeia curta e média são sintetizados *de novo* na glândula mamária por meio da ação das enzimas *acetil-coenzima A carboxilase* e *ácido graxo sintase* enquanto parte do ácido palmítico e demais ácidos graxos de cadeia longa são obtidos a partir da corrente sanguínea, derivados da digestão e absorção de gordura da dieta ou da mobilização de lipídios do tecido adiposo (BASTIN; GENGLER; SOYEURT, 2011; GRUMMER, 1991; LOCK; BAUMAN, 2004). Os ácidos graxos poli-insaturados, por exemplo, não são sintetizados por ruminantes, sendo a concentração destes no leite diretamente ligada às quantidades absorvidas pelo intestino, consequentes da dieta e da biohidrogenação no rúmen (CHILLIARD; FERLAY; DOREAU, 2001). Dada a maior influência ambiental sobre a concentração de ácidos graxos de cadeia longa, a menor herdabilidade associada a este grupo é coerente (BASTIN; GENGLER; SOYEURT, 2011).

Devido a esta origem comum, os ácidos graxos saturados bem como os ácidos graxos insaturados são mais fortemente correlacionados entre si, com a máxima correlação genética observada entre SAT e C16:0, e INSAT e MONO ($r_g = 0,99$) e a menor correlação genética estimada para o par POLI e C18:0 ($r_g = 0,32$ e $0,39$) (Tabelas 8 e 9). No estudo de Bastin, Gengler e Soyeurt (2011), as correlações genéticas entre ácidos graxos saturados variaram de 0,36 (entre os ácidos mirístico e o esteárico) a 0,99 (entre os ácidos cáprico e láurico), e as correlações entre os ácidos graxos insaturados variaram de 0,60 (entre POLI e C18:1) a 1,00 (entre INSAT e MONO). Em Penasa et al. (2015), a correlação genética entre SAT e INSAT, MONO e POLI foi de 0,77, 0,75 e 0,40, respectivamente, enquanto a correlação entre INSAT e MONO foi igual a 0,95, INSAT e POLI foi igual a 0,62 e MONO e POLI foi igual a 0,62.

O teor de gordura, um importante critério de seleção, é altamente correlacionado com todos os ácidos graxos estudados. Contudo, o relacionamento de GOR com os ácidos graxos saturados (r_g entre 0,86 e 0,99) é mais forte comparativamente à associação desta característica com os ácidos graxos insaturados (r_g entre 0,50 e 0,80).

Apesar de vários trabalhos abordarem o estudo genético do perfil de ácidos graxos do leite, a direção de seleção para esta característica ainda não foi estabelecida, principalmente devido à variedade de aspectos associados a ela. Entre os ácidos graxos saturados, o ácido butírico é um modulador da função gênica, atuando na proteção do câncer de cólon e inibindo a tumorigênese mamária (GERMAN, 1999; HAUG; HOSTMARK; HARSTAD, 2007; PARODI, 1997); os ácidos caprílico e cáprico possuem possíveis atividades antivirais (THORMAR et al., 1994) enquanto os ácidos láurico, mirístico e palmítico podem aumentar o níveis de colesterol de baixa (LDL, *low density lipoprotein cholesterol*) e alta (HDL, *high density lipoprotein cholesterol*) densidade, apesar dos produtos lácteos ainda não terem sido

associados a doenças cardiovasculares (GERMAN et al., 2009; HAUG; HOSTMARK; HARSTAD, 2007).

Similarmente, os ácidos graxos monoinsaturados, como o ácido oleico, foram relacionados a menores concentrações de colesterol plasmático, LDL e triacilgliceróis (KRIS-ETHERTON et al., 1999). Os ácidos ômega-3 (ácidos docosahexaenóico e eicosapentaenoico) possuem propriedades anti-inflamatórias, antitrombóticas e inibem a aterosclerose, podendo agir na prevenção de doenças cardíacas (CONNOR, 2000). Outro grupo de POLI, o ácido linoleico conjugado (CLA) foi associado a efeitos anti-adipogênicos, antidiabetogênicos, anticancerígenos e antiateroscleróticos (BELURY, 2002; LOCK; BAUMAN, 2004). No entanto, um aumento no teor de INSAT pode alterar a qualidade sensorial dos produtos lácteos (CHILLIARD; FERLAY, 2004; WOODS; FEARON, 2009), aumentando a susceptibilidade à oxidação e desenvolvimento de sabores indesejados (ASHES; GULATI; SCOTT, 1997; CAMPBELL; DRAKE; LARICK, 2003). Além disso, níveis altos de ácidos graxos de cadeia longa na gordura do leite, especialmente dos ácidos oleico e esteárico, podem ser resultado da mobilização de gordura corporal em vacas com quadro de cetose subclínica, indicando um balanço de energia negativo (VAN HAELST et al., 2008).

Considerando essas propriedades, diversos estudos têm recomendado uma proporção ótima de ácidos graxos no leite a ser alcançada por meio da seleção genética (CHILLIARD et al., 2000; GRUMMER, 1991; HAUG; HOSTMARK; HARSTAD, 2007). No entanto, dado que os ácidos graxos são altamente correlacionados com o teor de gordura do leite, provavelmente uma seleção indireta já está ocorrendo. Portanto, é importante rapidamente se estabelecer os aspectos prioritários em relação ao perfil de ácidos graxos (saúde humana, saúde de vaca, produção e características do leite e derivados) (BASTIN; SOYEURT; GENGLER, 2013) bem como avaliar os possíveis efeitos da seleção para determinados ácidos graxos sobre o perfil de ácidos graxos e demais componentes do leite.

As herdabilidades moderadas e altas associadas aos componentes do leite, principalmente GOR e PROT, sugerem que a seleção genética também pode ser utilizada na melhoria da qualidade do leite. Contudo, o relacionamento antagônico entre PROD e estes componentes (Tabelas 8 e 9), evidenciado pelas correlações negativas de PROD com GOR ($r_g = -0,40$ e $-0,39$) e PROT ($r_g = 0,45$ e $-0,42$), e também reportado por Miglior et al. (2007), Cassandro et al. (2008) e Penasa et al. (2015), pode impedir o ganho genético para volume de leite e qualidade do leite simultaneamente. Isto é particularmente prejudicial quando o pagamento ao produtor é baseado na produção de leite, tornando-a o principal objetivo de

seleção. Tal situação evidencia a importância do uso dos índices de seleção na avaliação genética.

O ECS apresentou correlações genéticas baixas e negativas (neste caso, favoráveis) com as características de produção e composição do leite, exceto com os ácidos graxos insaturados (INSAT, MONO, POLI e C18:1). Tais estimativas têm apresentado variação de valores entre os estudos, principalmente devido aos efeitos de estágio de lactação e parição (HAILE-MARIAM; BOWMAN; GODDARD, 2001). Além disso, os resultados obtidos no presente trabalho devem ser interpretados com precaução, visto o elevado erro-padrão associado a estas estimativas. Aqui, a correlação genética negativa entre PROD e ECS ($r_g = -0,13$ e $-0,14$) era esperada porque a ocorrência de mastite, indicada por um alto ECS, possivelmente redireciona o metabolismo para a resposta ao processo infeccioso, reduzindo o enfoque na produção. No entanto, uma correlação positiva (desfavorável) pode também ocorrer, dado que vacas com alta produção podem ser mais susceptíveis à infecção (HAILE-MARIAM; BOWMAN; GODDARD, 2001). A resposta ao processo infeccioso causado pela mastite pode ainda explicar a pequena redução nos teores de proteína e gordura com maiores mudanças na concentração dos componentes individuais do leite. A concentração no leite de proteínas sintetizadas na glândula mamária, como α -caseína, β -caseína e β -lactoglobulina é geralmente reduzida na presença de mastite concomitantemente a um aumento de albumina bovina sérica e imunoglobulinas, de forma que o teor de proteína total sofre ligeira alteração (KITCHEN, 1981). Similarmente, Randolph e Erwin (1974) reportaram maiores concentrações de ácidos graxos esterificados de cadeia curta e ácidos graxos insaturados, e menores concentrações de C16:0 e C18:0 em amostras de leite positivas para mastite em comparação com amostras negativas; sendo as possíveis causas alterações na síntese de componentes lipídicos pela glândula mamária ou a mudanças na permeabilidade da glândula mamária. Este comportamento foi confirmado no presente estudo, com correlações genéticas positivas entre ECS e INSAT ($r_g = 0,11$ e $0,04$), MONO ($r_g = 0,09$ e $0,02$), POLI ($r_g = 0,19$ e $0,13$) e C18:1 ($r_g = 0,03$ e $0,02$), e negativas entre ECS e SAT ($r_g = -0,08$ e $-0,10$), C16:0 ($r_g = -0,13$ e $-0,13$) e C18:0 ($r_g = -0,07$ e $-0,11$).

O ECS também possui uma correlação genética negativa com LACT ($r_g = -0,22$ e $-0,27$). Esse relacionamento antagônico pode ser também devido à ocorrência do processo infeccioso com a consequente redução na biossíntese de lactose, como explicado para PROT e GOR anteriormente. Outra hipótese é a redução da glicose disponível na glândula mamária como resultado da redução do fluxo sanguíneo causada pela condição geral de estresse durante a doença (KITCHEN, 1981).

O teor de proteína e caseína apresentaram correlações positivas e de moderadas a altas com os demais componentes do leite, variando entre 0,31 e 0,69. Por sua vez, o teor de lactose esteve positivamente, mas fracamente correlacionado com GOR, SAT, C16:0, C18:0 e C18:1 ($r_g < 0,15$), e moderadamente correlacionado com INSAT, MONO e POLI, apresentando correlações próximas a 0,25.

Em relação às correlações fenotípicas, baixas estimativas foram observadas para PROT e LACT com as demais características ($r_p < 0,22$). Por outro lado, estimativas positivas e altas foram obtidas para GOR e os ácidos graxos com as características restantes. Igualmente às estimativas de correlação genética, PROD apresentou correlações fenotípicas negativas e de baixas a moderadas com as características de composição do leite, à exceção de LACT ($r_p = 0,18$). No geral, ECS apresentou associações baixas e positivas com as demais características, mas moderada e negativa com LACT ($r_p = -0,35$).

Tabela 8 - Correlações fenotípicas (acima da diagonal) e genéticas (abaixo da diagonal) e seus respectivos erros-padrão (entre parênteses) estimados sob abordagem tradicional entre as características de produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1).

| | PROD | ECS | GOR | PROT | LACT | CAS | SAT | INSAT | MONO | POLI | C16:0 | C18:0 | C18:1 |
|--------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| PROD | | -0,24 (0,009) | -0,06 (0,009) | -0,26 (0,009) | 0,18 (0,010) | -0,46 (0,077) | -0,06 (0,009) | -0,04 (0,008) | -0,03 (0,008) | -0,03 (0,008) | -0,09 (0,009) | -0,06 (0,008) | -0,01 (0,008) |
| ECS | -0,13 (0,122) | | 0,04 (0,008) | 0,20 (0,009) | -0,35 (0,009) | 0,18 (0,010) | 0,02 (0,009) | 0,06 (0,007) | 0,06 (0,007) | 0,07 (0,008) | 0,06 (0,009) | 0,02 (0,008) | 0,01 (0,007) |
| GOR | -0,40 (0,083) | 0,00 (0,097) | | 0,16 (0,009) | 0,02 (0,009) | 0,17 (0,009) | 0,95 (0,001) | 0,83 (0,002) | 0,83 (0,002) | 0,71 (0,004) | 0,90 (0,001) | 0,82 (0,002) | 0,81 (0,003) |
| PROT | -0,45 (0,075) | -0,04 (0,086) | 0,55 (0,049) | | 0,04 (0,010) | 0,99 (0,000) | 0,15 (0,009) | 0,10 (0,008) | 0,08 (0,008) | 0,22 (0,008) | 0,13 (0,010) | 0,05 (0,009) | 0,03 (0,008) |
| LACT | -0,21 (0,098) | -0,22 (0,088) | 0,14 (0,067) | 0,39 (0,056) | | 0,07 (0,011) | 0,03 (0,010) | 0,01 (0,008) | 0,00 (0,008) | 0,00 (0,008) | 0,01 (0,010) | 0,01 (0,009) | 0,01 (0,008) |
| CAS | -0,26 (0,010) | 0,00 (0,089) | 0,50 (0,052) | 0,99 (0,001) | 0,36 (0,059) | | 0,19 (0,010) | 0,11 (0,008) | 0,09 (0,008) | 0,23 (0,008) | 0,17 (0,010) | 0,08 (0,009) | 0,05 (0,008) |
| SAT | -0,36 (0,082) | -0,08 (0,092) | 0,99 (0,003) | 0,47 (0,050) | 0,13 (0,064) | 0,47 (0,051) | | 0,70 (0,004) | 0,70 (0,004) | 0,59 (0,006) | 0,96 (0,001) | 0,78 (0,003) | 0,68 (0,004) |
| INSAT | -0,34 (0,106) | 0,11 (0,117) | 0,78 (0,034) | 0,55 (0,062) | 0,26 (0,086) | 0,52 (0,067) | 0,66 (0,050) | | 1,00 (0,000) | 0,87 (0,002) | 0,62 (0,005) | 0,80 (0,003) | 0,97 (0,000) |
| MONO | -0,32 (0,108) | 0,09 (0,119) | 0,79 (0,033) | 0,50 (0,067) | 0,26 (0,088) | 0,47 (0,072) | 0,68 (0,049) | 0,99 (0,002) | | 0,82 (0,002) | 0,64 (0,005) | 0,79 (0,003) | 0,98 (0,000) |
| POLI | -0,38 (0,102) | 0,19 (0,110) | 0,52 (0,057) | 0,69 (0,047) | 0,25 (0,079) | 0,66 (0,053) | 0,39 (0,065) | 0,79 (0,036) | 0,70 (0,050) | | 0,44 (0,007) | 0,70 (0,004) | 0,77 (0,003) |
| C16:0 | -0,35 (0,081) | -0,13 (0,092) | 0,98 (0,005) | 0,40 (0,052) | 0,15 (0,063) | 0,42 (0,053) | 0,99 (0,002) | 0,67 (0,052) | 0,69 (0,050) | 0,36 (0,069) | | 0,65 (0,004) | 0,62 (0,005) |
| C18:0 | -0,28 (0,098) | -0,07 (0,104) | 0,86 (0,021) | 0,33 (0,063) | 0,12 (0,075) | 0,31 (0,067) | 0,85 (0,024) | 0,66 (0,053) | 0,70 (0,050) | 0,32 (0,079) | 0,82 (0,030) | | 0,78 (0,003) |
| C18:1 | -0,29 (0,108) | 0,03 (0,119) | 0,80 (0,033) | 0,42 (0,071) | 0,15 (0,089) | 0,40 (0,075) | 0,71 (0,047) | 0,93 (0,014) | 0,95 (0,010) | 0,60 (0,063) | 0,71 (0,049) | 0,77 (0,042) | |

Tabela 9 - Correlações fenotípicas (acima da diagonal) e genéticas (abaixo da diagonal) e seus respectivos erros-padrão (entre parênteses) estimados sob abordagem genômica entre as características de produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1).

| | PROD | ECS | GOR | PROT | LACT | CAS | SAT | INSAT | MONO | POLI | C16:0 | C18:0 | C18:1 |
|--------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|------------------|
| PROD | | -0,24 (0,009) | -0,06 (0,009) | -0,26 (0,009) | 0,18 (0,010) | -0,26 (0,010) | -0,05 (0,009) | -0,03 (0,008) | -0,03 (0,008) | -0,02 (0,008) | -0,09 (0,009) | -0,06 (0,008) | -0,01 (0,008) |
| ECS | -0,14 (0,118) | | 0,04 (0,008) | 0,20 (0,009) | -0,35 (0,009) | 0,18 (0,010) | 0,02 (0,009) | 0,06 (0,007) | 0,05 (0,007) | 0,07 (0,008) | 0,05 (0,009) | 0,02 (0,008) | 0,01 (0,007) |
| GOR | -0,39 (0,082) | -0,03 (0,094) | | 0,15 (0,009) | 0,01 (0,009) | 0,17 (0,009) | 0,95 (0,001) | 0,83 (0,002) | 0,83 (0,002) | 0,71 (0,004) | 0,90 (0,001) | 0,82 (0,002) | 0,81 (0,003) |
| PROT | -0,42 (0,074) | -0,04 (0,083) | 0,52 (0,049) | | 0,04 (0,010) | 0,99 (0,000) | 0,15 (0,009) | 0,10 (0,008) | 0,07 (0,008) | 0,22 (0,008) | 0,13 (0,010) | 0,05 (0,009) | 0,03 (0,008) |
| LACT | -0,20 (0,094) | -0,27 (0,081) | 0,12 (0,065) | 0,35 (0,054) | | 0,07 (0,011) | 0,02 (0,010) | 0,00 (0,008) | 0,00 (0,008) | 0,00 (0,008) | 0,00 (0,010) | 0,01 (0,009) | 0,00 (0,008) |
| CAS | -0,44 (0,075) | -0,01 (0,086) | 0,50 (0,052) | 0,99 (0,001) | 0,33 (0,056) | | 0,19 (0,010) | 0,11 (0,008) | 0,09 (0,008) | 0,23 (0,008) | 0,17 (0,010) | 0,08 (0,009) | 0,05 (0,008) |
| SAT | -0,35 (0,081) | -0,10 (0,090) | 0,99 (0,003) | 0,45 (0,050) | 0,12 (0,062) | 0,47 (0,051) | | 0,70 (0,004) | 0,70 (0,004) | 0,59 (0,006) | 0,96 (0,001) | 0,78 (0,003) | 0,68 (0,004) |
| INSAT | -0,29 (0,106) | 0,04 (0,113) | 0,77 (0,034) | 0,53 (0,061) | 0,22 (0,081) | 0,53 (0,065) | 0,65 (0,050) | | 1,00 (0,000) | 0,87 (0,002) | 0,62 (0,005) | 0,80 (0,003) | 0,97 (0,000) |
| MONO | -0,28 (0,108) | 0,02 (0,115) | 0,78 (0,033) | 0,48 (0,066) | 0,22 (0,084) | 0,48 (0,069) | 0,67 (0,049) | 0,99 (0,002) | | 0,82 (0,002) | 0,64 (0,005) | 0,79 (0,003) | 0,98 (0,000) |
| POLI | -0,33 (0,102) | 0,13 (0,106) | 0,50 (0,057) | 0,68 (0,046) | 0,23 (0,075) | 0,67 (0,050) | 0,36 (0,065) | 0,78 (0,036) | 0,69 (0,049) | | 0,43 (0,007) | 0,70 (0,004) | 0,77 (0,003) |
| C16:0 | -0,34 (0,080) | -0,13 (0,089) | 0,98 (0,005) | 0,38 (0,052) | 0,13 (0,061) | 0,41 (0,052) | 0,99 (0,002) | 0,65 (0,052) | 0,68 (0,050) | 0,33 (0,069) | | 0,65 (0,004) | 0,62 (0,005) |
| C18:0 | -0,27 (0,098) | -0,11 (0,102) | 0,86 (0,021) | 0,31 (0,063) | 0,11 (0,074) | 0,31 (0,066) | 0,84 (0,024) | 0,64 (0,054) | 0,67 (0,052) | 0,29 (0,079) | 0,82 (0,030) | | 0,78 (0,003) |
| C18:1 | -0,27 (0,108) | -0,02 (0,114) | 0,80 (0,033) | 0,40 (0,069) | 0,12 (0,085) | 0,41 (0,072) | 0,70 (0,048) | 0,93 (0,013) | 0,95 (0,010) | 0,59 (0,062) | 0,70 (0,049) | 0,76 (0,043) | |

As estimativas de correlações fenotípicas e genéticas entre IPP e as demais características obtidas por meio das abordagens genômica e tradicional são apresentadas na Tabela 10. Estes resultados foram considerados com precaução, visto que nestas análises houve um confundimento entre os efeitos residual e permanente de ambiente devido à própria estrutura dos dados, na qual os fenótipos das características de produção e composição do leite são oriundos de amostras mensais de vacas multíparas enquanto IPP é representada por apenas uma medida por vaca tomada ao primeiro parto. Uma consequência desse confundimento foi a impossibilidade de estimação dos erros-padrão associados às correlações fenotípicas. Correlações fenotípicas e genéticas próximas a zero foram obtidas para produção de leite, teor de gordura e teor de ácidos graxos do leite, enquanto correlações medianas e positivas foram estimadas entre IPP e ECS e negativas entre IPP e PROT, LACT e CASEIN.

A idade ao primeiro parto é um importante componente do custo de criação de novilhas para reposição. Com o uso de vacas mais jovens na reprodução reduz-se os custos totais de criação de novilhas e exige-se a manutenção de um menor número de animais para reposição, podendo-se ainda comercializar o excedente em uma idade lucrativa (TOZER; HEINRICHS, 2001). Em estudo de Tozer e Heinrichs (2001), estimou-se que a redução da idade ao primeiro parto de 25 para 21 meses diminuiu os custos de criação entre 4 e 18% enquanto o aumento de IPP de 25 para 29 meses aumentou esses custos de 4 a 14%. Contudo, o efeito da idade ao primeiro parto sobre a produção de leite não é exatamente linear. Ettema e Santos (2004) determinaram que vacas com IPP inferior a 700 dias (aproximadamente 23 meses) produziram menor volume de leite após os 50 dias em lactação comparativamente a vacas mais velhas, com uma perda de 310 kg de leite na lactação. Nilforooshan e Edriss (2004) detectaram um aumento na produção de leite com o aumento de IPP de 21 para 24 meses, ocorrendo um decréscimo na produção após essa idade. Por sua vez, Pirlo, Miglior e Speroni (2000) observaram aumento na produção de leite na primeira lactação consequente do aumento da IPP de 20 até 36 meses. Em Berry e Cromie (2009), o aumento na produção de leite na lactação com o atraso de um mês na IPP variou de 0,87 a 0,98%, considerando-se 60.802 vacas holandesas com IPP entre 660 dias e 1.154 dias (aproximadamente de 22 a 38 meses). Hossein-Zadeh (2011) verificaram o aumento da produção de leite concomitantemente ao aumento da IPP dos 20 aos 25 meses de idade, havendo queda na produção após esse ponto.

A menor produção de leite devida à redução da IPP pode estar associada a taxas de crescimento aceleradas durante o período pré-púbere com a consequente redução no desenvolvimento do parênquima da glândula mamária (LAMMERS; HEINRICHS;

KENSINGER, 1999; SEJRSEN et al., 1982); a baixas taxas de crescimento pós-púbere (MACDONALD et al., 2005), ao menor tamanho e peso corporal da vaca ao primeiro parto (ETTEMA; SANTOS, 2004; MACDONALD et al., 2005) bem como a um manejo nutricional diferencial de novilhas no pós-parto (BERRY; CROMIE, 2009). A redução na IPP pode também ocasionar um incremento no número de natimortos, no período de serviço (BERRY; CROMIE, 2009; ETTEMA; SANTOS, 2004), e vida produtiva (BERRY; CROMIE, 2009; NILFOROOSHAN; EDRISS, 2004). Por sua vez, o atraso na primeira reprodução pode reduzir a produção de leite devido a fatores relacionados à idade (HOSSEIN-ZADEH, 2011). Segundo Hoffman (1997) produção de leite adequada e minimização da distocia de parto seriam obtidos adotando-se o período entre 22 e 24 meses de idade para o primeiro parto.

As correlações genéticas entre IPP e produção de leite na lactação têm sido geralmente negativas, indicando um relacionamento antagônico, porém desejável, entre IPP e produção de leite. Valores de correlações genéticas entre -0,44 e -0,12 foram reportados por Seykora e McDaniel (1983), Ruiz-Sánchez et al. (2007) e Hossein-Zadeh (2011) enquanto correlações fenotípicas de 0,01, -0,11 e -0,11, respectivamente, foram apresentadas nestes mesmos estudos. Contudo, diferentemente do observado neste trabalho, as correlações genéticas entre IPP e teor dos componentes do leite têm sido positivas. Isto se deve possivelmente à correlação genética negativa entre IPP e produção de leite na lactação, não captada neste estudo pelo uso de dados oriundos do controle leiteiro. Utilizando 4.819 dados de vacas primíparas da raça Holandesa, Seykora e McDaniel (1983) estimaram correlação genética de -0,34 entre IPP e produção de gordura e de 0,14 entre IPP e teor de gordura no leite. Similarmente, Hossein-Zadeh (2011) determinaram correlações genéticas de -0,31 e -0,33 entre IPP e produção de gordura e proteína, respectivamente, e de 0,13 entre IPP e teor de gordura e proteína, em uma população formada por 207.106 vacas com idade ao primeiro parto de 20 a 40 meses.

Os coeficientes de herdabilidade para idade ao primeiro parto têm variado consideravelmente entre os estudos, com valores estimados entre 0,04 e 0,47 (CERON-MUÑOZ et al., 2004; HOSSEIN-ZADEH, 2011; MOORE et al., 1991; RUIZ-SÁNCHEZ et al., 2007; SEYKORA; McDANIEL, 1983). Tal inconsistência é provavelmente resultante de um confundimento entre o valor genético do animal e a decisão sobre o momento da inseminação da novilha, o qual pode ser determinado com base na idade, no crescimento ou na estação de monta (PIRLO; MIGLIOR; SPERONI, 2000). No entanto, as estimativas altas obtidas neste estudo (Tabela 6 e 7) e em Ruiz-Sánchez et al. (2007, $h^2 = 0,47$) e Hossein-Zadeh (2011, $h^2 = 0,34$), são demonstrativas da possibilidade de uso dessa característica como

critério de seleção para a melhoria da eficiência reprodutiva dos rebanhos. No entanto, ainda são necessários estudos que objetivem compreender o controle genético sobre o desempenho reprodutivo bem como o relacionamento genético de IPP com o peso corporal, resistência a doenças e desempenho produtivo, de forma a se definir o momento adequado à primeira reprodução e o impacto da seleção para IPP sobre demais características de interesse econômico.

Tabela 10 - Correlações fenotípicas (acima da diagonal) e genéticas (abaixo da diagonal) e seus respectivos erros-padrão (entre parênteses) estimados sob abordagem tradicional e genômica entre idade ao primeiro parto e demais as características de produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1).

| Característica | Abordagem tradicional | | Abordagem genômica | |
|----------------|-----------------------|---------------|--------------------|---------------|
| | Fenotípica | Genética | Fenotípica | Genética |
| PROD | 0,03 (NE*) | -0,04 (0,121) | 0,03 (NE) | -0,03 (0,119) |
| ECS | 0,03 (NE) | 0,24 (0,116) | 0,03 (NE) | 0,27 (0,112) |
| GOR | 0,01 (NE) | 0,04 (0,039) | 0,02 (NE) | 0,05 (0,040) |
| PROT | -0,05 (NE) | -0,19 (0,078) | -0,04 (NE) | -0,15 (0,078) |
| LACT | -0,07 (NE) | -0,25 (0,084) | -0,07 (NE) | -0,21 (0,082) |
| CASEIN | -0,04 (NE) | -0,15 (0,081) | -0,04 (NE) | -0,11 (0,081) |
| SAT | 0,00 (NE) | 0,00 (0,041) | 0,00 (NE) | -0,05 (0,085) |
| INSAT | 0,01 (NE) | -0,06 (0,109) | 0,01 (NE) | -0,03 (0,110) |
| MONO | 0,01 (NE) | -0,06 (0,114) | 0,01 (NE) | -0,03 (0,110) |
| POLI | 0,00 (NE) | -0,08 (0,101) | 0,00 (NE) | -0,05 (0,101) |
| C16:0 | -0,01 (NE) | -0,06 (0,085) | -0,01 (NE) | -0,05 (0,086) |
| C18:0 | 0,01 (NE) | 0,02 (0,097) | 0,02 (NE) | 0,04 (0,098) |
| C18:1 | 0,02 (NE) | -0,04 (0,113) | 0,02 (NE) | -0,02 (0,111) |

*NE = erro-padrão não estimado.

As diferenças entre os estudos foram atribuídas a possíveis efeitos de número de lactações, dias em lactação e metodologia empregada. Contudo, estas diferenças também podem ser devidas ao ambiente de produção. Costa et al. (2000), utilizando dados de produção de leite e gordura de filhas de 705 touros dos Estados Unidos e 701 touros oriundos do Brasil, estimaram coeficientes de herdabilidade menores para a população brasileira, com valores de 0,25 e 0,22 para produção de leite e gordura, respectivamente, em comparação aos 0,34 e 0,35 obtidos para as mesmas características na população norte-americana. Isto provavelmente ocorre porque as condições ambientais limitaram a expressão do potencial genético dos animais, restringindo a variância genética e consequentemente, reduzindo a herdabilidade. Algumas implicações são derivadas desta situação. Primeiro, torna-se mais

difícil a diferenciação entre os valores genéticos, o que demandará maior intensidade de seleção (COSTA et al., 2000) e predições mais acuradas para atingir o progresso genético via seleção. Portanto, apesar da inclusão de informações genômicas não ter alterado as estimativas de parâmetros genéticos, os dados genotípicos podem ser úteis nesta situação para aumentar o montante de dados disponíveis por indivíduo, melhorando a predição do mérito genético. Segundo, a relativa superioridade de touros selecionados em outros países pode ser menos evidente em relação aos valores genéticos preditos sob condições tropicais e subtropicais com uma conseqüente menor resposta à seleção (COSTA et al., 2000). Estes resultados confirmam a necessidade de estimar os genéticos parâmetros localmente e, adicionalmente, a importância da avaliação dos animais sob as condições onde as decisões de seleção são realizadas.

3.3.2 Valores genéticos preditos e acurácia

Acurácias medianas e altas foram estimadas para os valores genéticos obtidos nas características em estudo, variando entre 0,46 e 0,67; e entre 0,58 e 0,84 considerando-se apenas as vacas fenotipadas (Tabela 11). Conforme esperado, acurácias maiores que 0,60 foram obtidas em características de alta herdabilidade, como GOR, PROT, LACT, CASEIN, SAT e C16:0. A inclusão da informação genotípica ocasionou aumento de 0,01 a 0,04 (entre 1,5 e 6,8%) na acurácia dos valores genéticos, sendo ainda verificada uma redução de 0,01 (1,9%) para IPP. Considerando-se apenas as vacas mensuradas para dada característica, não houve alteração na média para PROD, INSAT e C18:1, sendo determinados acréscimos entre 0,01 e 0,10 para ECS, PROT, CASEIN, LACT, MONO e POLI, correspondendo a ganhos entre 1,5 e 12,7% em acurácia; e redução de 0,01 na acurácia média estimada para IPP, GOR, SAT, C16:0 e C18:0 – uma redução média de aproximadamente 1,6%.

Tabela 11 - Média (desvio-padrão) de acurácia dos valores genéticos preditos via avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada) para as características em estudo, considerando-se apenas o grupo de vacas mensuradas e todos os animais incluídos na avaliação genética.

| Característica* | Vacas com fenótipo | | Todos os animais | |
|-----------------|--------------------|--------------|------------------|--------------|
| | Tradicional | Genômica | Tradicional | Genômica |
| IPP | 0,68 (0,039) | 0,67 (0,041) | 0,53 (0,197) | 0,52 (0,197) |
| PROD | 0,59 (0,065) | 0,59 (0,065) | 0,47 (0,183) | 0,50 (0,160) |
| ECS | 0,58 (0,066) | 0,60 (0,065) | 0,46 (0,183) | 0,49 (0,170) |
| GOR | 0,76 (0,062) | 0,75 (0,066) | 0,60 (0,213) | 0,62 (0,193) |
| PROT | 0,80 (0,056) | 0,83 (0,065) | 0,66 (0,224) | 0,67 (0,220) |
| LACT | 0,69 (0,075) | 0,79 (0,047) | 0,62 (0,215) | 0,64 (0,206) |
| CASEIN | 0,83 (0,052) | 0,84 (0,048) | 0,63 (0,251) | 0,64 (0,237) |
| SAT | 0,79 (0,057) | 0,77 (0,062) | 0,62 (0,218) | 0,64 (0,192) |
| INSAT | 0,63 (0,087) | 0,63 (0,088) | 0,50 (0,194) | 0,52 (0,175) |
| MONO | 0,61 (0,088) | 0,62 (0,089) | 0,49 (0,192) | 0,51 (0,179) |
| POLI | 0,66 (0,080) | 0,67 (0,081) | 0,53 (0,201) | 0,56 (0,175) |
| C16:0 | 0,79 (0,061) | 0,78 (0,061) | 0,63 (0,219) | 0,64 (0,204) |
| C18:0 | 0,69 (0,075) | 0,68 (0,075) | 0,55 (0,203) | 0,59 (0,167) |
| C18:1 | 0,61 (0,087) | 0,61 (0,088) | 0,48 (0,190) | 0,51 (0,172) |

*IPP = idade ao primeiro parto, PROD = produção de leite, ECS = escore de células somáticas, GOR = teor de gordura, PROT = teor de proteína, LACT = teor de lactose, CASEIN = teor de caseína, SAT = teor de ácidos graxos saturados, INSAT = teor de ácidos graxos insaturados, MONO = teor de ácidos graxos monoinsaturados, POLI = teor de ácidos graxos poli-insaturados, C16:0 = teor de ácido palmítico, C18:0 = teor de ácido esteárico, C18:1 teor de ácido oleico.

A diferença em acurácia verificada com o uso da matriz **H** deveu-se primeiramente à redução do erro de predição com consequente aumento na acurácia. Além disso, a pequena, porém existente, diferença nas estimativas de variância aditiva entre as abordagens pode também ter ocasionado algum efeito, até negativo, sobre a acurácia dos valores genéticos, visto que estas estimativas são incluídas no cálculo da acurácia.

Uma hipótese adicional para a diferença de acurácia entre as abordagens foi o maior número de animais inclusos na avaliação genética por meio da matriz **H** – 7.354 animais (7.044 para IPP) em contraponto aos 7.253 animais (6.835 para IPP) considerados na matriz **A**. Dado que 89 vacas genotipadas tiveram suas mensurações excluídas para todas as características durante a edição de dados, com o uso da matriz genômica combinada foi possível a predição do valor genético das mesmas e de seus parentes nessas características a acurácias entre 0,02 e 0,68 (Figura 8). Dentre os 101 animais somente avaliados na abordagem genômica, 16 apareceram entre os 10% melhores animais em uma ou mais características.

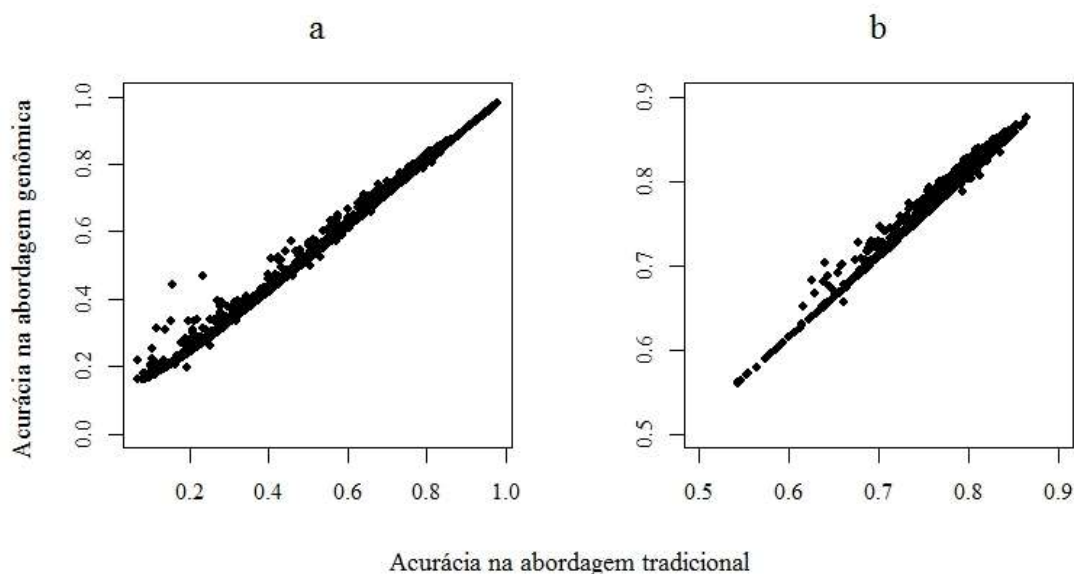


Figura 7 - Acurácia dos valores genéticos preditos para todos os animais incluídos na avaliação genética ($n = 7.248$, **a**) e apenas para as vacas com fenótipos ($n = 4.185$, **b**) para teor de lactose considerando-se as abordagens tradicional e genômica combinada.

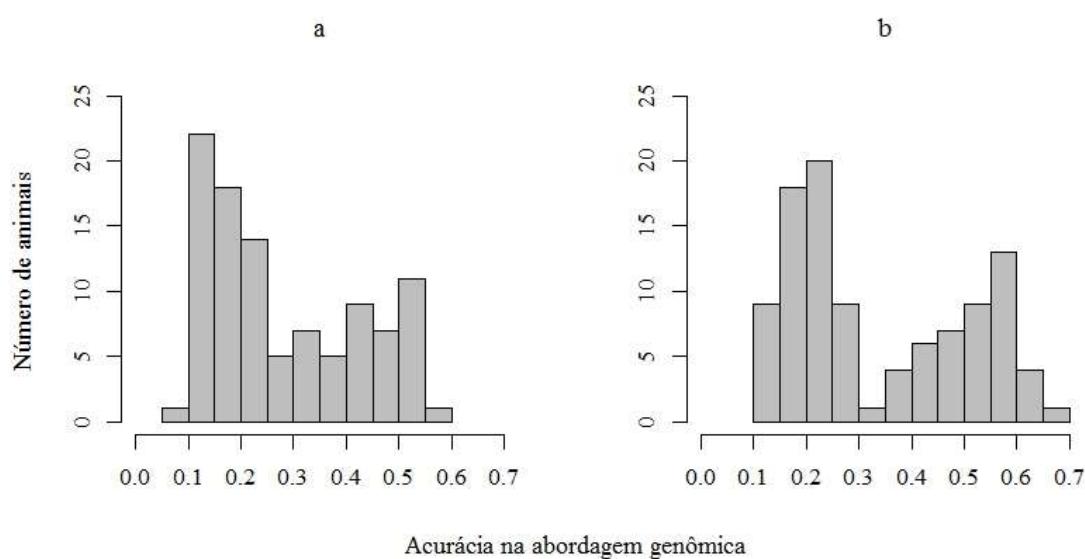


Figura 8 - Acurácia dos valores genéticos preditos para escore de células somáticas (**a**) e teor de lactose (**b**) para os animais avaliados somente sob a abordagem genômica combinada.

No geral, o ganho em acurácia com a inclusão dos genótipos das vacas na avaliação genética foi baixo, confirmando os resultados obtidos anteriormente a partir da metodologia ssGBLUP. Em Lourenco et al. (2014) a inclusão da informação de 30.359 SNP de 343 vacas de elite da raça Holandesa em uma população de referência formada por 1.305 touros ocasionou acréscimos de 0,01 na acurácia dos valores genéticos para produção de leite,

proteína e gordura, e 0,02 na acurácia para porcentagem de gordura e proteína, considerando-se uma população de validação formada por 135 touros. Similarmente, Koivula et al. (2014) observaram ganhos em acurácia de 0,005 a 0,014 e de 0,008 a 0,026 na acurácia dos valores genéticos para produção de leite, gordura e proteína com a adição dos genótipos de 3.111 e 5.593 vacas leiteiras Nórdicas, respectivamente, à uma população de referência de 4.188 touros. De acordo com Misztal, Aggrey e Muir (2013), o ganho em acurácia na predição dos valores genéticos devido à adição da informação dos genótipos pode ser pequeno dada à geralmente baixa diferença média entre o relacionamento genômico e o relacionamento baseado no pedigree. Esse ganho é ainda menor quando são utilizados animais com baixa acurácia individual, como animais que possuem apenas os seus próprios registros de produção.

Inicialmente, Wiggans et al. (2011) e Dasonville et al. (2012) determinaram que o uso dos genótipos das vacas poderia resultar em um decréscimo na acurácia da avaliação genética, provavelmente devido à seleção de vacas de alto mérito genético submetidas a um tratamento preferencial consciente ou inconsciente. No entanto, não tem sido verificado aumento no viés de predição com a adição de vacas à população de referência quando empregada a metodologia ssGBLUP (LOURENCO et al., 2014; TSURUTA; MISZTAL; LAWLOR, 2013). Em Tsuruta, Misztal e Lawlor (2013), por exemplo, a inclusão dos genótipos de vacas aumentou em 1,9 a 2,7% a acurácia de predição do mérito genético de touros da raça Holandesa simultaneamente à redução, embora não expressiva, do viés de predição.

As correlações entre os rankings formados a partir dos valores genéticos preditos nas abordagens genômica e tradicional foram maiores que 0,90 (Tabela 12). Quando apenas os animais com fenótipos foram considerados, as correlações foram, no geral, próximas ou iguais a um. Assumindo-se que somente valores de correlações de ordem inferiores a 0,70 refletem alterações importantes na classificação dos animais (CREWS; FRANKE, 1998); constata-se que o uso da matriz **H** em relação à matriz **A** na avaliação genética não ocasionou a reclassificação dos animais. Consequentemente, decisões similares acerca da seleção genética seriam tomadas com base nos resultados produzidos por meio de ambas as abordagens, especialmente se os candidatos à seleção possuem informações próprias de fenótipo.

Tabela 12 - Correlação entre as classificações dos animais de acordo com os valores genéticos preditos para as características em estudo por meio de avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada), considerando-se os melhores 5%, 10%, 25%, 40% animais, todos os animais avaliados bem como apenas as vacas com fenótipo.

| Característica* | Correlações de ranking | | | | | |
|-----------------|------------------------|------|------|------|------------------|--------------------|
| | 5% | 10% | 25% | 40% | Todos os animais | Vacas com fenótipo |
| IPP | 0,99 | 0,98 | 0,98 | 0,97 | 0,96 | 0,99 |
| PROD | 0,87 | 0,89 | 0,91 | 0,93 | 0,96 | 0,99 |
| ECS | 0,90 | 0,92 | 0,93 | 0,94 | 0,97 | 0,99 |
| GOR | 0,95 | 0,97 | 0,96 | 0,96 | 0,97 | 0,99 |
| PROT | 0,98 | 0,99 | 0,99 | 0,98 | 0,98 | 1,00 |
| LACT | 0,92 | 0,95 | 0,97 | 0,97 | 0,97 | 1,00 |
| CASEIN | 0,99 | 0,98 | 0,98 | 0,97 | 0,97 | 1,00 |
| SAT | 0,96 | 0,97 | 0,97 | 0,96 | 0,97 | 1,00 |
| INSAT | 0,89 | 0,91 | 0,93 | 0,94 | 0,96 | 0,99 |
| MONO | 0,90 | 0,92 | 0,93 | 0,94 | 0,96 | 0,99 |
| POLI | 0,90 | 0,90 | 0,94 | 0,95 | 0,96 | 0,99 |
| C16:0 | 0,97 | 0,97 | 0,98 | 0,97 | 0,97 | 1,00 |
| C18:0 | 0,93 | 0,95 | 0,95 | 0,95 | 0,96 | 0,99 |
| C18:1 | 0,91 | 0,91 | 0,93 | 0,94 | 0,96 | 0,99 |

*IPP = idade ao primeiro parto, PROD = produção de leite, ECS = escore de células somáticas, GOR = teor de gordura, PROT = teor de proteína, LACT = teor de lactose, CASEIN = teor de caseína, SAT = teor de ácidos graxos saturados, INSAT = teor de ácidos graxos insaturados, MONO = teor de ácidos graxos monoinsaturados, POLI = teor de ácidos graxos poli-insaturados, C16:0 = teor de ácido palmítico, C18:0 = teor de ácido esteárico, C18:1 teor de ácido oleico.

Independente da magnitude do efeito sobre a avaliação genética, a genotipagem de vacas tem sido desejável frente à possibilidade de aumento do tamanho da população de referência na seleção genômica, principalmente quando o número de touros de alta acurácia é baixo (KOIVULA et al., 2014) – situação recorrente nos rebanhos brasileiros. Esses dados são ainda uma importante fração associada às decisões de seleção (TSURUTA; MISZTAL; LAWLOR, 2013), podendo contribuir para o progresso genético por meio das matrizes (SILVA et al., 2014). Torna-se também possível controlar um viés devido à seleção (PATRY; DUCROCQ, 2011) bem como corrigir erros de pedigree.

Adicionalmente, como confirmado neste estudo, o uso dos genótipos de vacas pode reduzir o erro de predição bem como permitir a predição acurada do mérito genético de animais sem fenótipos disponíveis, maximizando o ganho genético por meio da redução do intervalo de gerações.

3.3.3 Ganho genético e tendência genética

Os ganhos genéticos estimados por meio das abordagens tradicional e genômica combinada foram similares excetuando-se GOR e POLI, para as quais não foi observado ganho genético por meio da análise com a matriz **H**. Ganhos genéticos e tendências genéticas favoráveis foram verificados para IPP, ECS, PROT, LACT e CASEIN, com aumento de 0,1% a 3% ao ano na média da característica (Tabela 13; Figuras 9, 11, 14 e 15). Para produção de leite, teor de gordura e teor de ácidos graxos, os ganhos genéticos foram negativos ou nulos (Tabela 13; Figuras 10, 12, 13, 16, 17 e 18). Para PROD, no entanto, deve-se considerar que a seleção é geralmente realizada sobre a produção total na lactação e não sobre a produção de leite no dia do controle. À exceção de ECS, apenas em características de herdabilidade alta (Tabelas 6 e 7) o ganho genético foi significativo. Contudo, provavelmente há uma forte seleção sobre ECS, visto que vacas com casos recorrentes de mastite são descartadas do rebanho.

Ganhos genéticos de magnitude próxima aos preditos neste estudo têm sido reportados em rebanhos brasileiros de vacas da raça Holandesa. Durães et al. (2001), utilizando 18.482 registros de vacas primíparas nascidas entre 1986 e 1996 no estado de Minas Gerais, estimou ganhos anuais de 18,4 e 0,6 kg para produção de leite e gordura na lactação, respectivamente, os quais corresponderam a aproximadamente 0,3% da média anual dessas características. Em Boligon et al. (2005) foram estimados ganhos de 9,51 kg, 0,11 kg e um decréscimo de 0,07% ao ano para as características de produção de leite, produção de gordura e porcentagem de gordura, respectivamente, em uma população formada por 5.007 vacas Holandesas de primeira lactação pertencentes a 33 rebanhos do estado do Rio Grande do Sul. Tais mudanças representaram 0,14% da média da produção de leite, 0,05% da média de produção de gordura e 2% da média da porcentagem de gordura. Esses valores são, no entanto, inferiores aos obtidos na avaliação genética realizada em rebanhos norte-americanos, como descrito em VanRaden (2004). Neste estudo, foram reportados ganhos genéticos anuais de 3,3 kg para produção de proteína, 3,2 kg para produção de gordura e 109,2 kg para produção de leite durante a década de 1990.

O baixo progresso genético nestas características pode ser devido a falhas na escolha de reprodutores; à utilização de sêmen de touros não provados, de baixa confiabilidade, ou provados em ambientes de produção diferentes dos adotados no país bem como à falhas na definição dos objetivos e critérios de seleção (DURÃES et al., 2001). Os ganhos genéticos baixos são também consequentes do fluxo desorganizado do melhoramento genético,

realizado individualmente e por uma pequena parcela de produtores (ARAÚJO et al., 2003). Esses resultados evidenciam a necessidade de estudos que considerem as condições de produção nacionais na avaliação genética dos animais e no planejamento das ações referentes à seleção de reprodutores e cruzamentos. A carência de estudos recentes dessa natureza impede, contudo, a melhor comparação desses resultados bem como o acompanhamento do progresso genético dos rebanhos brasileiros.

Tabela 13 - Ganho genético anual (probabilidade do teste t) predito avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamento combinada) para as características de idade ao primeiro parto (IPP), produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), proteína (PROT), lactose (LACT), caseína (CASEIN), ácidos graxos saturados (SAT), insaturados (INSAT), monoinsaturados (MONO), poli-insaturados (POLI), ácido palmítico (C16:0), esteárico (C18:0) e oleico (C18:1).

| Característica | Avaliação genética | |
|----------------|--------------------|--------------------|
| | Tradicional | Genômica |
| IPP | -9,14851 (<0,0001) | -8,93620 (<0,0001) |
| PROD | 0,01290 (0,3019) | 0,00181 (0,8840) |
| ECS | -0,06504 (<0,0001) | -0,06045 (<0,0001) |
| GOR | -0,00361 (0,0326) | -0,00307 (0,0621) |
| PROT | 0,01543 (<0,0001) | 0,01607 (<0,0001) |
| LACT | 0,00685 (<0,0001) | 0,00710 (<0,0001) |
| CASEIN | 0,01289 (<0,0001) | 0,01347 (<0,0001) |
| SAT | -0,00159 (0,2398) | -0,00142 (0,2756) |
| INSAT | -0,00106 (0,0011) | -0,00085 (0,0096) |
| MONO | -0,00078 (0,0032) | -0,00060 (0,0260) |
| POLI | -0,00016 (0,0169) | -0,00013 (0,0574) |
| C16:0 | -0,00010 (0,8647) | -0,00011 (0,8435) |
| C18:0 | -0,00137 (<0,0001) | -0,00129 (<0,0001) |
| C18:1 | -0,00068 (0,0027) | -0,00056 (0,0122) |

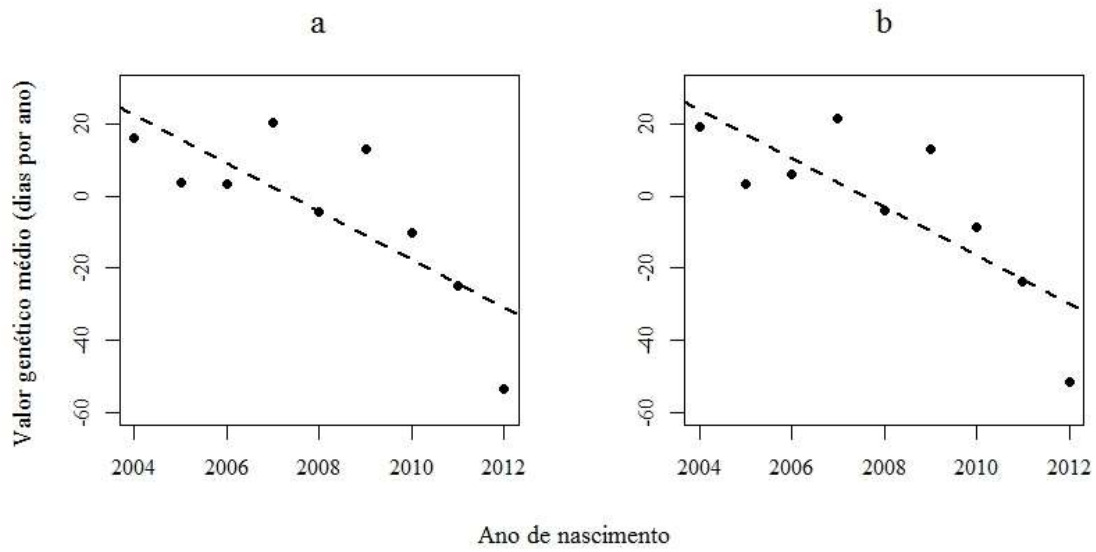


Figura 9 - Valor genético médio (dias) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para idade ao primeiro parto.

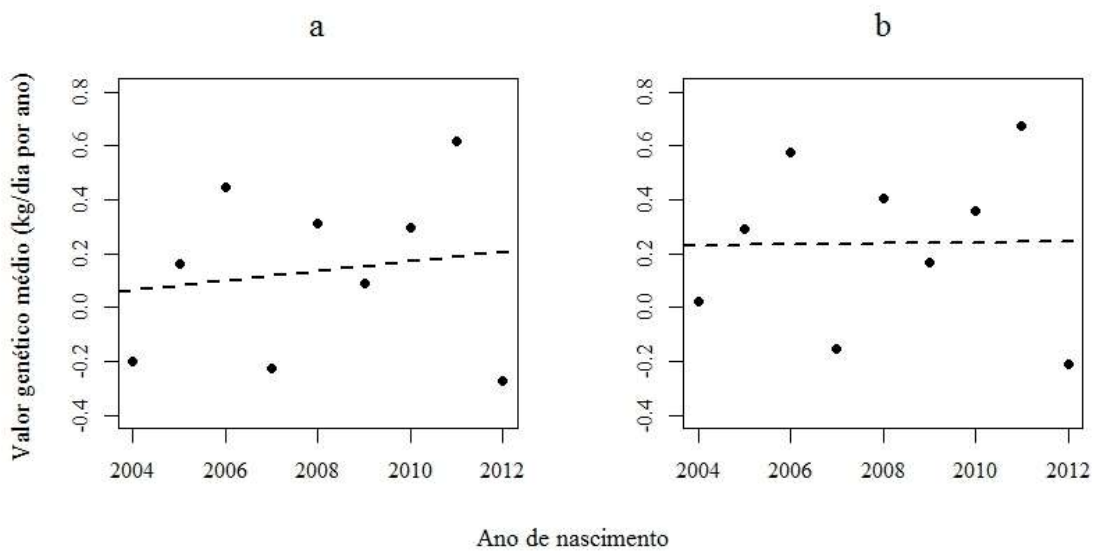


Figura 10 - Valor genético médio (kg) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para produção de leite.

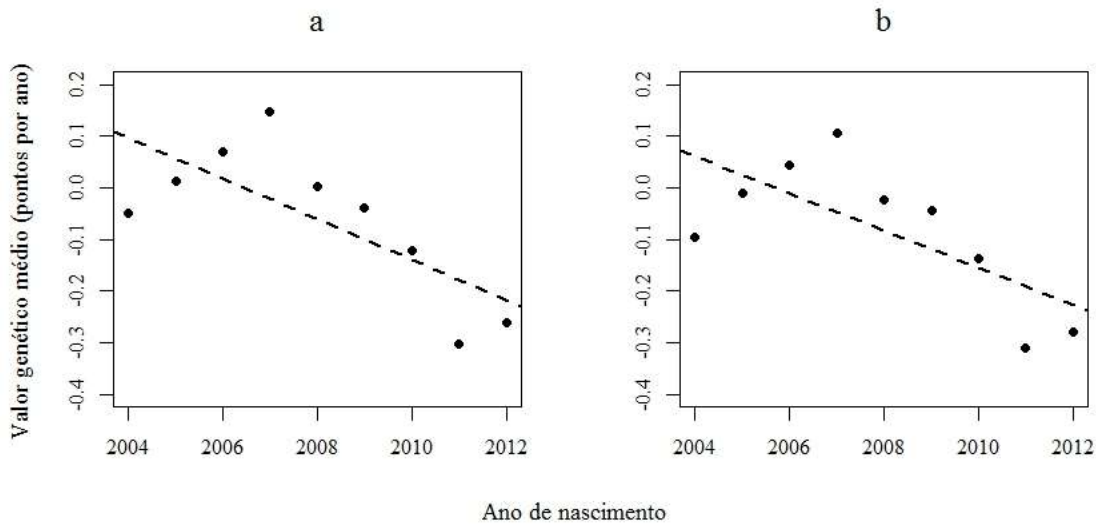


Figura 11 - Valor genético médio (ponto) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para escore de células somáticas.

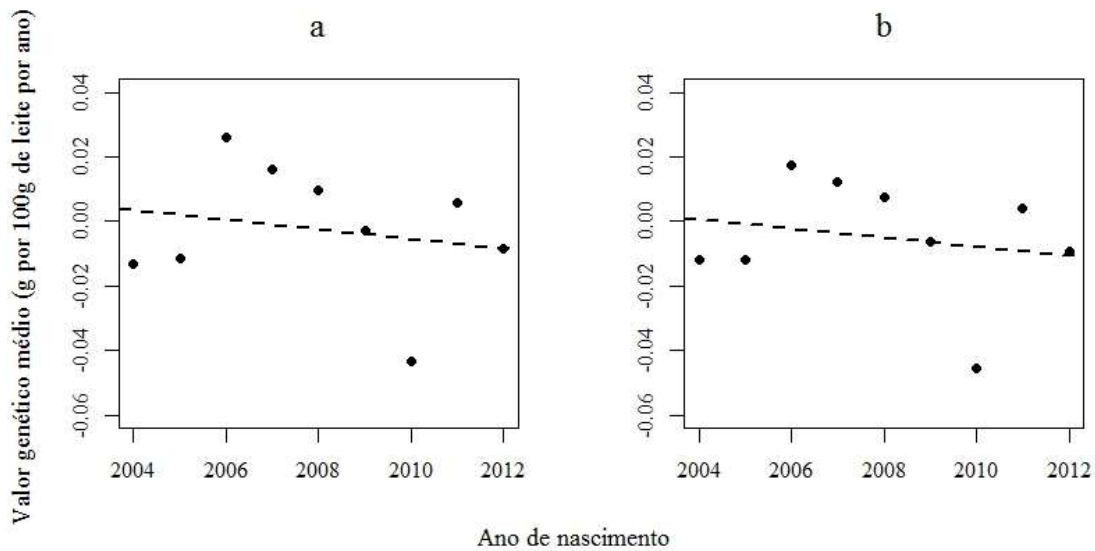


Figura 12 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de gordura.

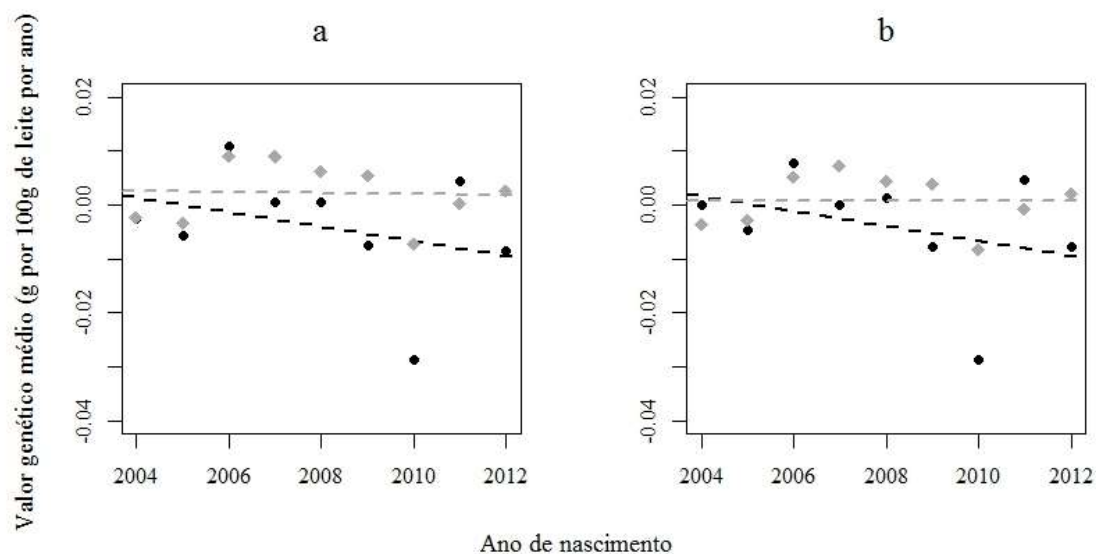


Figura 13 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de ácidos graxos saturados (em preto) e insaturados (em cinza).

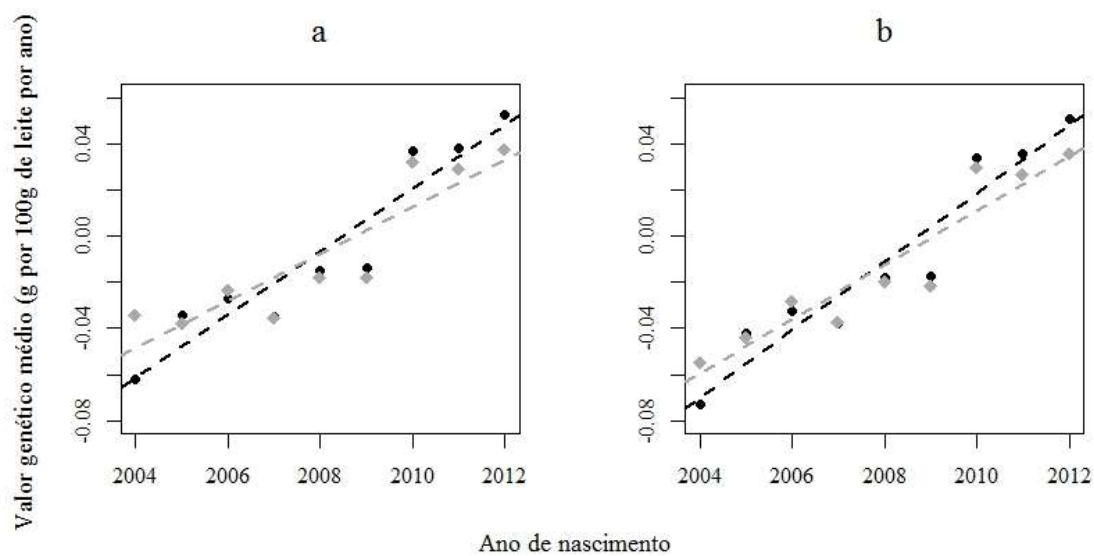


Figura 14 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de proteína (em preto) e caseína (em cinza) no leite.

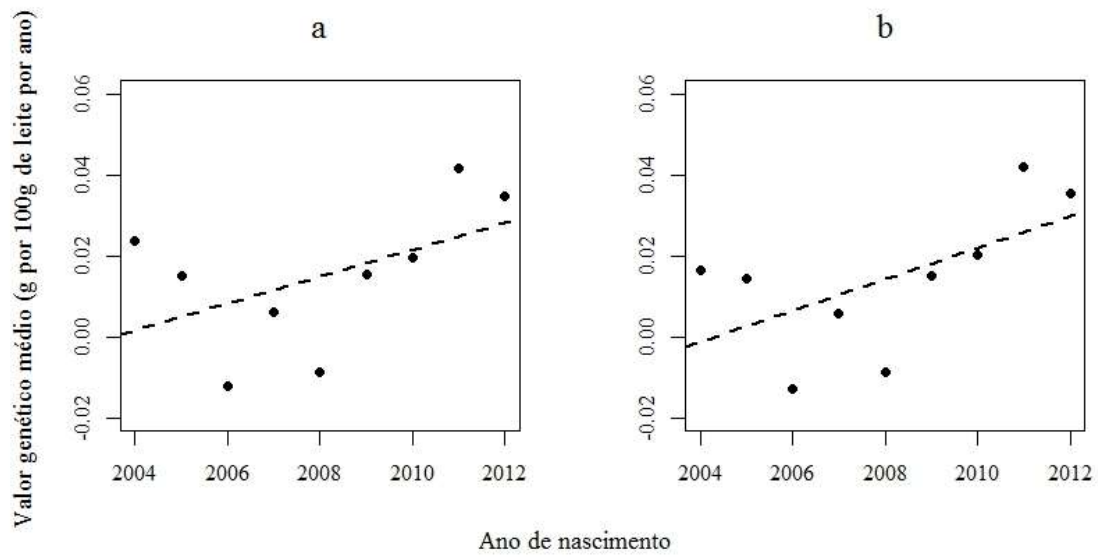


Figura 15 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de lactose no leite.

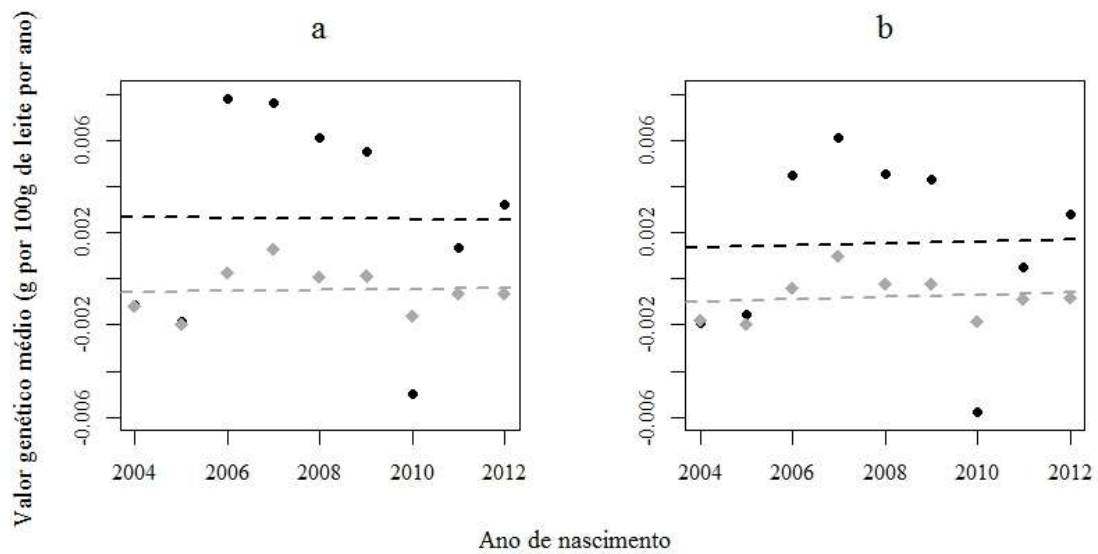


Figura 16 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de ácidos graxos monoinsaturados (em preto) e poli-insaturados (em cinza) no leite.

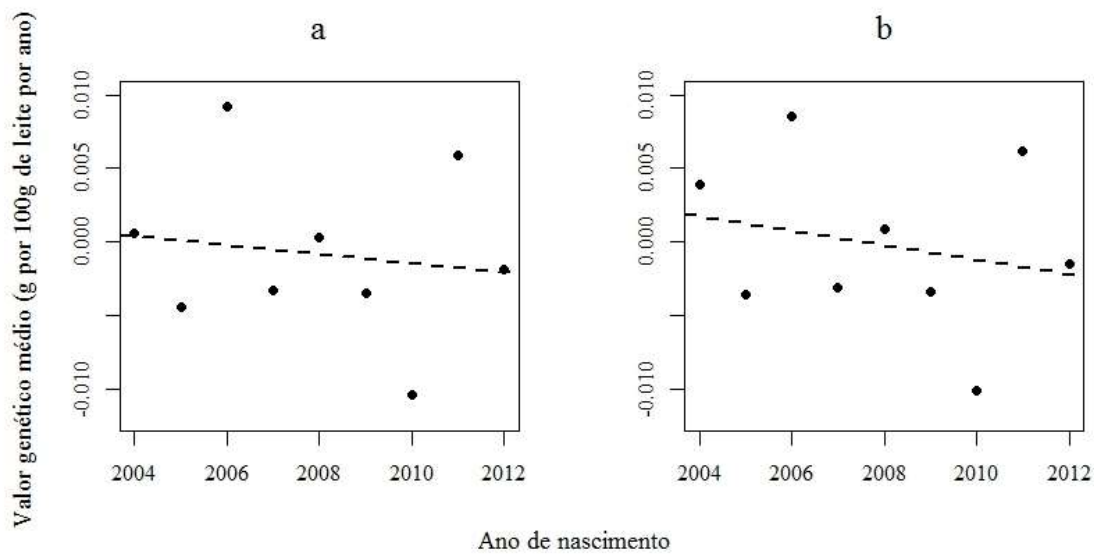


Figura 17 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de ácido palmítico.

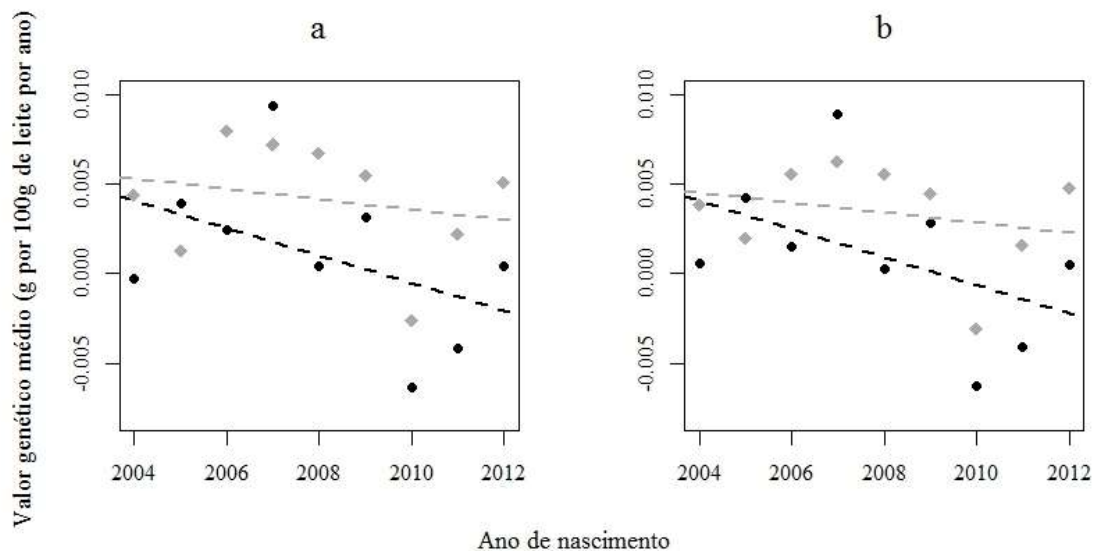


Figura 18 - Valor genético médio (g por 100g de leite) por ano e tendência linear preditos por abordagem tradicional (a) e genômica (b) para teor de ácido esteárico (em preto) e oleico (em cinza) no leite.

3.4 Conclusões

Foi verificada variação genética para as características de produção e qualidade do leite, indicando a possibilidade de ganho genético em tais características por meio da seleção de reprodutores. Maior influência genética, representada por coeficientes de herdabilidade altos, foi verificada para as características de idade ao primeiro parto, teor de proteína, teor de caseína e teor de lactose no leite. O relacionamento antagônico entre produção de leite e as características de composição do leite bem como a variedade de aspectos relacionados ao

perfil de ácidos graxos do leite confirmou a necessidade de avaliação conjunta de tais características, englobando tanto a importância econômica destas ao sistema como também as correlações fenotípicas e genéticas entre elas.

No geral, as estimativas dos componentes de covariância obtidas neste estudo foram menores comparativamente aos resultados apresentados em trabalhos similares, provavelmente devido a diferenças quanto à ordem da lactação e dias em lactação, à metodologia utilizada bem como a fatores associados ao manejo e ao ambiente; neste último caso, sugerindo que condições tropicais e subtropicais podem restringir a expressão do potencial genético pelos indivíduos com uma consequente redução da variabilidade genética. No entanto, no geral, os coeficientes de herdabilidade para os componentes do leite foram moderados e altos, havendo, portanto, a possibilidade de melhoria da qualidade do leite por meio da seleção de reprodutores.

A incorporação das informações genômicas não alterou as estimativas dos parâmetros genéticos e de seus respectivos erros-padrão comparativamente à abordagem tradicional. Houve, no entanto, um pequeno aumento na acurácia dos valores genéticos principalmente devido à redução do erro de predição e a inclusão na avaliação genética de animais somente genotipados cuja acurácia dos valores genéticos foi moderada. Provavelmente, diferenças maiores entre as abordagens seriam observadas com o uso de um maior número de animais genotipados, especialmente touros. Entretanto, apesar do baixo efeito ocasionado pela abordagem genômica neste estudo, a genotipagem de vacas tem-se apresentado uma estratégia interessante para o aumento da população de referência, progresso genético por meio das matrizes, controle do viés de seleção e de possíveis erros de pedigree. Além disso, deve-se considerar que o principal impacto do uso da genômica está na avaliação genética de animais jovens, de forma a reduzir-se o intervalo de gerações com apenas uma pequena redução na acurácia, ocasionando um grande aumento na taxa de progresso genético.

Referências

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D.L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T.J. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, Champaign v. 93, p. 743–752, 2010.

AKA, A.; SHOOK, G.E. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 63, p. 487-490, 1980.

ARAÚJO, C.V. de; TORRES, R. de A.; RENNÓ, F. P.; PEREIRA, J.C.; ARAÚJO, S.I.; TORRES FILHO, R. de A.; SILVA, H.C. da; RENNÓ, L.N.; KAISER, F. da ROCHA. Tendência genética para características produtivas em bovinos da raça Pardo-Suiça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1872-1877, 2003.

ASHES, J.R.; GULATI, S.K.; SCOTT, T.W. Potential to alter the content and composition of milk fat through nutrition. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 80, p. 2204-2212, 1997.

BASTIN, C.; GENGLER, N.; SOYEURT, H. Phenotypic and genetic variability of production traits and milk fatty acid contents across days in milk for Wallloon Holstein first-parity cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 4152-4163, 2011.

BASTIN, C.; SOYEURT, H.; GENGLER, N. Genetic parameters of milk production traits and fatty acid contents in milk for Holstein cows in parity 1–3. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 130, p. 118–127, 2013.

BELURY, M.A. Dietary conjugated linoleic acid in health: Physiological effects and mechanisms of action. **Annual Review of Nutrition**, Palo Alto, v. 22, p. 505-531, 2002.

BERRY, D.P.; CROMIE, A.R. Associations between age at first calving and subsequent performance in Irish spring calving Holstein-Friesian dairy cows. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 123, p. 44-54, 2009.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; FERREIRA, G.B.B.; WEBER, T.; KIPPERT, C.J.; ANDREAZZA, J. Herdabilidade e tendência genética para as produções de leite e de gordura em rebanhos da raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 5, p. 1512-1518, 2005.

BRINKS, J.S.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 20, p. 903, 1961.

CAMPBELL, W.; DRAKE, M.A.; LARICK, D.K. The impact of fortification with conjugated linoleic acid (CLA) on the quality of fluid milk. **Journal of Dairy Science**, v. 86, p. 43-51, 2003.

CASSANDRO, M.; COMIN, A.; OJALA, M.; DAL ZOTTO, R.; DE MARCHI, M.; GALLO, L.; CARNIER, P.; BITTANTE, G. Genetic parameters of milk coagulation properties and their relationships with milk yield and quality traits in Italian Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 371-376, 2008.

CERÓN-MUÑOZ, M.F.; TONHATI, H.; COSTA, C.N.; MALDONADO-ESTRADA, J.; ROJAS-SARMIENTO, D. Genotype-environment interaction for age at first calving in Brazilian and Colombian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 2455-2458, 2004.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A. Dietary lipids and forages interactions on cow and goat milk fatty acid composition and sensory properties. **Reproduction Nutrition Development**, Les Ulis, v. 44, p. 467-492, 2004.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A.; DOREAU, M. Contrôle de la qualité nutritionnelle des matières grasses du lait par l'alimentation des vaches laitières: Acides gras trans, polyinsaturés, acide linoléique conjugué. **INRA Production Animales**, Saint-Genès-Champagnelle, v. 14, n.5, p. 323–335, 2001.

CHILLIARD, Y.; FERLAY, A.; MANSBRIDGE, R.; DOREAU, M. Ruminant milk fat plasticity: nutritional control of saturated, polyunsaturated, trans and conjugated fatty acids. **Annales of Zootechnie**, Les Ulis, v. 49, p. 181-205, 2000.

CHRISTENSEN, O.F.; LUND, M.S. Genomic prediction when some animals are not genotyped. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 42, p. 2-10, 2010.

CHRISTENSEN, O.F.; MADSEN, P.; NIELSEN, B.; OSTERSEN, T.; SU, G. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. **Animal**, Cambridge, v. 6, n. 10, p. 1565-1571, 2012.

CONNOR, W.E. Importance of n-3 fatty acids in health and disease. **The American Journal of Clinical Nutrition**, Bethesda, v. 71, p. 171S-175S, 2000.

COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A.; QUAAS, R.L.; SEARLE, S.R. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p 2963-2974, 2000.

CREWS, D.H. Jr.; FRANKE, D.E. Heterogeneity of variances for carcass traits by percentage Brahman inheritance. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 80, p. 1809-1818, 2002.

DASSONNEVILLE, R.; BAUR, A.; FRITZ, S.; BOICHARD, D.; DUCROCQ, V. Inclusion of cow records in genomic evaluations and impact on bias due to preferential treatment. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 44, n. 1, p. 40-48, 2012.

DURÃES, M.C.; FREITAS, A.F. de; VALENTE, J.; TEIXEIRA, N.M.; BARRA, R.B. Tendência genética para produção de leite e de gordura em rebanhos da raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 1, p. 66-70, 2001.

ELZO, M.A.; THOMAS, M.G.; JOHNSON, D.D.; MARTINEZ, C.A.; LAMB, G.C.; RAE, D.O.; WASDIN, J.G.; DRIVER, J.D. Genetic parameters and predictions for direct and maternal growth traits in a multibreed Angus-Brahman cattle population using genomic-polygenic models. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 178, p. 43-51, 2015.

ETTEMA, J.F.; SANTOS, J.E.P. Impact of age at calving on lactation, reproduction, health, and income in first-parity Holsteins on commercial farms. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 2730-2742, 2004.

GERMAN, J. B. Butyric acid: a role in cancer prevention. **Nutrition Bulletin**, Malden, v. 24, p. 203-209, 1999.

GERMAN, J.B.; GIBSON, R.A.; KRAUSS, R.M.; NESTEL, P.; LAMARCHE, B.; VAN STAVEREN, W.A.; STEIJNS, J.M.; DE GROOT, L.C.P.G.M.; LOCK, A.L.; DESTAILLATS, F. A reappraisal of the impact of dairy foods and milk fat on cardiovascular disease risk. **European Journal of Nutrition**, Heidelberg, v. 48, p. 191-203, 2009.

GRUMMER, R.R. Effect of feed on the composition of milk fat. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, p. 3244-3257, 1991.

HAILE-MARIAM, M.; BOWMAN, P.J.; GODDARD, M.E. Genetic and environmental correlations between test-day somatic cell count and milk yield traits. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 73, p. 1-13, 2001.

HAILE-MARIAM, M.; NIEUWHOF, G.J.; BEARD, K.T.; KONSTATINOV, K.V.; HAYES, B.J. Comparison of heritabilities of dairy traits in Australian Holstein-Friesian cattle from genomic and pedigree data and implications for genomic evaluations. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 130, p. 20-31, 2013.

HANFORD, K.J.; VAN VLECK, L.D.; SNOWDER, G.D. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 81, p. 630-640, 2003.

HAUG, A.; HOSTMARK, A.T.; HARSTAD, O.M. Bovine milk in human nutrition - a review. **Lipids in Health and Disease**, London, v. 6, p. 25, 2007.

HAYES, B.J.; BOWMAN, P.J.; CHAMBERLAIN, A.M.; VERBYLA, K.; GODDARD, M.E. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 41, p.51-60, 2009.

HOFFMAN, P. C. Optimum body size of Holstein replacement heifers. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 75, p. 836-845, 1997.

HOSSEIN-ZADEH, N.G. Estimation of genetic and phenotypic relationships between age at first calving and productive performance in Iranian Holsteins. **Tropical Animal and Health Production**, Heidelberg, v. 43, p. 967-973, 2011.

IKONEN, T.; MORRI, S.; TYRISEVÄ, A.M.; RUOTTINEN, O.; OJALA, M. Genetic and phenotypic correlations between milk coagulation properties, milk production traits, somatic cell count, casein content, and pH of milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 458-467, 2004.

KITCHEN, B.J. Review of the progress of Dairy Science: Bovine mastitis: milk compositional changes and related diagnostic tests. **Journal of Dairy Research**, Cambridge, v. 48, p. 167-188, 1981.

KOIVULA, M.; NEGUSSIE, E.; MÄNTYSAARI, E.A. Genetic parameters for test-day somatic cell count at different lactation stages of Finnish dairy cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 90, p. 145-157, 2004.

KOIVULA, M.; STRANDÉN, I.; AAMAND, G.P.; MÄNTYSAARI, E.A. Effect of cow reference group on validation accuracy of genomic evaluation. IN: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 10, 2014, Toronto. **Proceedings...** Toronto: WCGALP, 2014. Disponível em: < https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-proceedings-oral/083_paper_8776_manuscript_246_0.pdf?sfvrsn=2 >. Acesso em: 22 ago. 2015.

KRAG, K.; POULSEN, N.A.; LARSEN, M.K.; LARSEN, L.B.; JANSS, L.L.; BUITENHUIS, B. Genetic parameters for milk fatty acids in Danish Holstein cattle based on SNP markers using a Bayesian approach. **BMC Genetics**, Londres, v. 14, p. 79, 2013.

KRIS-ETHERTON, P.M.; PEARSON, T.A.; WAN, Y.; HARGROVE, R.B.; MORIARTY, K.; FISHELL, V.; ETHERTON, T.D. High-monounsaturated fatty acid diets lower both plasma cholesterol and triacylglycerol concentrations. **The American Journal of Clinical Nutrition**, Bethesda, v. 70, p. 1009-1015, 1999.

LAMMERS, B.P.; HEINRICHS, A.J.; KENSINGER, R.S. The effects of accelerated growth rates and estrogen implants in prepubertal Holsteins heifers on estimates of mammary development and subsequent reproduction and milk production. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 82, p. 1753-1764, 1999.

LINDSTRÖM, U.B.; ANTILA, V.; SYVÄJÄRVI, J. A note on some genetic and non-genetic factors affecting clotting time of Ayrshire milk. **Acta Agriculturae Scandinavica**, Abingdon, v. 34, p. 349-355, 1984.

LOCK, A.L.; BAUMAN, D.E. Modifying milk fat composition of dairy cows to enhance fatty acids beneficial to human health. **Lipids**, Heidelberg, v. 39, p. 1197-1206, 2004.

LOURENCO, D.A.L.; MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; AGUILAR, I.; EZRA, E.; RON, M.; SHIRAK, A.; WELLER, J.I. Methods for genomic evaluation of a relatively small genotyped dairy population and effect of genotyped cow information in multiparity analyses. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 97, p. 1742-1752, 2014.

MACDONALD, K.A.; PENNO, J.W.; BRYANT, A.M.; ROCHE, J.R. Effect of feeding level pre- and post-puberty and body weight at first calving on growth, milk production, and fertility in grazing dairy cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, p. 3363-3375, 2005.

McDONALD, J.S. Radiographic method for anatomic study of the teat canal. Changes with lactation age. **American Journal of Veterinary Research**, Schaumburg, v. 29, p. 1207-1210, 1968.

MELE, M.; DAL ZOTTO, R.; CASSANDRO, M.; CONTE, G.; SERRA, A.; BUCCIONI, A.; BITTANTE, G.; SECCHIARI, P. Genetic parameters for conjugated linoleic acid, selected milk fatty acids, and milk fatty acid unsaturation of Italian Holstein-Frisian cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 392-400, 2009.

MEYER, K.; HOULE, D. Sampling based approximation of confidence intervals for functions of genetic covariance matrices. In: ASSOCIATION FOR THE ADVANCEMENT OF ANIMAL BREEDING AND GENETICS CONFERENCE, 20., 2013, Napier. **Proceedings...** Napier: AAABG, 2013. p. 523-526.

MIGLIOR, F.; SEWALEM, A.; JAMROZIK, J.; BOHMANOVA, J.; LEFEBVRE, D.M.; MOORE, R.K. Genetic analysis of milk urea nitrogen and lactose and their relationships with other production traits in Canadian Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 2468-2479, 2007.

MISZTAL, I.; AGGREY, S.E.; MUIR, W.M. Experiences with a single-step genome evaluation. **Poultry Science**, Oxford, v. 92, p. 2530-2534, 2013.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002. Disponível em: <
<http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=28-07.pdf>>. Acesso em: 06 jul. 2015.

MOORE, R.K.; KENNEDY, B.W.; SCHAEFFER, L.R.; MOXLEY, J.E. Relationships between age and body weight at calving and production in first lactation Ayrshires and Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 74, p. 269-278, 1991.

NEGUSSIE, E.; STRANDÉN, I.; MÄNTYSAARI, E.A. Genetic association of clinical mastitis with test-day somatic cell score and milk yield during first lactation of Finnish Ayrshire cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 1189-1197, 2008.

NILFOROOSHAN, M.A.; EDRISS, M.A. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holsteins of the Isfahan province. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 2130-2135, 2004.

OKUT, H.; BROMLEY, C.M.; VAN VLECK, L.D.; SNOWDER, G.D. Genotypic expression at different ages: I. Prolificacy traits of sheep. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 77, p. 2357-2365, 1999.

PARODI, P.W. Cows' milk fat components as potential anticarcinogenic agents. **Journal of Nutrition**, Bethesda, v. 127, p. 1055-1060, 1997.

PATRY, C.; DUCROCQ, V. Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic preselection in dairy cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 94, p. 1011-1020, 2011.

PENASA, M.; TIEZZI, F.; GOTTARDO, P.; CASSANDRO, M.; DE MARCHI, M. Genetics of milk fatty acid groups predicted during routine data recording in Holstein dairy cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 173, p. 9-13, 2015.

PIRLO, G.; MIGLIOR, F.; SPERONI, M. Effect of age at first calving on production traits and on difference between milk yield returns and rearing costs in Italian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p. 603-608, 2000.

RANDOLPH, H.E.; ERWIN, R.E. Influence of mastitis on properties of milk. X. Fatty acid composition. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 57, p. 865-868, 1974.

RODRIGUEZ, M.A.P.; PETRINI, J.; FERREIRA, E.M.; MOURÃO, L.R.M.B.; SALVIAN, M.; CASSOLI, L.D.; PIRES, A.V.; MACHADO, P.F.; MOURÃO, G.B. Concordance analysis between estimation methods of milk fatty acids content. **Food Chemistry**, Amsterdam, v. 156, p. 170-175, 2014.

- RUIZ-SÁNCHEZ, R.; BLAKE, R.W.; CASTRO-GÁMEZ, H.M.A.; SÁNCHEZ, F.; MONTALDO, H.H.; CASTILLO-JUÁREZ, H. Changes in the association between milk yield and age at first calving in Holstein cows with herd environment level for milk yield. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 4830-4834, 2007.
- SAMORÉ, A.B.; ROMANI, C.; ROSSONI, A.; FRIGO, E.; PEDRON, O.; BAGNATO, A. Genetic parameters for casein and urea content in the Italian Brown Swiss dairy cattle. **Italian Journal of Animal Science**, Pavia, v. 6, suppl. 1, p. 201-203, 2007.
- SCHOPEN, G.C.B.; HECK, J.M.L.; BOVENHUIS, H.; VISKER, M.H.P.W.; van VALENBERG, H.J.F. Genetic parameters for major milk proteins in Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 1182-1191, 2009.
- SEJRSEN, K.; HUBER, J.T.; TUCKER, H.A.; AKERS, R.M. Influence of nutrition on mammary development in pre- and postpubertal heifers. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 65, p. 793-800, 1982.
- SEYKORA, A.J.; McDANIEL, B.T. Heritabilities and correlations of lactation yields and fertility for Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 66, p. 1486-1493, 1983.
- SILVA, M.V.B.; SANTOS, D.J.A. dos; BOISON, S.A.; UTSUNOMIYA, A.T.H.; CARMO, A.S.; SONSTEGARD, T.S.; COLE, J.B.; VAN TASSEL, C.P. The development of genomics applied to dairy breeding. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 166, p. 66-75, 2014.
- SOYEURT, H.; COLINET, F.G.; ARNOULD, V.M.R.; DARDENNE, P.; BERTOZZI, C.; RENAVILLE, R.; PORTETELLE, D.; GENGLER, N. Genetic variability of lactoferrin content estimated by mid-infrared spectrometry in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 4443-4450, 2007.
- SOYEURT, H.; DARDENNE, P.; DEHARENG, F.; BASTIN, C.; GENGLER, N. Genetic parameters of saturated and monounsaturated fatty acid content and the ratio of saturated to unsaturated fatty acids in bovine milk. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 3611-3626, 2008.
- STOOP, W.M.; van ARENDONK, J.A.M.; HECK, J.M.L.; van VALENBERG, H.J.F.; BOVENHUIS, H. Genetic parameters for major fatty acids and milk production traits of Dutch Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 385-394, 2008.
- SUN, C.; WU, L.; WEIGEL, K.A.; ROSA, G.J.; BAUCK, S.; WOODWARD, B.W.; SCHNABEL, R.D.; TAYLOR, J.F.; GIANOLA, D. An ensemble-based approach to imputation of moderate-density genotypes for genomic selection with application to Angus cattle. **Genetics Research**, Cambridge, v. 94, p. 133-150, 2012.
- THORMAR, H.; ISAACS, E.E.; KIM, K.S.; BROWN, H.R. Interaction of visna virus and other enveloped viruses by free fatty acids and monoglycerides. **Annals of the New York Academy of Sciences**, Malden, v. 724, p. 465-471, 1994.

- TIEZZI, F.; PRETTO, D.; DE MARCHI, M.; PENASA, M.; CASSANDRO, M. Heritability and repeatability of milk coagulation properties predicted by mid-infrared spectroscopy during routine data recording, and their relationships with milk yield and quality traits. **Animal**, Cambridge, n. 7, v. 10, p. 1592-1599, 2013.
- TOZER, P.R.; HEINRICHS, A.J. What affects the costs of raising replacement dairy heifers: a multiple-component analysis. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 84, p. 1836-1844, 2001.
- TSURUTA, S.; MISZTAL, I.; LAWLOR, T.J. Genomic evaluations of final score for US Holsteins benefit from the inclusion of genotypes on cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, p. 3332-3335, 2013.
- VAN HAELST, Y.N.T.; BEECKMAN, A.; VAN KNEGSEL, A.T.M.; FIEVEZ, V. Elevated concentrations of oleic acid and long-chain fatty acids in milk fat of multiparous subclinical ketotic cows. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 4683-4686, 2008.
- VANRADEN, P.M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 4414-4423, 2008.
- _____. **findhap.f90** – Find haplotypes and impute genotypes using multiple chip sets and sequence data. 2015. Disponível em: <<http://aipl.arsusda.gov/software/findhap/>>. Acesso em 20 abr. 2015.
- _____. Selection on net merit to improve lifetime profit. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 87, p. 3215-3131, 2004.
- VANRADEN, P.M.; O'CONNELL, J.R.; WIGGANS, G.R.; WEIGEL, K.A. Genomic evaluations with many more genotypes. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 10, 2011.
- VANRADEN, P.M.; VAN TASSELL, C.P.; WIGGANS, G.R.; SONTEGARD, T.S.G.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J.F.; SCHENKEL, F.S. Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 16-24, 2009.
- VEERKAMP, R.F.; MULDER, H.A.; THOMPSON, R.; CALUS, M.P.L. Genomic and pedigree-based genetic parameters for scarcely recorded traits when some animals are genotyped. **Journal of Dairy Science**, v. 94, p. 4189-4197, 2011.
- WALSH, S.; BUCKLEY, F.; BERRY, D.P.; RATH, M.; PIERCE, K.; BYRNE, N.; DILLON, P. Effects of breed, feeding system, and parity on udder health and milking characteristics. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 5767-5779, 2007.
- WIGGANS, G.R.; COOPER, T.A.; VANRADEN, P.M.; COLE, J.B. Adjustment of traditional cow evaluations to improve accuracy of genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 6188-6193, 2011.
- WIGGANS, G.R.; VANRADEN, P.M.; COOPER, T.A. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 3202-3211, 2011.

WOODS, V.B.; FEARON, A.M. Dietary sources of unsaturated fatty acids for animals and their transfer into meat, milk, and eggs: A review. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 126, p. 1-20, 2009.

4 INCLUSÃO DE INFORMAÇÕES GENÔMICAS NO DESENVOLVIMENTO DE ÍNDICES ECONÔMICOS PARA A SELEÇÃO DE BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA HOLANDESA

Resumo

O índice de seleção é uma importante ferramenta no melhoramento animal, dado que permite a seleção para várias características simultaneamente, combinando a informação genética aos pesos econômicos. Ele é comumente empregado para características facilmente mensuráveis e com altos coeficientes de herdabilidade; contudo, com a recente disponibilidade da informação genômica torna-se também possível aumentar a acurácia e a resposta à seleção associada a este método, principalmente devido à inclusão de um maior número de características e do aumento da acurácia das estimativas de componentes de variância e predições de valores genéticos (VG). Dessa forma, o objetivo nesta pesquisa foi incorporar a informação genômica no desenvolvimento de índices econômicos para seleção de bovinos leiteiros. Para tanto, fenótipos de produção de leite (PROD, $n = 24.397$), vida produtiva (VP, $n = 26.883$), escore de células somáticas (ECS, $n = 27.596$), teor de gordura (GOR, $n = 26.612$), proteína (PROT, $n = 26.751$) e ácidos graxos insaturados no leite (INSAT, $n = 23.532$) de 4.293 vacas holandesas bem como a informação genômica de 57.368 polimorfismos de nucleotídeo único de 755 destes animais foram utilizados. Os índices econômicos foram obtidos para três cenários de pagamento (por produção de leite, PAG1, por composição do leite, PAG2, e por perfil de ácidos graxos, PAG3) e os valores econômicos foram obtidos em um modelo bioeconômico pela derivada parcial da função de lucro para cada característica avaliada na média das demais. A predição dos VG foi baseada em duas abordagens: tradicional, na qual a matriz de relacionamentos é construída a partir do pedigree; e genômica, em que a matriz de relacionamentos é substituída por uma matriz modificada que combina a informação dos genótipos e do pedigree. Em ambos os casos, o modelo de predição incluirá o efeito fixo de grupo de contemporâneas e ordem de lactação, a covariável de dias em lactação, e os efeitos genéticos aditivos, de ambiente permanente e residuais como aleatórios. Os índices econômicos desenvolvidos em diferentes cenários de pagamento foram comparados pela resposta à seleção enquanto a classificação dos animais foi comparada utilizando-se a correlação de Spearman. O uso da informação genômica influenciou as estimativas dos componentes de variância e, conseqüentemente, os valores genéticos preditos e a resposta à seleção. No entanto, as correlações de ranking entre as abordagens genômica e tradicional foram altas nos três cenários estudados, com valores entre 0,91 e 0,99. Os valores econômicos para PROD, ECS, VP, GOR e PROT foram iguais a R\$ 177,11, - R\$ 39,79, R\$ 10,08, - R\$ 868,42, - R\$ -2.476,43 em PAG1; e R\$ 241,02, - R\$ 626,81, R\$12,08, R\$ 108,43, R\$ 264,89 em PAG2; respectivamente, por unidade de mudança na característica. Em PAG3, os valores econômicos foram iguais a R\$ 244,43 para PROD, - R\$ 626,81 para ECS, R\$ 12,59 for VP, R\$ 693,78 para INSAT e R\$ 264,89 para PROT. Diferenças foram principalmente observadas entre PAG1 e os demais cenários, com correlações de ranking entre 0,67 e 0,88. A importância relativa de uma característica e o tipo do animal selecionado foram fortemente dependentes do sistema de produção considerado. Dessa forma, é essencial aos programas de melhoramento genético considerarem os valores econômicos das características na avaliação genética e decisões de seleção.

Palavras-chave: Ácidos graxos; Escore de células somáticas; Índice de seleção; Seleção multi-característica; SNP; Valor econômico

Abstract

The selection index is an important tool in animal breeding, since it allows the selection for multiple traits simultaneously, combining genetic information with economic weights. The index is commonly formed by easily measured traits with high coefficients of heritability. Nevertheless, the recent availability of genomic information can improve the accuracy and selection response associated to this method, mainly due to the inclusion of a larger number of traits in the index and the increase of the accuracy of variance components and breeding values (EBV). Thus, the aim of this research was to incorporate genomic information in the development of economic indexes for dairy cattle selection. Phenotypes of milk yield (MY, $n = 24,397$), somatic cells score (SCS, $n = 27,596$), herd life (HL, $n = 26,883$), fat (FP, $n = 26,612$) and protein percentage (PP, $n = 26,751$), and total unsaturated fatty acids (UFA, $n = 23,532$) in milk collected from 4,393 cows as well as the genotypes of 57,368 single nucleotide polymorphisms from 755 cows were used. The economic indexes were based on three payment scenarios (by milk volume, PAY1, by milk composition, PAY2, and by milk fatty acids profile, PAY3) and the economic values for the traits studied were estimated as the partial derivative of the profit function for each trait evaluated at the average of the others in a bioeconomic model. The EBV were predicted through two approaches: a traditional approach with a pedigree-based matrix, and a genomic approach, in which the relationship matrix was replaced by a modified matrix that combines genomic and pedigree information. In both cases, the EBV were obtained by a multi-trait animal mixed model that included the fixed effect of contemporary group and lactation order, the covariate of days in milk, and the permanent environment, additive genetic and residual random effects. The economic indexes developed in the different payment scenarios were compared by their selection response and animal ranking. The use of genomic information influenced the estimates of variance components and, consequently, the breeding values prediction and selection response. Nevertheless, ranking correlations between genomic and pedigree-based approaches were high, with values ranging between 0.91 and 0.99. The economic values for MY, SCS, HL, FP and PP were R\$ 177.11, - R\$ 39.79, R\$ 10.08, - R\$ 868.42, - R\$ -2.476.43 in PAY1; R\$ 241.02, - R\$ 626.81, R\$12.08, R\$ 108.43, R\$ 264.89 in PAY2; respectively, per unit of change in the trait. In PAY3, the economic values were R\$ 244.43 for MY, - R\$ 626.81 for SCS, R\$ 12.59 for HL, R\$ 693.78 for UFA and R\$ 264.89 for PP. Differences were mainly observed between PAY1 and the other scenarios, with ranking correlations varying between 0.67 and 0.88. The relative importance of a trait and the type of animal selected was strongly dependent of the production system considered. Therefore, it is essential for animal breeding programs to consider the economic values of traits in genetic evaluation and selection decisions.

Keywords: Economic value; Index selection; Milk fatty acids; Multi-trait selection, SNP; Somatic cells score

4.1 Introdução

O sucesso de qualquer atividade agropecuária está associado à eficiência econômica da mesma, isto é, à otimização da lucratividade por meio da maximização da produção conjuntamente à redução nos custos. Em bovinocultura leiteira, a receita da atividade é representada, predominantemente, pelo volume de leite produzido bem como de seus

componentes, os quais serão empregados na produção de derivados lácteos. Por sua vez, a redução nas despesas é alcançada minimizando-se os custos referentes à reposição de matrizes, à alimentação e à medicação. Nisto, conclui-se que a produtividade deste sistema de produção está relacionada à utilização de animais que, além de bom desempenho produtivo, apresentam boa performance quanto à reprodução, saúde e longevidade.

Produção, reprodução, saúde e longevidade configuram-se, portanto, como objetivos de seleção cujo progresso genético é obtido através da seleção baseada em características relacionadas, tais como produção de leite, produção de gordura, produção de proteína, idade ao primeiro parto, intervalo de partos, contagem de células somáticas, entre outras. No entanto, dado que tanto objetivos quanto critérios de seleção interagem entre si, o ganho genético em eficiência econômica será efetivo somente se a avaliação genética considerá-los simultaneamente.

Neste contexto, o índice seleção apresenta-se como uma estratégia adequada à seleção de reprodutores, dada a sua obtenção a partir da combinação linear de características de interesse ponderadas por seus respectivos valores econômicos; considerando-se assim a correlação genética e fenotípica entre estas e, adicionalmente, a relevância de cada objetivo e critério de seleção dentro do sistema de produção. Apresentado em Hazel (1943), o índice de seleção tem sido aplicado no melhoramento genético de diversas espécies, como demonstrado em Dube, Mulugeta e Dzama (2013), Houksa et al. (2010) e Quinton et al. (2006) para populações de suínos; Conington et al. (2006), Lewis et al. (1996), Márquez et al. (2012), e Simm e Dingwall (1989) para populações de ovinos; Amer, Crump e Simm (1998), Barwick e Henzell (2005) e Ponzoni e Newman (1989) para populações de bovinos de corte. Especificamente para bovinos de leite, Rogers (1993) estimou acréscimos de 1 a 4% na eficiência de resposta quando a seleção foi baseada em um índice formado por produção de leite, escore de células somáticas, profundidade de úbere, posicionamento dos tetos e ângulo de casco comparativamente à seleção baseada somente na produção de leite. Similarmente, Boettcher et al. (1998) observaram um aumento de 15% em acurácia por meio do uso de um índice de seleção composto por velocidade de ordenha, conformação do úbere e escore de células somáticas em relação à escore de células somáticas como critério único de seleção. De acordo com Shook (2006), o uso de índices de seleção contribuiu para ganhos genéticos acumulados de 1,7 desvios-padrão em características produtivas e 1,2 desvios-padrão em vida produtiva desde 1980.

Com o recente desenvolvimento da genotipagem em larga escala, esses ganhos podem ser ampliados, visto que a inclusão dos dados genotípicos na avaliação genética ocasiona o

aumento da acurácia por meio da qualidade das informações referentes aos relacionamentos genéticos. Hayes et al. (2009), empregando plataforma de genotipagem de 50k em vacas holandesas da Austrália, reportaram acurácias de 0,38, 0,35, 0,28, 0,20 e 0,16 para os valores genéticos preditos para o índice de seleção australiano, ranking de lucratividade australiano, produção de proteína, teor de proteína e fertilidade, respectivamente, sob abordagem tradicional, e acurácias de 0,44, 0,53, 0,45, 0,29 e 0,18 para estas mesmas características empregando abordagem genômica. Da mesma forma, o uso de uma matriz genômica na avaliação de vacas holandesas da Nova Zelândia em Harris e Johnson (2010) foi associado a aumentos de acurácia entre 1 a 4% nos valores genéticos para o índice econômico em touros provados, enquanto para touros não provados a acurácia média aumentou de 35% para 54% confrontando-se a análise tradicional à genômica. Contudo, apesar desses resultados, os trabalhos envolvendo a incorporação de informações genômicas no desenvolvimento de índices de seleção ainda são escassos, restringindo-se ao uso destes na combinação linear e ponderação das diversas fontes de informação genética na obtenção de valores genômicos para determinadas características.

Assim sendo, o objetivo neste estudo foi desenvolver índices econômicos de seleção para bovinos leiteiros a partir de informações fenotípicas e genotípicas associadas a características produtivas e funcionais, de forma que o progresso genético da população seja acompanhado de eficiência econômica e produtiva.

4.2 Material e Métodos

4.2.1 Sistema de produção

De acordo com o último censo agropecuário, realizado em 2006 pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), a produção de leite brasileira está dispersa em estabelecimentos agropecuários heterogêneos. Aproximadamente 45% destes estabelecimentos produzem menos de dez litros de leite por dia, majoritariamente para consumo próprio, contribuindo com 5% do total produzido neste ano. Por sua vez, apenas 3% das propriedades produzem volume superior a 200 litros diários, sendo estas responsáveis por 35% da produção nacional a uma produtividade média anual por vaca de 2,344 litros – cerca do dobro da média do país (IBGE, 2006; ZOCCAL, 2012). A adoção de tecnologias ainda é baixa. A proporção de estabelecimentos com tanque de resfriamento é de 10,8% enquanto o uso de ordenha mecânica, inseminação artificial e transferência de embriões nas propriedades

leiteiras têm variado entre 1,8 a 38,2%, 2,6 a 22,3% e 0,2 a 0,9% dependendo da região do país (IBGE, 2006). Em um levantamento mais recente, Stock (2014) verificou que a produção média nacional é de 78 litros de leite por dia, sendo a produção por vaca igual a 1,417 litros por ano.

Diferentemente da média brasileira, as quatro fazendas consideradas neste estudo – três localizadas no Estado de São Paulo e uma no Estado do Paraná; caracterizam-se pela produção de um volume diário de leite entre 2.437 kg e 54.369 kg, sendo a produção média por vaca por dia igual a 31,29 kg. A ordenha é realizada três vezes ao dia em sistema automático e as vacas, da raça Holandesa, são mantidas em free-stall e alimentadas por ração misturada total, cujos principais componentes são silagem de milho, feno de capim, caroço de algodão, farelo de soja, casca de soja, farelo de milho, polpa cítrica, minerais e vitaminas. O primeiro parto ocorre no período entre 21 e 41 meses de idade e o intervalo de partos é, em média, de 15,4 meses. A inseminação artificial é adotada no manejo reprodutivo, sendo predominantemente utilizado sêmen importado.

Desregulamentado em 1991, o mercado lácteo é considerado um oligopsônio, no qual há um excesso de fornecedores de leite cru em relação às indústrias que compram a matéria-prima (BICALHO; MACHADO; PAÇO-CUNHA, 2008). A distribuição destes laticínios, heterogênea e regionalizada, influencia o preço pago ao produtor (de CARVALHO et al., 2013; MENEHINI, 2014). Durante décadas, o pagamento ao produtor foi realizado exclusivamente em função do volume de leite produzido. Contudo, a partir da publicação da Instrução Normativa 51 (BRASIL, 2002), atualizada em 2011, a qual estabeleceu parâmetros mínimos para contagem de células somáticas (400.000 células/ml de leite), contagem bacteriana total (100.000 unidades formadoras de colônia/ml de leite), teor de proteína (2,9%), gordura (3,0%) e sólidos não gordurosos (8,4%) no leite, iniciou-se a implantação do pagamento diferenciado do leite por indicadores de qualidade. Futuramente espera-se que o pagamento também englobe a qualidade nutricional do leite, considerando, por exemplo, o perfil de ácidos graxos.

4.2.2 Descrição dos dados

Neste estudo foram utilizados neste estudo dados de produção de leite (PROD, em kg), contagem de células somáticas (CCS), teor (g/100g de leite) de gordura (GOR), proteína (PROT), ácidos graxos insaturados no leite (INSAT) e vida produtiva (VP, dias), coletados mensalmente de 4.968 vacas da raça Holandesa entre maio de 2012 e dezembro de 2014.

Como citado anteriormente, esses dados são oriundos de quatro fazendas, três localizadas no Estado de São Paulo e uma do Estado do Paraná, e foram obtidos com a colaboração da Clínica do Leite pertencente ao Departamento de Zootecnia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (Universidade de São Paulo, unidade de Piracicaba).

As mensurações dos componentes do leite foram determinadas por meio de espectrometria em infravermelho médio (Delta Instruments CombiScope™ Filter, Advanced Instruments, Inc., Norwood, EUA), utilizando-se amostras de leite refrigeradas e conservadas com bronopol. Dado que CCS não apresenta distribuição normal dos dados, foi também calculado o escore de células somáticas (ECS) por meio da equação $ECS = \text{Log}_2(\text{CCS}/100.000) + 3$ (AKA; SHOOK, 1980). A característica de vida produtiva foi obtida como a diferença, em dias, entre a data de coleta e a data do primeiro parto. A esses registros de desempenho individual foi associada a informação de grupo de contemporâneos (GC). Os GC foram formados concatenando-se o ano de parto, estação de parto (abril a setembro – estação seca; outubro a março – estação das águas), rebanho e mês e ano de análise, de maneira que foram compostos 588 grupos com um a 671 indivíduos. Para o fenótipo de vida produtiva, os grupos de contemporâneos foram formados a partir da combinação das informações de ano e estação de parto, e rebanho, compondo 28 GC de 8 a 526 animais.

Previamente ao desenvolvimento do estudo, realizadas análises de consistência e preparação do banco de dados, eliminando-se informações referentes a animais: *i*) pertencentes à GC com menos de cinco indivíduos; *ii*) com nenhum dado de desempenho em determinada data de coleta; *iii*) e sem informação de data de parto, ordem de lactação e/ou idade. Foram também excluídos registros fora da amplitude aceitável (mais ou menos três desvios-padrão, Tabela 14), associados a dias em lactação inferior a cinco ou superior a 365, a idade maior que 3.214 dias (aproximadamente oito anos) e também a número de lactações igual ou maior a sete. Apenas registros de uma lactação por vaca foram mantidos.

Tabela 14 - Mínimo e máximo aceitável para a manutenção da medida no banco de dados para), produção de leite (PROD, kg), escore de células somáticas (ECS), teor (g/100g de leite) de gordura (GOR), proteína (PROT), ácidos graxos insaturados (INSAT) e vida produtiva (VP, dias).

| Característica | Mínimo | Máximo |
|----------------|--------|----------|
| PROD | 3,00 | 64,43 |
| ECS | -3,36 | 10,14 |
| GOR | 1,01 | 6,02 |
| PROT | 2,05 | 4,23 |
| INSAT | 0,06 | 2,06 |
| VP | 0,00 | 2.271,74 |

Ao final da edição dos dados restaram 29.528 informações referentes a 4.293 vacas, filhas de 232 touros e pertencentes a 301 GC (28 GC para VP). Foram consideradas 2.211, 1.016, 587, 319, 133 e 27 vacas de primeira à sexta lactação. A distribuição dos dados por dias em lactação e ordem de lactação é apresentada na Figura 19 enquanto a descrição estatística das características mensuradas está inserida na Tabela 15.

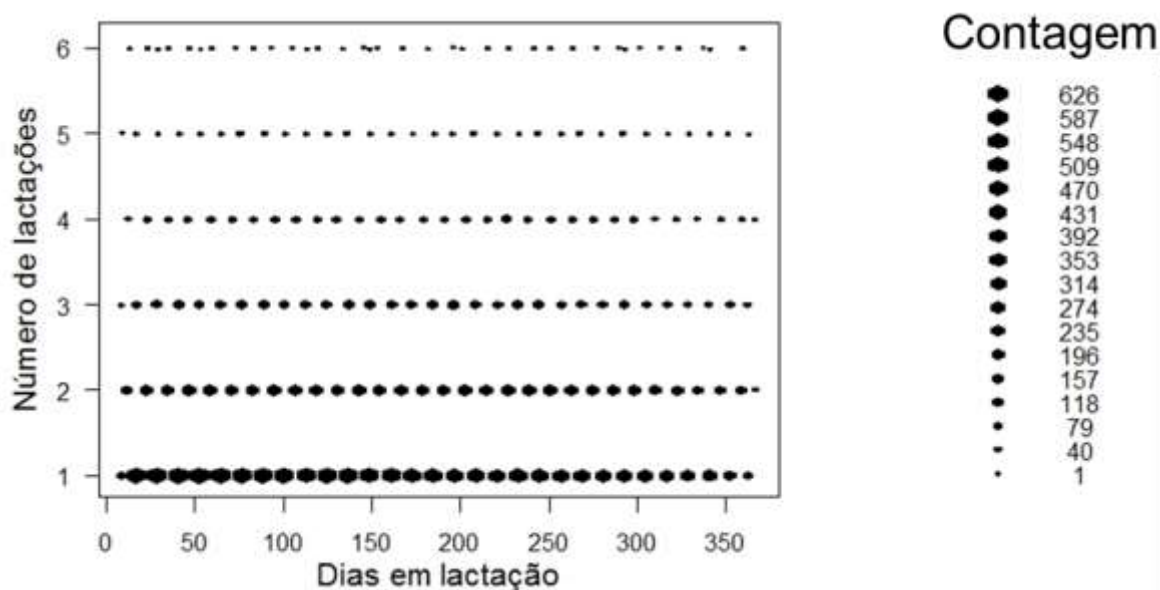


Figura 19 - Número de informações disponíveis por número de lactações e dias em lactação.

Tabela 15 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) para produção de leite (PROD, kg), escore de células somáticas (ECS), teor (g/100g de leite) de gordura (GOR), proteína (PROT) e ácidos graxos insaturados (INSAT), e vida produtiva (VP, dias).

| Característica | N | Média | DP | CV | MIN | MAX |
|----------------|--------|--------|---------|------|-------|----------|
| PROD | 24.397 | 32,75 | 9,964 | 30,4 | 3,00 | 64,00 |
| ECS | 27.596 | 3,08 | 2,237 | 72,6 | -2,64 | 9,88 |
| GOR | 26.612 | 3,45 | 0,744 | 21,6 | 1,01 | 6,01 |
| PROT | 26.751 | 3,09 | 0,313 | 10,1 | 2,07 | 4,23 |
| INSAT | 23.532 | 1,04 | 0,294 | 28,4 | 0,07 | 2,06 |
| VP | 26.883 | 547,24 | 527,729 | 96,4 | 5,00 | 2.270,00 |

O número de vacas por rebanho foi igual a 2.868, 521, 151 e 753. O número de medidas por vaca variou de um a 15, com a média de medidas por lactação por vaca igual a 6,88 (Tabela 16).

Tabela 16 - Montante de animais em relação ao número de medidas (de 1 a 15) por característica.

| Característica* | Número de medidas | | | |
|-----------------|-------------------|-------|--------|---------|
| | 1 | 2 a 5 | 6 a 10 | 11 a 15 |
| PROD | 275 | 1.716 | 2.039 | 199 |
| ECS | 193 | 1.108 | 2.825 | 150 |
| GOR | 199 | 1.282 | 2.646 | 145 |
| PROT | 196 | 1.262 | 2.673 | 141 |
| INSAT | 213 | 1.807 | 2.176 | 72 |
| VP | 136 | 903 | 2.593 | 235 |

*PROD = produção de leite, ECS = escore de células somáticas, GOR = teor de gordura, PROT = teor de proteína, INSAT = teor de ácidos graxos insaturados e VP = vida produtiva.

Dentre as vacas em produção, 768 foram também genotipadas por meio do painel Illumina Bovine LD BeadChip (Illumina, San Diego, EUA, 6k), o qual inclui 6.909 polimorfismos de nucleotídeo único (*single nucleotide polymorphism*, SNP). Estas vacas são filhas de 113 touros e representam 245 GC (22 GC para VP). A extração do material genético foi feita a partir de bulbos pilosos da vassoura da cauda das vacas, utilizando-se o NucleoSpin Tissue[®] Kit (Macherey-Nagel GmbH & Co. KG, Düren, Alemanha).

A seleção das vacas para genotipagem foi realizada aleatoriamente por meio do método da amostragem estratificada simples, na qual todos os indivíduos possuem a mesma probabilidade de serem escolhidos, sem reposição, dentro de cada estrato (fazenda). A quantidade de animais selecionados por fazenda foi proporcional ao tamanho do rebanho, de maneira que o grupo de indivíduos genotipados foi composto por 515, 157 e 91 animais de três fazendas consideradas nesse estudo. Participaram da seleção apenas animais com

informações de parentesco (pai e mãe) e com dados fenotípicos para as características de interesse. Adicionalmente, atentou-se para que os touros com maior número de filhas e grupos de contemporâneas fossem representados pelas vacas genotipadas. Na edição dos dados fenotípicos, 71 vacas genotipadas tiveram seus dados fenotípicos excluídos. As estatísticas descritivas dos dados de produção dos demais 692 animais são apresentadas na tabela 17.

Tabela 17 - Número de observações (N), média, desvio-padrão (DP), coeficiente de variação (CV, %), valores mínimos (MIN) e máximos (MAX) obtidos para produção de leite (PROD, kg), escore de células somáticas (ECS), teor (g/100g de leite) de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT) e vida produtiva (VP, dias) dos animais genotipados.

| Característica | N | Média | DP | CV | MIN | MAX |
|-----------------------|----------|--------------|-----------|-----------|------------|------------|
| PROD | 3.844 | 30,44 | 10,038 | 33,0 | 3,10 | 64,00 |
| ECS | 4.809 | 3,77 | 2,281 | 60,4 | -2,06 | 9,62 |
| GOR | 4.700 | 3,39 | 0,716 | 21,1 | 1,02 | 6,00 |
| PROT | 4.707 | 3,07 | 0,311 | 10,1 | 2,10 | 4,23 |
| ECS | 4.809 | 3,77 | 2,281 | 60,4 | -2,06 | 9,62 |
| INSAT | 4.449 | 1,04 | 0,285 | 27,5 | 0,11 | 2,04 |
| VP | 4.760 | 882,93 | 574,629 | 65,1 | 7,00 | 2.270,00 |

Os dados genotípicos das vacas foram enriquecidos por meio de uma análise de imputação realizada no programa findhap.f90 (VANRADEN, 2015; VANRADEN et al., 2011), utilizando-se como população de referência 707.185 touros e vacas da raça Holandesa, dos quais 72 eram pais de 573 vacas com genótipos. Essa população de referência possuía genótipos para 60.671 SNP nas plataformas Illumina BovineSNP50 (Illumina, San Diego, EUA) ou GeneSeek Genomic Profiler HD (Neogen Agrigenomics, Lexington, EUA) (Figura 20). Neste programa a construção dos haplótipos é baseada na informação de população e de família. Os genótipos são codificados numericamente como 0 e 2 para os homozigotos de cada alelo e 1 para o heterozigoto. Os haplótipos são codificados como 0 para o primeiro alelo, 2 para o segundo alelo e 1 para alelo desconhecido. Primeiramente, os cromossomos são divididos em blocos de SNP, formando uma biblioteca de blocos de haplótipos ordenados por frequência. Os haplótipos do painel de baixa densidade são buscados nesta biblioteca até um haplótipo correspondente ser identificado, sendo então os alelos desconhecidos substituídos pelos alelos do haplótipo encontrado. Posteriormente, o haplótipo complementar, obtido pela remoção do primeiro haplótipo do genótipo, é buscado na biblioteca de haplótipos remanescentes. Caso o haplótipo não exista na biblioteca, ele é adicionado ao fim da lista de haplótipos. Nas duas primeiras iterações apenas a informação de população é empregada. Os métodos baseados no pedigree e na população são utilizados conjuntamente nas iterações

subsequentes para a localização de haplótipos. Ao final, a imputação de haplótipos de ancestrais não-genotipados bem como a resolução de conflitos entre genótipos de parentais e progênie são realizadas somente a partir do pedigree (SUN et al., 2012; VANRADEN et al., 2011). O procedimento de imputação foi realizado pelo Animal Genomics and Improvement Laboratory (Agricultural Research Service, USDA) sob responsabilidade do Dr. George Wiggans.

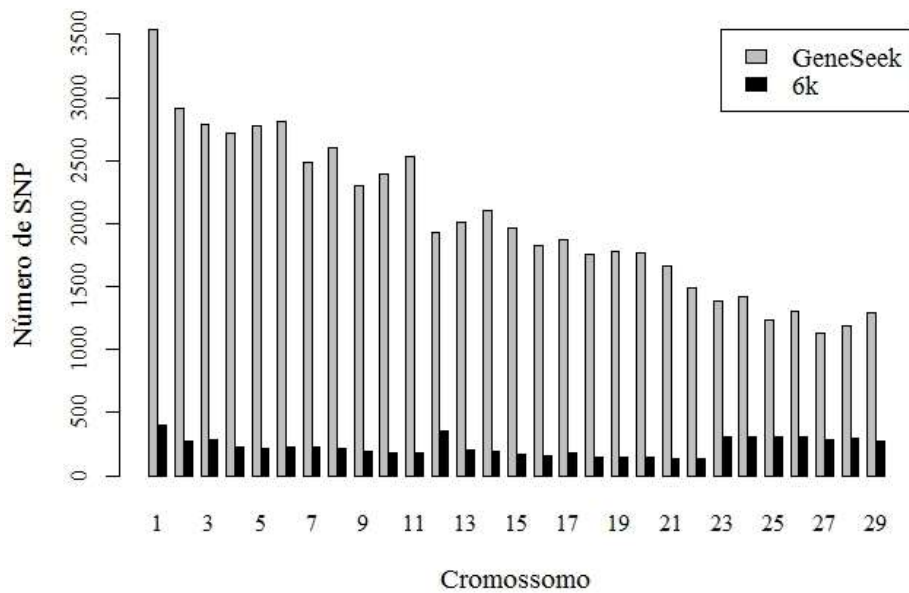


Figura 20 - Número de SNP por cromossomo (exceto os cromossomos sexuais) no painel de baixa densidade (6k) e no painel de referência (GeneSeek) anteriormente às análises de controle de qualidade.

Durante a análise de imputação, onze amostras com genótipos duplicados e/ou com parentesco incompatível foram excluídas, restando 757 amostras com informação de 60.671 SNP. Adicionalmente foram eliminadas amostras com call-rate menor que 90% (n=2) bem como marcadores situados nos cromossomos sexuais (n=1.549), com proporção de genótipos perdidos maior que 20% (n=145), monomórficos (n=102) e com frequência alélica menor que 0,02 (*minor allele frequency*, MAF, n=1.507). Nenhum SNP foi eliminado devido ao critério de frequência de heterozigotos maior que 0,15 do que o esperado por equilíbrio de Hardy-Weinberg. Assim, foram mantidas as informações de 755 vacas e 57.368 SNP no banco de dados.

4.2.3 Índices econômicos

Visando contemplar diferentes mercados de precificação dos produtos lácteos, neste estudo foram desenvolvidos índices de seleção baseados em três cenários de pagamento: *i)* exclusivamente por volume produzido, *ii)* por volume e por teor de componentes, *iii)* por volume, teor de componentes e qualidade nutricional (ácidos graxos). Os objetivos e critérios de seleção abrangidos nesses índices econômicos, de acordo com o cenário de pagamento estudado, são apresentados na Tabela 18. Denominam-se como objetivos de seleção características economicamente importantes de acordo com um determinado sistema de produção (CARDOSO et al., 2004) e critérios de seleção como um conjunto de características na qual a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para as características alvo (objetivos de seleção) do melhoramento (VAYEGO, 2007).

Tabela 18 - Objetivos e critérios de seleção considerados no desenvolvimento do índice econômico de acordo com o cenário de pagamento estudado.

| Cenário | Sistema de pagamento | Objetivo de seleção | Critério de seleção |
|----------------|---|---|---|
| PAG1 | Apenas por volume de leite | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de gordura e proteína do leite, vida produtiva | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de gordura e proteína do leite, vida produtiva |
| PAG2 | Por volume de leite, com bonificação pela concentração de proteína, gordura e contagem de células somáticas | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de gordura e proteína do leite, vida produtiva | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de gordura e proteína do leite, vida produtiva |
| PAG3 | Por volume de leite, com bonificação pela concentração de proteína, ácidos graxos insaturados e contagem de células somáticas | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de ácidos graxos insaturados e proteína do leite, vida produtiva | Produção de leite, escore de células somáticas, teor de gordura e proteína do leite, vida produtiva |

Além de objetivos de seleção, produção de leite, teor de gordura, teor de proteína, escore de células somáticas e vida produtiva foram adotados como critérios de seleção por se tratarem de características de herdabilidade moderada a alta, facilmente mensuradas em rebanhos leiteiros. No cenário de bonificação por qualidade nutricional (cenário 3), teor de gordura foi considerado uma característica indicadora do objetivo de seleção, teor de ácidos graxos insaturados, dado que esta última ainda não é rotineiramente coletada durante o controle leiteiro.

Dessa forma, o índice econômico de seleção (DEKKERS; GIBSON, 1998; SCHNEEBERGER et al., 1991) foi dado por:

$$I_{ij} = \mathbf{b}'_i \hat{\mathbf{g}}_{ij} \quad [6]$$

em que: I_{ij} é o índice de seleção desenvolvido considerando-se o cenário i calculado para o animal j , \mathbf{b}_i é o vetor de ponderadores econômicos para os critérios de seleção considerando-se o cenário de bonificação i , e $\hat{\mathbf{g}}_{ij}$ é o vetor de valores genéticos do j -ésimo animal preditos para os critérios de seleção incluídos no cenário de bonificação i .

Por sua vez, o vetor de ponderadores econômicos em cada cenário i (\mathbf{b}_i) foi obtido por:

$$\mathbf{b}'_i = \mathbf{P}_i^{-1} \mathbf{G}_i \mathbf{v}_i \quad [7]$$

em que: \mathbf{P}_i é a matriz de (co)variâncias genéticas entre as características do índice de seleção do cenário i (critérios de seleção), \mathbf{G}_i é a matriz de (co)variâncias genéticas entre as características do índice i e do agregado genotípico (objetivos de seleção) e \mathbf{v}_i são os valores econômicos das características presentes no agregado genotípico (objetivos de seleção). Nos casos em que os critérios e objetivos de seleção são iguais (PAG1 e PAG2), \mathbf{P}_i é igual a \mathbf{G}_i e, portanto, \mathbf{b}_i é igual a \mathbf{v}_i . As equações [6] e [7] são adaptações das apresentadas em Hazel (1943) para o uso dos valores genéticos das características em substituição aos fenótipos das mesmas.

4.2.4 Componentes de (co)variâncias e valores genéticos

As variâncias e covariâncias das matrizes \mathbf{P}_i e \mathbf{G}_i (Tabelas 19 a 26) bem como os valores genéticos (Tabela 27) que formam os índices de seleção foram obtidos por meio do seguinte modelo misto animal multi-característica, utilizando-se o programa AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002, critério de convergência = 10^{-12}):

$$\mathbf{y} = (\mathbf{X} \otimes \mathbf{ID}_t) \boldsymbol{\beta} + (\mathbf{Z} \otimes \mathbf{ID}_t) \mathbf{a} + (\mathbf{S} \otimes \mathbf{ID}_t) \mathbf{c} + \boldsymbol{\varepsilon}$$

em que: \mathbf{y} é o vetor das observações; $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor de efeitos fixos, o qual inclui os grupos de contemporâneos e ordem de lactação, e o efeito cúbico de dias em lactação como covariável (esta menos para VP); \mathbf{a} é o vetor dos efeitos aleatórios aditivos genéticos; \mathbf{c} é o vetor dos efeitos de ambiente permanente, com $N(\mathbf{0}, \mathbf{E}_p \otimes \mathbf{ID})$, em que \mathbf{E}_p é a matriz de (co)variâncias

entre os efeitos de ambiente permanente e \mathbf{ID} é uma matriz identidade; $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de efeitos residuais com $N(\mathbf{0}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{ID})$, sendo \mathbf{R} a matriz de (co)variâncias entre os efeitos residuais; \mathbf{X} , \mathbf{Z} e \mathbf{S} são as matrizes de incidência comuns a todas as características, associando os vetores $\boldsymbol{\beta}$, \mathbf{a} e \mathbf{c} à \mathbf{y} , e \mathbf{ID}_t é uma matriz identidade para a característica t .

Duas abordagens foram consideradas nas análises genéticas: tradicional e genômica. Na tradicional, assume-se que os efeitos aditivos apresentam uma distribuição normal com média zero e variância igual a $\mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{A}^{-1}$, em que \mathbf{A} é a matriz de relacionamentos derivada do pedigree e \mathbf{G}_0 é a matriz de (co)variâncias entre os efeitos genéticos aditivos. Por sua vez, na abordagem genômica, os efeitos aditivos seguem uma distribuição normal com média zero e variância igual a $\mathbf{G}_0 \otimes \mathbf{H}^{-1}$, sendo \mathbf{H} uma matriz de variâncias e covariâncias construída a partir da combinação da informação de relacionamentos oriunda do pedigree e dos marcadores genéticos. A inversa da matriz \mathbf{H} possui a seguinte estrutura (AGUILAR et al., 2010):

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{G}_w^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}, \quad [9]$$

em que \mathbf{A}_{22} é a sub-matriz de \mathbf{A} para os animais genotipados, $\mathbf{G}_w = w\mathbf{G} + (1 - w)\mathbf{A}_{22}$, com \mathbf{G} igual a matriz de relacionamentos genômica obtida de acordo com VanRaden (2008), e a constante w igual a 0,80 representando a proporção da variância genética aditiva total contabilizada pelos marcadores genéticos. A escolha de w foi baseada em Christensen et al. (2012), o qual determinou o valor ótimo de w estando entre 0,70 e 0,75. O pedigree foi formado por 8.790 animais de 6,85 gerações, dos quais 4.197 eram reprodutoras e 576 eram touros. A primeira geração foi considerada como um (BRINKS; CLARK; RICE, 1961).

Tabela 19 – Covariâncias genéticas entre os objetivos e critérios de seleção adotados nos cenários PAG1 e PAG2 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem tradicional.

| | PROD | GOR | PROT | ECS | VP |
|-------------|-------------|------------|-------------|------------|------------|
| PROD | 8,076 | -0,339 | -0,214 | 0,273 | -20,579 |
| GOR | -0,339 | 0,109 | 0,031 | -0,011 | 3,448 |
| PROT | -0,214 | 0,031 | 0,025 | 0,005 | -1,576 |
| ECS | 0,273 | -0,011 | 0,005 | 0,551 | 27,942 |
| VP | -20,579 | 3,448 | -1,576 | 27,942 | 12.575,000 |

Tabela 20 – Covariâncias fenotípicas entre os objetivos e critérios de seleção adotados nos cenários PAG1 e PAG2 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem tradicional.

| | PROD | GOR | PROT | ECS | VP |
|-------------|-------------|------------|-------------|------------|------------|
| PROD | 65,527 | -0,373 | -0,521 | -3,891 | 128,696 |
| GOR | -0,373 | 0,510 | 0,034 | 0,057 | 6,696 |
| PROT | -0,521 | 0,034 | 0,067 | 0,097 | -4,606 |
| ECS | -3,891 | 0,057 | 0,097 | 4,060 | 20,667 |
| VP | 128,696 | 6,696 | -4,606 | 20,667 | 32.428,400 |

Tabela 21 – Covariâncias genéticas entre os objetivos e critérios de seleção adotados no cenário PAG3 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem tradicional.

| | PROD | GOR | PROT | INSAT | ECS | VP |
|--------------|-------------|------------|-------------|--------------|------------|-----------|
| PROD | 7,982 | -0,355 | -0,213 | -0,058 | -0,286 | -21,673 |
| GOR | -0,355 | 0,119 | 0,032 | 0,022 | -0,012 | 3,613 |
| PROT | -0,213 | 0,032 | 0,024 | 0,008 | 0,005 | -1,493 |
| INSAT | -0,058 | 0,022 | 0,008 | 0,006 | 0,002 | 1,484 |
| ECS | -0,286 | -0,012 | 0,005 | 0,002 | 0,550 | 27,859 |
| VP | -21,673 | 3,613 | -1,493 | 1,484 | 27,859 | 12550,000 |

Tabela 22 – Covariâncias fenotípicas entre os objetivos e critérios de seleção adotados no cenário PAG3 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem tradicional.

| | PROD | GOR | PROT | INSAT | ECS | VP |
|--------------|-------------|------------|-------------|--------------|------------|-----------|
| PROD | 65,534 | -0,396 | -0,521 | -0,094 | -3,899 | 128,312 |
| GOR | -0,396 | 0,523 | 0,035 | 0,156 | 0,062 | 6,199 |
| PROT | -0,521 | 0,035 | 0,067 | 0,009 | 0,098 | -4,655 |
| INSAT | -0,094 | 0,156 | 0,009 | 0,067 | 0,032 | 3,128 |
| ECS | -3,899 | 0,062 | 0,098 | 0,032 | 4,060 | 20,390 |
| VP | 128,312 | 6,199 | -4,655 | 3,128 | 20,390 | 32431,100 |

Tabela 23 – Covariâncias genéticas entre os objetivos e critérios de seleção adotados nos cenários PAG1 e PAG2 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem genômica.

| | PROD | GOR | PROT | ECS | VP |
|-------------|-------------|------------|-------------|------------|-----------|
| PROD | 8,068 | -0,316 | -0,204 | -0,309 | -21,820 |
| GOR | -0,316 | 0,107 | 0,029 | -0,013 | 3,260 |
| PROT | -0,204 | 0,029 | 0,024 | 0,006 | -1,526 |
| ECS | -0,309 | -0,013 | 0,006 | 0,556 | 23,386 |
| VP | -21,820 | 3,260 | -1,526 | 23,386 | 11382,000 |

Tabela 24 – Covariâncias fenotípicas entre os objetivos e critérios de seleção adotados nos cenários PAG1 e PAG2 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem genômica.

| | PROD | GOR | PROT | ECS | VP |
|-------------|-------------|------------|-------------|------------|-----------|
| PROD | 65,502 | -0,369 | -0,519 | -3,894 | 127,918 |
| GOR | -0,369 | 0,510 | 0,034 | 0,057 | 7,112 |
| PROT | -0,519 | 0,034 | 0,067 | 0,098 | -4,426 |
| ECS | -3,894 | 0,057 | 0,098 | 4,060 | 19,982 |
| VP | 127,918 | 7,112 | -4,426 | 19,982 | 32370,200 |

Tabela 25 – Covariâncias genéticas entre os objetivos e critérios de seleção adotados no cenário PAG3 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem genômica.

| | PROD | GOR | PROT | INSAT | ECS | VP |
|--------------|-------------|------------|-------------|--------------|------------|-----------|
| PROD | 8,142 | -0,349 | -0,205 | -0,055 | -0,320 | -21,997 |
| GOR | -0,349 | 0,117 | 0,030 | 0,021 | -0,014 | 3,379 |
| PROT | -0,205 | 0,030 | 0,024 | 0,007 | 0,005 | -1,477 |
| INSAT | -0,055 | 0,021 | 0,007 | 0,006 | -0,001 | 1,336 |
| ECS | -0,320 | -0,014 | 0,005 | -0,001 | 0,558 | 23,337 |
| VP | -21,997 | 3,379 | -1,477 | 1,336 | 23,337 | 11384,000 |

Tabela 26 – Covariâncias fenotípicas entre os objetivos e critérios de seleção adotados no cenário PAG3 – produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP), obtidos por meio da abordagem genômica.

| | PROD | GOR | PROT | INSAT | ECS | VP |
|--------------|-------------|------------|-------------|--------------|------------|-----------|
| PROD | 65,544 | -0,396 | -0,520 | -0,094 | -3,903 | 127,676 |
| GOR | -0,396 | 0,523 | 0,035 | 0,155 | 0,062 | 6,497 |
| PROT | -0,520 | 0,035 | 0,067 | 0,009 | 0,098 | -4,513 |
| INSAT | -0,094 | 0,155 | 0,009 | 0,067 | 0,031 | 3,189 |
| ECS | -3,903 | 0,062 | 0,098 | 0,031 | 4,061 | 19,614 |
| VP | 127,676 | 6,497 | -4,513 | 3,189 | 19,614 | 32380,800 |

Tabela 27 – Média das acurácias dos valores genéticos (desvio-padrão) preditas para produção de leite (PROD), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), escore de células somáticas (ECS) e vida produtiva (VP) por meio das abordagens tradicional e genômica.

| Característica | Abordagem tradicional | Abordagem genômica |
|-----------------------|------------------------------|---------------------------|
| PROD | 0,49 (0,191) | 0,45 (0,218) |
| GOR | 0,62 (0,229) | 0,61 (0,225) |
| PROT | 0,62 (0,255) | 0,65 (0,231) |
| ECS | 0,47 (0,186) | 0,47 (0,186) |
| VP | 0,57 (0,226) | 0,55 (0,220) |

4.2.5 Derivação dos valores econômicos

O valor econômico de cada característica foi estimado por meio de um modelo bioeconômico, no qual o efeito econômico de cada característica sobre o lucro é definido como a derivada parcial da função de lucro total em relação à característica. Dessa forma, o valor econômico equivale à mudança no lucro por unidade de mudança na referida característica considerando-se as demais constantes e assumindo-se um tamanho de rebanho fixo (GROEN et al., 1997).

O lucro total (L) foi calculado como a diferença entre a receita e o custo oriundos da criação de vacas em lactação, sendo expresso como o lucro por vaca (SADEGHI-SEFIDMAZGI et al., 2012). Foram consideradas as receitas advindas da própria vaca (R_1) por meio da produção e venda de leite, e venda da vaca após o seu descarte bem como as receitas associadas a sua progênie (R_2), obtidas pela venda de bezerros e de novilhas para reposição. Os custos incluíram despesas com alimentação, saúde (tratamentos preventivos e curativos, insumos de reprodução e assistência veterinária), alojamento, combustível, mão-de-obra e demais custos fixos requeridos para a criação de vacas (C_1) e de sua progênie (C_2). As equações utilizadas para o cálculo do lucro total [10] e das receitas [11,13] e custos [12,14] incluídos no mesmo, similares às adotadas em Sadeghi-Sefidmazgi et al. (2012), são apresentadas abaixo:

$$L = (R_1 - C_1) + (R_2 - C_2) \quad [10]$$

Em que L é o lucro total; R_1 e R_2 são as receitas oriundas da própria vaca e de sua progênie, respectivamente; e C_1 e C_2 são os custos associados à criação da vaca e sua progênie, respectivamente.

$$R_1 = [\text{PROD}_{365} \times (\text{pleite} + \text{Ad_GOR} + \text{Ad_PROT} + \text{Ad_ECS})] \times (\text{VP/IP}) + (1 - \text{MoV}/100) \times \text{pdescarte} \quad [11]$$

Em que: R_1 é a receita advinda de uma vaca durante a sua vida produtiva; PROD_{365} é a produção de leite em uma lactação com duração de 365 dias (em kg); *pleite* é o preço do leite base (em R\$/kg de leite); Ad_GOR, Ad_PROT e Ad_ECS é a bonificação ou penalização no preço do leite de acordo com o teor de gordura, teor de proteína e escore de células somáticas do leite (em R\$/kg de leite), respectivamente; Ad_INSAT é a bonificação no preço do leite de

acordo com o teor de ácidos graxos insaturados; VP é a vida produtiva (em dias); IP é o intervalo de partos (em dias); MoV é a taxa de mortalidade em vacas e *pdescarte* é o preço de uma vaca de descarte. O pagamento adicional por qualidade do leite foi apenas considerado nos cenários 2 e 3, sendo Ad_PROT, Ad_GOR e Ad_ECS incluídos no cenário 2 e Ad_PROT, Ad_INSAT (em substituição a Ad_GOR) e Ad_ECS incluídos no cenário 3.

$$C_1 = \{(\text{PROD}_{365} \times \text{cleite}) + [(\text{GOR}-3)/100 \times \text{PROD}_{365} \times \text{cgor}] + [(\text{PROT}-2,9)/100 \times \text{PROD}_{365} \times \text{cprot}] + \text{cecs} + \text{cseco}\} \times \text{VP/IP} \quad [12]$$

Em que: C_1 é o custo oriundo de uma vaca em lactação; PROD_{365} é a produção de leite (kg) na lactação; *cleite* é o custo de produção de um quilo de leite (com 3% de gordura e 2,9% de proteína), incluindo custos referentes à alimentação, mão de obras, tratamentos preventivos e curativos, assistência veterinária, insumos de reprodução, alojamento e combustível; *cgor* e *cprot* são os custos resultantes da alimentação da vaca pela produção adicional de gordura (R\$/kg de gordura) e proteína (R\$/kg de proteína) do leite, respectivamente; GOR e PROT são os teores de gordura e proteína do leite (g por 100g de leite); *cecs* é o custo por unidade de ECS; *cseco* é o custo da vaca no período seco; VP é a vida produtiva (em dias) e IP é o intervalo de partos (em dias). No terceiro cenário (PAG3) o custo por 1 kg adicional de gordura foi substituído pelo custo por 1 kg adicional de ácidos graxos insaturados (*cinsat*). Dessa forma, na equação [11], o termo $[(\text{GOR}-3)/100 \times \text{PROD}_{365} \times \text{cgor}]$ foi substituído por $[(1-\text{INSAT})/100 \times \text{PROD}_{365} \times \text{cinsat}]$ em PAG3.

$$R_2 = [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times 0,5 \times \text{pbm})] + [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times 0,5) \times \text{TS}_n/100 \times \text{pnr}] \quad [13]$$

Em que: R_2 é a receita originada das progênes da vaca; MoB é a taxa de mortalidade de bezerros; N_p é o número de progênes por vaca; *pbm* é o preço por bezerro; TS_n é a taxa de sobrevivência da novilha; *pnr* é o preço da novilha de reposição. O número de progênes por vaca foi calculado como $(1 - \text{Nat}/100) \times \text{VP}/\text{IP}$, em que Nat é a taxa de natimortos; VP é a vida produtiva (em dias) e IP é o intervalo de partos (em dias).

$$C_2 = [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times \text{cb})] + [\text{MoB}/100 \times \text{N}_p \times 0,5 \times \text{cb}] + [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times 0,5) \times \text{TS}_n/100 \times (1 - \text{TR}/100) \times \text{cnr}] + [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times 0,5) \times \text{TS}_n/100 \times \text{TR}/100 \times \text{cn}] + [(1 - \text{MoB}/100) \times (\text{N}_p \times 0,5) \times (1 - \text{TS}_n/100) \times 0,25 \times \text{cn}] \quad [14]$$

Em que: C_2 é o custo oriundo das progênes da vaca; MoB é a taxa de mortalidade de bezerros; N_p é o número de progênes por vaca; cb é o custo de criação de um bezerro; TS_n é a taxa de sobrevivência da novilha; TR é a taxa de reposição de vacas; cnr é o custo de criação de uma novilha vendida para reposição (até os 18 meses de idade); cn é o custo de criação de uma novilha até o parto (aproximadamente 24 meses). O número de progênes por vaca foi calculado como $(1 - Nat) \times VP/IP$, em que Nat é a taxa de natimortos; VP é a vida produtiva (em dias) e IP é o intervalo de partos (em dias). O custo da criação um bezerro morto foi considerado como 0,5 do custo de criação de um bezerro ($0,5 \times cb$) e o custo de uma novilha morta foi adotado como o 0,25 do custo de uma novilha ($0,25 \times cn$), igualmente ao realizado em Sadeghi-Sefidmazgi et al. (2012).

Os dados de produção e variáveis consideradas no cálculo dos valores econômicos estão sumarizados na Tabela 28. Os valores considerados para teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT), escore de células somáticas (ECS), vida produtiva (VP) e intervalo de partos (IP) adotados na análise foram obtidos diretamente do próprio banco de dados enquanto as estimativas das demais variáveis (taxa de natimortos, taxa de mortalidade de bezerros, taxa de sobrevivência de novilhas e taxa de reposição anual de vacas) foram fornecidas pelas fazendas consideradas neste estudo.

A produção de leite na lactação ($PROD_{365}$) foi obtida a partir da curva de lactação ajustada pelo modelo de Wood (WOOD, 1967), $Y_t = at^b \times exp(ct)$, em que Y_t é a observação para a característica em estudo no dia t da lactação, e a , b , e c são os parâmetros que definem o formato da curva. Este procedimento foi realizado no PROC NLIN do pacote estatístico SAS[®] a partir dos dados mensais de controle leiteiro dessa característica, conforme descrito no item 4.2.2. As estimativas para os parâmetros a , b e c da curva foram iguais a 18,087, 0,206 e -0,002 para $PROD_{365}$, respectivamente. Para a estimação do valor econômico para esta característica, a produção de leite de cada animal no dia do controle leiteiro foi acrescida em uma unidade e uma nova curva foi ajustada para a obtenção da produção de leite na lactação. Nesta nova curva, os parâmetros a , b e c assumiram os valores de 18,988, 0,199 e -0,002, respectivamente; e a produção total na lactação predita foi igual a 11.985,33 kg. Este procedimento foi adaptado de Sadeghi-Sefidmazgi et al. (2011).

Tabela 28 - Dados de produção e variáveis consideradas no cálculo dos valores econômicos.

| Item de produção | Unidade | Abreviação | Valor |
|--|---------------------|---------------------|--------------|
| Produção de leite na lactação (365 dias) | kg | PROD ₃₆₅ | 11.631,31 |
| Teor de gordura no leite | g por 100g de leite | GOR | 3,45 |
| Teor de proteína no leite | g por 100g de leite | PROT | 3,09 |
| Teor de ácidos graxos insaturados no leite | g por 100g de leite | INSAT | 1,04 |
| Escore de células somáticas | | ECS | 3,08 |
| Vida produtiva | dias | VP | 882 |
| Intervalo de partos | dias | IP | 430 |
| Taxa de natimortos | % | Nat | 4,5 |
| Taxa de mortalidade de bezerras | % | MoB | 0,5 |
| Taxa de sobrevivência de novilhas | % | TS _n | 95 |
| Taxa de reposição anual de vacas | % | TR | 32 |
| Taxa de mortalidade de vacas | % | MoV | 3,5 |

Os preços e custos utilizados na derivação dos valores econômicos estão apresentados na Tabela 29. O preço médio do leite nos estados de São Paulo e Paraná no período entre 2013 e 2015 (CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA - CEPEA, 2015) foi adotado como o preço do leite base (*pleite*), com 3% de gordura e 2,9% de proteína. Devido à variação nos sistemas de bonificação e penalização para qualidade do leite (teor de gordura, teor de proteína e contagem de células somáticas) entre as plantas de beneficiamento e laticínios, os critérios de cinco indústrias da região Sul e Sudeste foram combinados no ajuste de uma regressão linear associando os valores dessas características aos valores pagos (Figura 21 e 22), similarmente ao realizado por Cardoso et al. (2014) e Prata et al. (2014). Dessa forma, as equações obtidas para a predição da bonificação/penalização devido ao teor de gordura e proteína do leite foram iguais a $Ad_GOR = -0,13 + 0,04 \times GOR$ e $Ad_PROT = -0,34 + 0,11 \times PROT$, em que Ad_GOR é o valor adicional no preço do leite (R\$/kg de leite) devido ao teor de gordura no leite, GOR é o teor de gordura do leite (g por 100g de leite), Ad_PROT é o valor adicional no preço do leite (R\$/kg de leite) devido ao teor de proteína e $PROT$ é o teor de proteína do leite. Os coeficientes de determinação ajustados estimados para essas duas equações foram iguais 0,96 e 0,92, respectivamente. Para escore de células somáticas, foi obtida a equação $Ad_ECS = 0,13 - 0,02 \times ECS$, em que Ad_ECS é o valor pago de acordo com o escore de células somáticas no leite e ECS é o escore de células somáticas. O coeficiente de determinação ajustado desta última equação foi de 0,72. Dada a inexistência de bonificação do leite por qualidade nutricional, o pagamento adicional por teor de ácidos graxos insaturados foi simulado baseando-se na bonificação realizada para o teor de gordura. Dessa forma, foi adotado um acréscimo de R\$ 0,004 no preço por kg de leite para

cada aumento de 0,1 % em INSAT a partir da quantidade deste no leite base, de 1% (assumindo-se que o teor de ácidos graxos insaturados corresponde a 30% do teor de gordura e 3% de gordura como padrão). Portanto, $Ad_INSAT = (INSAT-1) \times 10 \times 0,004$.

Os custos envolvendo a alimentação, tratamentos preventivos e curativos, insumos de reprodução, assistência veterinária, mão-de-obra, instalações, combustível e energia elétrica, requeridos para a criação de bezerras, novilhas e vacas foram obtidos a partir de análises econômico-financeiras desenvolvidas pela Clínica do Leite utilizando informações das fazendas envolvidas neste estudo bem como de fazendas similares. O custo de alimentação foi estimado considerando-se a produção diária de 40 kg de leite com 2,9% de proteína e 3,0% de gordura por uma vaca adulta (de 680 kg). O custo de 1 Mcal de energia líquida e de 1 kg de proteína metabolizável foram calculados a partir do custo da dieta de forma a se estimar o custo da produção de 1 kg adicional de gordura e proteína, como desenvolvido em Sadeghi-Sefidmazgi et al. (2012). Igualmente a este trabalho, foi adotado que a produção de 1 kg de gordura exige 9,29 Mcal de energia líquida enquanto a produção de 1 kg de proteína requer 5,27 Mcal e 1,47 kg de proteína metabolizável (NRC 2001; SADEGHI-SEFIDMAZGI et al., 2012). O preço de cada ingrediente da dieta por kg de matéria seca é apresentado na Tabela 30. O custo do teor de ácido graxos insaturados do leite foi assumido como 30% do custo da gordura do leite.

O custo de escore de células somáticas (*cecs*) foi estimado considerando-se que os casos de mastite clínica aumentam 0,0573 por unidade de acréscimo de ECS (NEW ZEALAND ANIMAL EVALUATION LIMITED – NZAEL, 2013) e adotando-se o custo de uma mastite clínica como igual a R\$ 340,00 por vaca em lactação por ano (DEMEU et al., 2015). O valor do custo do casto da mastite clínica foi estimado em Demeu et al. (2015) considerando-se o custo do tratamento curativo com antibióticos de casos agudos e subagudos e o custo da mão-de-obra. Não foram incluídos neste custo a redução no preço do leite devido ao aumento de ECS, redução na produção do leite e aumento da taxa de abate visto que estes fatores foram considerados no cálculo do preço do leite, e com a inclusão das características de produção de leite e vida produtiva no índice econômico.

Tabela 29 - Preços e custos considerados no cálculo dos valores econômicos.

| Item | Unidade | Abreviação | Valor |
|---|--------------------|------------------|--------------------------------------|
| Preço do leite | R\$/kg de leite | <i>pleite</i> | 1,00 |
| Pagamento adicional por GOR | R\$/kg de leite | Ad_GOR | $-0,13 + 0,04 \times \text{GOR}$ |
| Pagamento adicional por PROT | R\$/kg de leite | Ad_PROT | $-0,34 + 0,11 \times \text{PROT}$ |
| Pagamento adicional por ECS | R\$/kg de leite | Ad_ECS | $0,13 - 0,02 \times \text{ECS}$ |
| Pagamento adicional por INSAT | R\$/kg de leite | Ad_INSAT | 0,004 por 0,1% de acréscimo em INSAT |
| Preço de uma vaca de descarte | R\$/vaca | <i>pdescarte</i> | 1.000 |
| Custo da produção de leite | R\$/kg de leite | <i>cleite</i> | 0,72 |
| Custo da produção de gordura | R\$/kg de gordura | <i>cgor</i> | 3,64 |
| Custo da produção de proteína | R\$/kg de proteína | <i>cprot</i> | 10,38 |
| Custo do acréscimo de ECS | R\$/unidade de ECS | <i>cecs</i> | 19,40 |
| Preço do bezerro macho | R\$/bezerro | <i>pbm</i> | 1.000,00 |
| Preço por novilha | R\$/novilha | <i>pnr</i> | 8.000,00 |
| Custo de criação do bezerro | R\$/bezerro | <i>cb</i> | 700,00 |
| Custo de criação de uma novilha vendida | R\$/novilha | <i>cnr</i> | 1.930,00 |
| Custo de criação de uma novilha até o parto | R\$/novilha | <i>cn</i> | 2.700,00 |

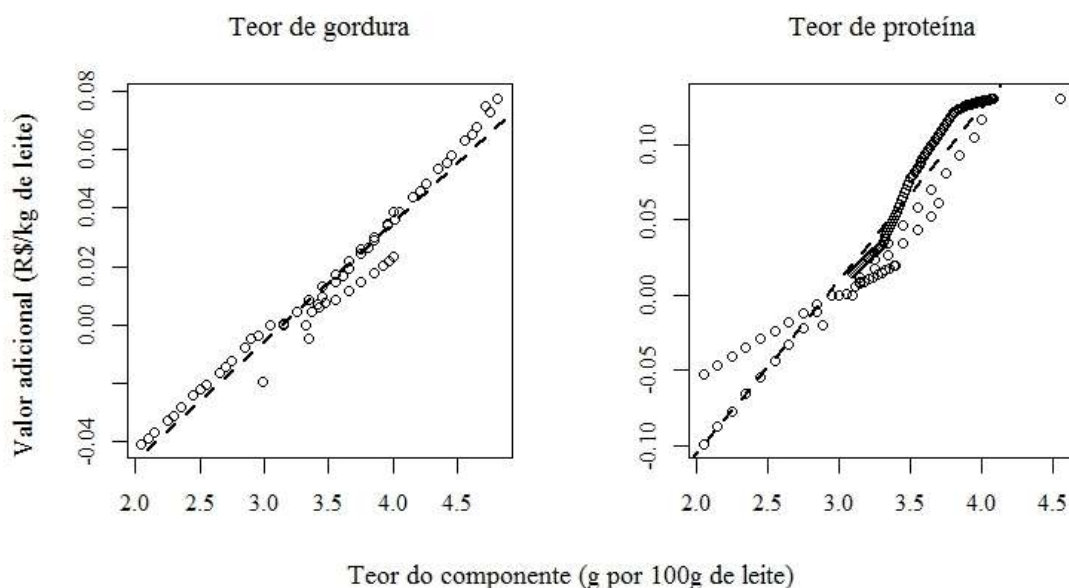


Figura 21 - Análise de regressão entre o teor do componente do leite (gordura e proteína) e o valor adicional no preço do leite (R\$/kg de leite) (a linha pontilhada representa a tendência linear).

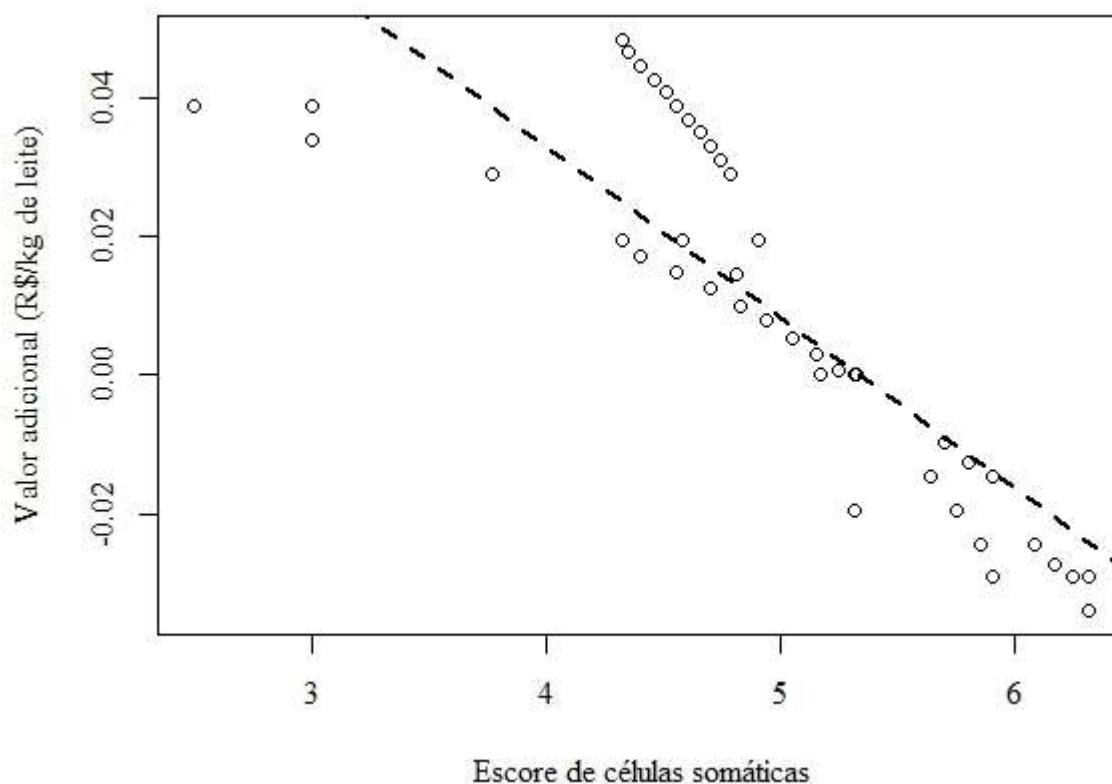


Figura 22 - Análise de regressão entre o escore de células somáticas e o valor adicional no preço do leite (R\$/kg de leite) (a linha pontilhada representa a tendência linear).

Tabela 30 – Preço dos ingredientes da dieta (R\$/kg de matéria seca)

| Ingrediente | Preço (R\$/kg de matéria seca) |
|---------------------------|--------------------------------|
| Tifton 85 | 0,15 |
| Silagem de milho | 0,35 |
| Milho grão | 0,64 |
| Farelo de soja | 1,52 |
| Polpa cítrica | 0,40 |
| Farelo de glúten de milho | 0,64 |
| Caroço de algodão | 0,81 |
| Minerais | 3,10 |

4.2.6 Resposta à seleção

A ênfase relativa (ER) de cada característica no agregado genotípico foi calculada como (SADEGHI-SEFIDMAZGI et al., 2012):

$$ER = \frac{v_j \hat{\sigma}_a}{\sum_{j=1}^l |v_j \times \hat{\sigma}_a|} \times 100 \quad [15]$$

em que v_j é o valor econômico da j -ésima característica e $\hat{\sigma}_a$ o seu respectivo desvio-padrão aditivo genético estimado.

A classificação dos animais de acordo com o mérito genético predito para cada animal foi comparada entre os cenários de bonificação e as abordagens genômica e tradicional utilizando-se a correlação de Spearman. Adicionalmente, foi obtida resposta (R) de seleção associada a cada índice econômico para uma intensidade de seleção is pela equação:

$$R = is \frac{\mathbf{b}'_i \mathbf{G}_i \mathbf{v}_i}{\sqrt{(\mathbf{b}'_i \mathbf{F}_i \mathbf{b}_i)}} \quad [16]$$

\mathbf{b}_i é o vetor de ponderadores econômicos estimados para o cenário de pagamento i ; \mathbf{G}_i é a matriz de covariâncias genéticas entre os critérios e objetivos de seleção considerados no i -ésimo cenário; \mathbf{F}_i é a matriz de covariâncias fenotípicas entre os critérios de seleção do cenário i , e \mathbf{v}_i é o vetor de valores econômicos dos objetivos de seleção do cenário i .

4.3 Resultados e Discussão

No presente estudo objetivou-se avaliar a importância de características relacionadas à produção, qualidade do leite e longevidade de acordo com o cenário de pagamento vigente: remuneração exclusiva por volume produzido (PAG1); remuneração por volume, por concentração de componentes (gordura e proteína) e por contagem de células somáticas (PAG2); remuneração por volume, teor dos componentes (ácidos graxos insaturados e proteína) e por contagem de células somáticas (PAG3). Os valores econômicos e a ênfase relativa dos objetivos de seleção no agregado genotípico são apresentados na Tabela 31. Nos cenários PAG1 e PAG2, cujos objetivos e critérios de seleção foram iguais, os ponderadores econômicos utilizados no índice de seleção foram iguais aos valores econômicos. No cenário PAG3, no qual objetivos e critérios de seleção foram diferentes, os ponderadores econômicos utilizados no índice de seleção foram iguais a 247,56 para PROD, 101,19 para GOR, 392,98 para PROT, -625,16 para ECS e 12,66 para VP, calculados de acordo com a equação [7].

A ponderação adotada no índice de seleção, a importância relativa de cada objetivo de seleção bem como a seleção dos indivíduos foram similares nos cenários PAG2 e PAG3 (Tabelas 31 a 34), provavelmente devido à alta correlação entre os objetivos e critérios de seleção (especificamente GOR e INSAT) e pelo fato das receitas e custos assumidos para INSAT serem derivados de GOR. Maiores diferenças foram observadas entre os resultados obtidos em PAG1 e os demais cenários, especificamente em relação aos componentes do leite, cujos valores econômicos foram negativos no primeiro cenário (Tabela 31). O aumento de

uma unidade de GOR e PROT é acompanhado de um aumento na exigência nutricional para a síntese desses nutrientes, com conseqüente aumento no custo associado à alimentação. Não havendo remuneração por qualidade do leite, o impacto do aumento em GOR e PROT é somente sobre esse custo, reduzindo-se o lucro obtendo-se valores econômicos negativos. Por sua vez, considerando-se a bonificação pelo conteúdo dos componentes do leite, além do custo, há uma receita advinda da produção adicional do componente e, sendo essa receita superior ao custo de produção, há um aumento no lucro, de maneira que os valores econômicos estimados para GOR e PROT tornam-se positivos. Comportamento similar foi observado em Madalena (2000). Neste, os valores econômicos estimados para proteína, gordura e veículo (leite sem gordura e proteína) variaram de acordo com o sistema de pagamento e preço do leite adotado, com valores de R\$ 0,821 e R\$ 1,496 por kg de proteína, R\$ 0,880 e R\$ 1,825 por kg de gordura, e R\$ 0,122 e R\$ 0,207 por kg de leite considerando-se a remuneração do estado do Paraná e de -R\$ 0,221 e -R\$ 0,328 por kg de proteína, -R\$ 0,210 e -R\$ 0,210 por kg de gordura, e R\$ 0,260 e R\$ 0,153 por kg de leite considerando-se a remuneração do estado de Minas Gerais. Em Cardoso et al. (2004), os valores econômicos para produção de leite, gordura e proteína foram iguais a 0,15, -0,48 e -0,31 em um sistema de pagamento exclusivo para volume, 0,18, 0,26 e -0,29 em um sistema de pagamento por volume e gordura, e 0,19, 0,26 e -0,10 em um sistema de pagamento por volume e valor adicional por gordura e proteína.

A mudança no sistema de pagamento altera, além dos valores econômicos, o perfil dos animais selecionados. Como apresentado na Tabela 32, os melhores animais de acordo com índice de seleção desenvolvido em PAG1 possuem valor genético médio alto e positivo para produção de leite e negativo para teor de gordura e proteína. Nos demais cenários, a média dos valores genéticos para PROD foi positiva, mas menor do que em PAG1, e houve um aumento nas médias dos valores genéticos para GOR e PROT. A influência do índice econômico utilizado sobre a seleção dos animais é verificada nas Tabelas 33 e 34.

A importância relativa dos componentes do leite é fortemente dependente da bonificação ou penalização efetuada de acordo com o conteúdo dos mesmos e dos custos de alimentação (SADEGHI-SEFIDMAZGI et al., 2012). Comparativamente à produção de leite, a importância de PROT, GOR e INSAT como objetivos de seleção ainda é baixa, mesmo nos cenários em que há remuneração por GOR, PROT e INSAT. Isto demonstra que a principal fonte de receita no Brasil ainda é por volume de leite. Situação similar foi verificada na produção leiteira do Irã, na qual a ênfase relativa de produção de leite foi igual a 36%, de produção de proteína foi igual a -6% e produção de gordura foi igual a 8%. Nos Estados

Unidos, a importância relativa de produção de leite é negativa (-1%), enquanto as produções de gordura e proteína dominam o índice juntamente à vida produtiva, com valores iguais a 20%, 22% e 19%, respectivamente (VANRADEN; COLE, 2014). Esse desequilíbrio quanto à ênfase relativa de cada objetivo de seleção principalmente observado nos cenários PAG2 e PAG3 provavelmente influenciou a resposta à seleção, cujo maior valor foi obtido no cenário PAG1.

A ênfase dada ao escore de células somáticas foi baixa no cenário PAG1 e mediana nos cenários PAG2 e PAG3, com valores entre -18 e -1. O aumento da importância relativa de ECS nos cenários PAG2 e PAG3 se deveu à penalização efetuada para o aumento de ECS. Apesar dos valores aplicados serem próximos daqueles adotados para GOR e PROT, o aumento de uma unidade em ECS – no caso de 3,08 para 4,08, representa o aumento de 100.000 células somáticas. O valor da penalização é, portanto, maior, assim como o impacto sobre o lucro.

A característica de vida produtiva dominou o índice econômico independente do cenário considerado; dominância resultante da elevada variância genética desta característica. Vida produtiva tem sido incluída em programas de melhoramento genético visando-se à redução dos custos com a reposição de novilhas e à manutenção de uma maior proporção de vacas em lactações mais lucrativas (ESSL,1998). Além disso, é uma característica de fácil mensuração (ALLAIRE; GIBSON, 1992). Há, contudo, ressalvas quanto a esta característica. Primeiramente, tratam-se de dados censurados, isto é, o indivíduo não sofre determinado evento (no caso, o descarte ou óbito da vaca) durante tempo de estudo, de maneira que o tempo de sobrevivência é desconhecido. Dessa forma, modelos de análise de sobrevivência (DUCROCQ, 1993; VAN DOORMAAL; SHAEFFER; KENNEDY, 1984) devem ser considerados na análise genética de VP. Adicionalmente, o cálculo do seu valor econômico deve incorporar o custo de reposição da vaca e a taxa de interesse da vaca, similarmente ao realizado em Gay et al. (2014). Faz-se também necessário o uso de expressões genéticas descontadas (AMER, 1999), as quais ajustam o índice econômico para fato das características serem expressas em diferentes períodos da vida do animal a diferentes frequências.

Tabela 31 – Valores econômicos, desvio-padrão genético ($\hat{\sigma}_a$) e ênfase relativa (ER) estimados para produção de leite (PROD), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR), teor de proteína (PROT), teor de ácidos graxos insaturados (INSAT) e vida produtiva (VP) nos cenários de pagamento por volume de leite (PAG1), por volume de leite e composição (PAG2), por volume de leite, composição e qualidade nutricional (PAG3).

| Cenário | Objetivo de seleção | Valor econômico | $\hat{\sigma}_a$ | ER (%) |
|---------|---------------------|-----------------|------------------|--------|
| PAG1 | PROD | 177,11 | 2,84 | 22 |
| | ECS | -39,79 | 0,74 | -1 |
| | GOR | -868,42 | 0,11 | -12 |
| | PROT | -2.476,43 | 0,02 | -17 |
| | VP | 10,08 | 109,45 | 48 |
| PAG2 | PROD | 241,02 | 2,84 | 26 |
| | ECS | -626,81 | 0,74 | -18 |
| | GOR | 108,43 | 0,11 | 1 |
| | PROT | 264,89 | 0,02 | 2 |
| | VP | 12,47 | 109,45 | 53 |
| PAG3 | PROD | 244,43 | 2,84 | 26 |
| | ECS | -626,81 | 0,74 | -18 |
| | INSAT | 693,78 | 0,08 | 2 |
| | PROT | 264,89 | 0,15 | 2 |
| | VP | 12,59 | 109,39 | 52 |

Tabela 32 – Média dos valores genéticos para produção de leite (PROD, kg), escore de células somáticas (ECS), teor de gordura (GOR, g/100 de leite), teor de proteína (PROT, g/100 de leite) e vida produtiva (VP, dias) para os 100 melhores animais de acordo com os índices econômicos desenvolvidos nos três cenários de bonificação (PAG1, PAG2, PAG3*), considerando-se a avaliação genética tradicional e genômica.

| Índice de seleção | Abordagem tradicional | | | | |
|--------------------|-----------------------|------|-------|-------|--------|
| | PROD | ECS | GOR | PROT | VP |
| PAG1 | 0,63 | 0,49 | -0,06 | -0,13 | 269,73 |
| PAG2 | 0,05 | 0,49 | 0,09 | -0,06 | 293,03 |
| PAG3 | 0,05 | 0,49 | 0,09 | -0,06 | 293,03 |
| Abordagem genômica | | | | | |
| PAG1 | 0,69 | 0,43 | -0,08 | -0,14 | 248,88 |
| PAG2 | 0,10 | 0,35 | 0,07 | -0,06 | 271,97 |
| PAG3 | 0,09 | 0,36 | 0,07 | -0,06 | 272,61 |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

Tabela 33 – Número de animais em comum entre os 100 melhores animais de acordo com os índices econômicos desenvolvidos nos três cenários de bonificação (PAG1, PAG2, PAG3*), considerando-se a avaliação genética tradicional (acima da diagonal) e genômica (abaixo da diagonal).

| | PAG1 | PAG2 | PAG3 |
|------|------|------|------|
| PAG1 | | 73 | 73 |
| PAG2 | 67 | | 100 |
| PAG3 | 67 | 99 | |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

Tabela 34 - Correlação entre os rankings dos animais de acordo com o mérito genético predito nos cenários PAG1, PAG2 e PAG3* por meio de avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada), considerando-se os melhores 5%, 10%, 25%, todos os animais avaliados bem como apenas as vacas com fenótipo.

| <i>Abordagem tradicional</i> | | | | | |
|------------------------------|------|------|------|-------|-------------|
| | 5% | 10% | 25% | Todos | Fenotipadas |
| PAG1; PAG2 | 0,73 | 0,75 | 0,75 | 0,88 | 0,86 |
| PAG1; PAG3 | 0,74 | 0,74 | 0,75 | 0,88 | 0,86 |
| PAG2; PAG3 | 0,99 | 0,99 | 0,90 | 0,99 | 0,99 |
| <i>Abordagem genômica</i> | | | | | |
| | 5% | 10% | 25% | Todos | Fenotipadas |
| PAG1; PAG2 | 0,67 | 0,72 | 0,74 | 0,87 | 0,86 |
| PAG1; PAG3 | 0,68 | 0,71 | 0,74 | 0,87 | 0,86 |
| PAG2; PAG3 | 0,99 | 0,99 | 0,99 | 0,99 | 0,99 |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

O uso das informações genômicas na avaliação genética ocasionou alterações na estimação dos componentes de variância com consequentes diferenças nos valores genéticos preditos e na resposta à seleção comparativamente aos resultados obtidos por meio da abordagem tradicional. No entanto, a classificação dos animais por meio das abordagens genômica e tradicional foram similares, com correlações de ranking próximas a 1,0, indicando que as decisões de seleção seriam independentes da abordagem utilizada (Tabelas 36 e 37). Faz-se necessário, contudo, a avaliação do potencial de predição dos valores genéticos (e consequentemente, do mérito genético total) por meio dos marcadores genéticos bem como da classificação dos animais e resposta à seleção quando um número maior de animais genotipados e incluído na análise.

Tabela 35 – Correlações entre os rankings dos animais de acordo com o mérito genético predito por meio da avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada) em um mesmo cenário de bonificação (PAG1, PAG2, PAG3*), considerando-se os melhores 5%, 10%, 25%, todos os animais avaliados bem como apenas as vacas com fenótipo.

| Cenário | Correlação de ranking | | | | |
|---------|-----------------------|------|------|-------|-------------|
| | 5% | 10% | 25% | Todos | Fenotipadas |
| PAG1 | 0,91 | 0,92 | 0,94 | 0,99 | 0,99 |
| PAG2 | 0,90 | 0,90 | 0,92 | 0,98 | 0,99 |
| PAG3 | 0,90 | 0,90 | 0,92 | 0,98 | 0,99 |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

Tabela 36 – Número de animais em comum entre os 100 melhores animais avaliados nas abordagens tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada), considerando-se os índices econômicos desenvolvidos nos três cenários de bonificação (PAG1, PAG2, PAG3*).

| Índice de seleção | Número de animais em comum |
|-------------------|----------------------------|
| PAG1 | 91 |
| PAG2 | 90 |
| PAG3 | 90 |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

Tabela 37 – Resposta à seleção dos índices econômicos desenvolvidos nos três cenários de bonificação (PAG1, PAG2 e PAG3), considerando-se a avaliação genética tradicional (baseada na matriz de relacionamentos) e genômica (baseada na matriz de relacionamentos combinada).

| Cenário | Abordagem tradicional | Abordagem genômica |
|---------|-----------------------|--------------------|
| PAG1 | 773,64 | 719,14 |
| PAG2 | 613,85 | 583,82 |
| PAG3 | 618,43 | 592,43 |

*PAG1: valores econômicos estimados considerando-se pagamento apenas por volume de leite; PAG2: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite e bonificação/penalização por teor de componentes; PAG3: valores econômicos estimados considerando-se pagamento por volume de leite bonificação/penalização por teor de componentes e bonificação por teor de ácidos graxos do leite.

4.4 Conclusões

O cenário de remuneração adotado alterou a relevância dos objetivos de seleção, a direção de seleção bem como o perfil dos melhores animais quanto ao índice de seleção. Entretanto, observou-se que mesmo nos cenários com bonificação ou penalização por composição do leite, a ênfase relativa para produção de leite foi maior comparativamente às

características de escore de células somáticas, teor de gordura, teor de proteína e teor de ácidos graxos insaturados. Dessa forma, torna-se possível inferir que, apesar de existirem incentivos para a melhoria da qualidade do leite, estes ainda são tímidos; de maneira que produção de leite permanece como o principal objetivo de seleção em bovinocultura leiteira.

A inclusão da informação genômica na predição dos valores genéticos não influenciou a classificação dos animais de acordo com o índice de seleção, sendo estimadas correlações de ranking altas entre as abordagens tradicional e genômica. Este resultado provavelmente se deve à quantidade de informações incorporadas na análise, restando pouco da variação fenotípica a ser explicada pelos genótipos.

Este estudo representa uma etapa inicial para o desenvolvimento de índices econômicos que englobem características relacionadas à produção, qualidade do leite, longevidade, saúde e reprodução. Para a sua abrangência, faz-se ainda necessária a coleta sistemática de informações fenotípicas referentes a demais características relevantes ao sistema leiteiro; a análise dos custos e receitas associados às características de interesse bem como definição do sistema produtivo a ser estudado; e a análise de sensibilidade dos índices econômicos aos valores econômicos. Em relação ao uso de marcadores genéticos juntamente aos índices de seleção, deve-se verificar a predição do mérito genético total, obtido por meio dos índices econômicos, quando estes são alimentados por valores genômicos, preditos a partir das estimativas dos marcadores genéticos. Adicionalmente, deve-se avaliar se a inclusão de um maior número de animais genotipados melhora a resposta à seleção do índice econômico.

Referências

AGUILAR, I.; MISZTAL, I.; JOHNSON, D.L.; LEGARRA, A.; TSURUTA, S.; LAWLOR, T.J. A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. **Journal of Dairy Science**, Champaign v. 93, p. 743–752, 2010.

ALLAIRE, F.R.; GIBSON, J.P. Genetic value of herd life adjusted for milk production. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 75, p. 1349-1356, 1992.

AKA, A.; SHOOK, G.E. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 63, p. 487-490, 1980.

AMER, P.R.; CRUMP, R.; SIMM, G. A terminal sire selection index for UK beef cattle. **Animal Science**, Cambridge, v. 67, p. 445-454, 1998.

AMER, P.R. Economic accounting of numbers of expressions and delays in sheep genetic improvement. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, Lincoln, v. 42, p. 325-336, 1999.

BARWICK, S.A.; HENZELL, A.L. Development successes and issues for the future in deriving and applying selection indexes for beef cattle. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Melbourne, v. 45, p. 923-933, 2005.

BICALHO, R.D.A.; MACHADO, M.C.D.S.; PAÇO-CUNHA, E. Estudo das relações laticínios – pequenos produtores na região de Juiz de Fora. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ECONOMIA, ADMINISTRAÇÃO E SOCIOLOGIA RURAL, 46, 2008, Rio Branco. **Anais...** Rio Branco: SOBER, 2008. p. 18.

BOETTCHER, P.J.; DEKKERS, J.C.M.; KOLSTAD, B.W. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 1157-1168, 1998.

BRASIL. Instrução Normativa nº51, de 18 de setembro de 2002. Estabelece o regulamento e fixa os requisitos mínimos que devem ser observados para a produção, a identidade e a qualidade do leite. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, Sessão 1, p. 13-22, set. 2002.

BRINKS, J.S.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 20, p. 903, 1961.

CARDOSO, V.L.; LIMA, M.L.P.; NOGUEIRA, J.R.; CARNEIRO, R.L.R. de; SESANA, R.C.; OLIVEIRA, E.J.; EL FARO, L. Economic values for milk production and quality traits in South and Southeast regions of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 43, n. 12, p. 636-642, 2014.

CARDOSO, V.L.; NOGUEIRA, J.R.; VERCESI FILHO, A.E.; EL FARO, L.; LIMA, N.C. Breeding goals and economic values for pasture based milk production systems in the Southeast region of Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n. 2, p. 320-327, 2004.

CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA – CEPEA. Disponível em: < <http://cepea.esalq.usp.br/> >, 2015. Acesso em: 05 dez. 2015.

CHRISTENSEN, O.F.; MADSEN, P.; NIELSEN, B.; OSTERSEN, T.; SU, G. Single-step methods for genomic evaluation in pigs. **Animal**, Cambridge, v. 6, n. 10, p. 1565-1571, 2012.

CONINGTON, J.; BISHOP, S.C.; LAMBE, N.R.; BÜNGER, L.; SIMM, G. Testing selection indices for sustainable hill sheep production - Lamb growth and carcass traits. **Animal Science**, Cambridge, v. 82, p. 445-453, 2006.

DE CARVALHO, T.B., JANUARIO, E.D.C.; MORON, C.R.; SAES, M.S.M. Estratégia e cenários de consumo de leite no Brasil. In: SEMINÁRIOS EM ADMINISTRAÇÃO, 16., 2013, São Paulo. **Anais...** São Paulo: USP, FEA, 2013. p. 15. Disponível em: < <http://sistema.semead.com.br/16semead/resultado/trabalhosPDF/470.pdf> >. Acesso em 05 dez. 2015.

- DEMEU, F.A.; LOPES, M.A.; ROCHA, C.M.B.M. da; COSTA, G.M. da; SANTOS, G. dos; FRANCO NETO, A. Influência da escala de produção no impacto econômico da mastite em rebanhos bovinos leiteiros. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, p. 167-174, 2015.
- DEKKERS, J.C.M.; GIBSON, J.P. Applying breeding objectives to dairy cattle improvement. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 19-35, 1998.
- DUBE, B.; MULUGETA, S.D.; DZAMA, K. Integrating economic parameters into genetic selection for Large White pigs. **Animal**, Cambridge, v. 7, p. 1231-1238, 2013.
- DUCROCQ, V. Statistical analysis of length of productive life for dairy cows of the Normande breed. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 77, p. 855-866, 1994.
- ESSL, A. Longevity in dairy cattle breeding: a review. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 57, p. 79-89, 1998.
- GAY, K.D.; WIDMAR, N.J.O.; NENNICH, T.D.; SCHINCKEL, A.P.; COLE, J.B.; SCHUTZ, M.M. Development of a lifetime merit-based selection index for US dairy grazing systems. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 97, p. 4568-4578, 2014.
- GROEN, A. F.; STEINE, T.; COLLEAU, J.J.; PEDERSEN, J.; PRIBYL, J.; REINSCH, N. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 49, p. 1-21, 1997.
- HARRIS, B.L.; JOHNSON, D.L. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 93, p. 1243-1252, 2010.
- HAYES, B.J.; BOWMAN, P.J.; CHAMBERLAIN, A.J.; GODDARD, M.E. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 92, p. 433-443, 2009.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Bethesda, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.
- HOUSKA, L.; WOLFOVÁ, M.; NAGY, I.; CSÖRNYEI, Z.; KOMLÓSI, I. Economic values for traits of pigs in Hungary. **Czech Journal of Animal Science**, Praga, v. 55, p. 139-148, 2010.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Censo Agropecuário 2006**. 2006. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/2006/>>. Acesso em 05 dez. 2015.
- LEWIS, R.M.; SIMM, G.; DINGWALL, W.S.; MURPHY, S.V. Selection for lean growth in terminal sire sheep to produce leaner crossbred progeny. **Animal Science**, Cambridge, 63:133-142, 1996.
- MADALENA, F.E. Valores econômicos para a seleção de gordura e proteína do leite. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 678-684, 2000.

MÁRQUEZ, G.C.; HARESIGN, W.; DAVIES, M.H.; EMMANS, G.C.; ROEHE, R.; BÜNGER, L.; SIMM, G.; LEWIS, R.M. Index selection in terminal sires improves early lamb growth. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, p. 142-151, 2012.

MENEGHINI, R.C.M. **Ferramenta para maximização do lucro de laticínios pelo planejamento do mix ótimo de produtos lácteos e precificação dos componentes do leite cru**. 97 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal e Pastagens) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2014.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D.H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002. Disponível em: < <http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=28-07.pdf>>. Acesso em: 06 jul. 2015.

NEW ZEALAND ANIMAL EVALUATION LIMITED. **Somatic cell score**. 2013. Disponível em: < <http://www.dairynz.co.nz/media/928759/SCC-Economic-Model.pdf>>. Acesso em 13 dez. 2015.

NRC. **Nutrient Requirements of Dairy Cattle**. 7 ed. Washington: National Academy of Sciences, 2001. 408 p.

PONZONI, R.W.; NEWMAN, S. Developing breeding objectives for Australian beef cattle production. **Animal Production**, Cambridge, v. 49, v. 49, p. 35-47, 1989.

PRATA, M.A.; EL FARO, L.; VERNEQUE, R.S.; VERCESI FILHO, A.E.; PEIXOTO, M.G.C.D.; MOREIRA, H.L.; CARDOSO, V.L. Genetic parameters for milk production traits and breeding goals for Gir dairy cattle in Brazil. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 10., 2014, Toronto. **Proceedings...** Toronto: WCGALP, 2014. Disponível em: < https://asas.org/docs/default-source/wcgalp-posters/387_paper_8406_manuscript_1485_0.pdf?sfvrsn=2 >. Acesso em: 05 dez. 2015.

QUINTON, V.M.; WILTON, J.W.; ROBINSON, J.A.; MATHUR, P.K. Economic weights for sow productivity traits in nucleus pig populations. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 99, p. 69-77, 2006.

ROGERS, G.W. Index selection using milk yield, somatic cell score, udder depth, teat placement, and foot angle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 76, p. 664-670, 1993.

SADEGHI-SEFIDMAZGI, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; NEJATI-JAVAREMI, A.; MIRAEI-ASHTIANI, S.R.; AMER, P.R. Breeding objectives for Holstein dairy cattle in Iran. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 95, p. 3406-3418, 2012.

SADEGHI-SEFIDMAZGI, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; NEJATI-JAVAREMI, A.; MIRAEI-ASHTIANI, S.R.; AMER, P.R. Estimation of economic values and financial losses associated with clinical mastitis and somatic cell score in Holstein dairy cattle. **Animal**, Cambridge, v. 5, p. 33-42, 2011.

SCHNEEBERGER, M.; BARWICK, S.A.; CROW, G.H.; HAMMOND, K. Economic indices using breeding values predicted by BLUP. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Oxford, v. 109, p. 180-187, 1992

SHOOK, G.E. Major advances in determining appropriate selection goals. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 1349-1361, 2006.

SIMM, G.; DINGWALL, W.S. Selection indices for lean meat production in sheep. **Livestock Production Science**, Amsterdam, 21:223–233, 1989.

STOCK, L. Considerações e análise do setor leite/laticínios. 2014. Disponível em: <http://www.avisulat.com.br/palestras2014/palestras_magnas/Lorildo_Stock.pptx>. Acesso em 05 dez. 2015.

SUN, C.; WU, L.; WEIGEL, K.A.; ROSA, G.J.; BAUCK, S.; WOODWARD, B.W.; SCHNABEL, R.D.; TAYLOR, J.F.; GIANOLA, D. An ensemble-based approach to imputation of moderate-density genotypes for genomic selection with application to Angus cattle. **Genetics Research**, Cambridge, v. 94, p. 133-150, 2012.

VAN DOORMAAL, B.J.; SCHAEFFER, L.R.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic parameters for stayability in Canadian Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 68, p. 1763-1769, 1985.

VANRADEN, P.M.; COLE, J.B. **Net merit as a measure of lifetime profit: 2014 revision**. 2014. Disponível em: <<http://aipl.arsusda.gov/reference/nmcalc-2014.htm>>. Acesso em 14 dez. 2015.

VANRADEN, P.M. Efficient methods to compute genomic predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, p. 4414–4423, 2008.

VANRADEN, P.M. **findhap.f90** – Find haplotypes and impute genotypes using multiple chip sets and sequence data. 2015. Disponível em: <<http://aipl.arsusda.gov/software/findhap/>>. Acesso em 20 abr. 2015.

VANRADEN, P.M.; O'CONNELL, J.R.; WIGGANS, G.R.; WEIGEL, K.A. Genomic evaluations with many more genotypes. **Genetics Selection Evolution**, Les Ulis, v. 43, p. 10, 2011.

VAYEGO, S.A. **Uso de modelos mistos na avaliação genética de linhagens de matrizes de frango de corte**. 2007. 104 p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético Animal) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2007.

WOOD, P.D.P. Algebraic model of the lactation curve in cattle. **Nature**, London, v. 216, p. 164-165, 1967.

ZOCCAL, R. **Quantos são os produtores de leite no Brasil?** 2012. Disponível em: <<http://www.leiteenegocios.com.br/ln/index.php?codPag=2&codCat=17&codTopico=2598>>. Acesso em 14 dez. 2015.