

O EFEITO DE GRUPOS GENÉTICOS NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DOS BOVINOS LEITEIROS DA RAÇA HOLSTEIN

Por Júlio Carvalheira

A avaliação genética do gado bovino leiteiro da raça Holstein nos últimos anos tem mostrado uma tendência negativa no melhoramento, especialmente nas características produtivas de quilogramas de Leite, Gordura e Proteína (Figura 1). Estes cálculos foram feitos com base na média dos valores genéticos por ano de nascimento dos touros (com 10 ou mais filhas) e das vacas com produção registada. A base genética de referência corresponde à média dos valores genéticos das fêmeas nascidas em 2010 (valor zero) e portanto, todos os valores genéticos são relativos a esta média.

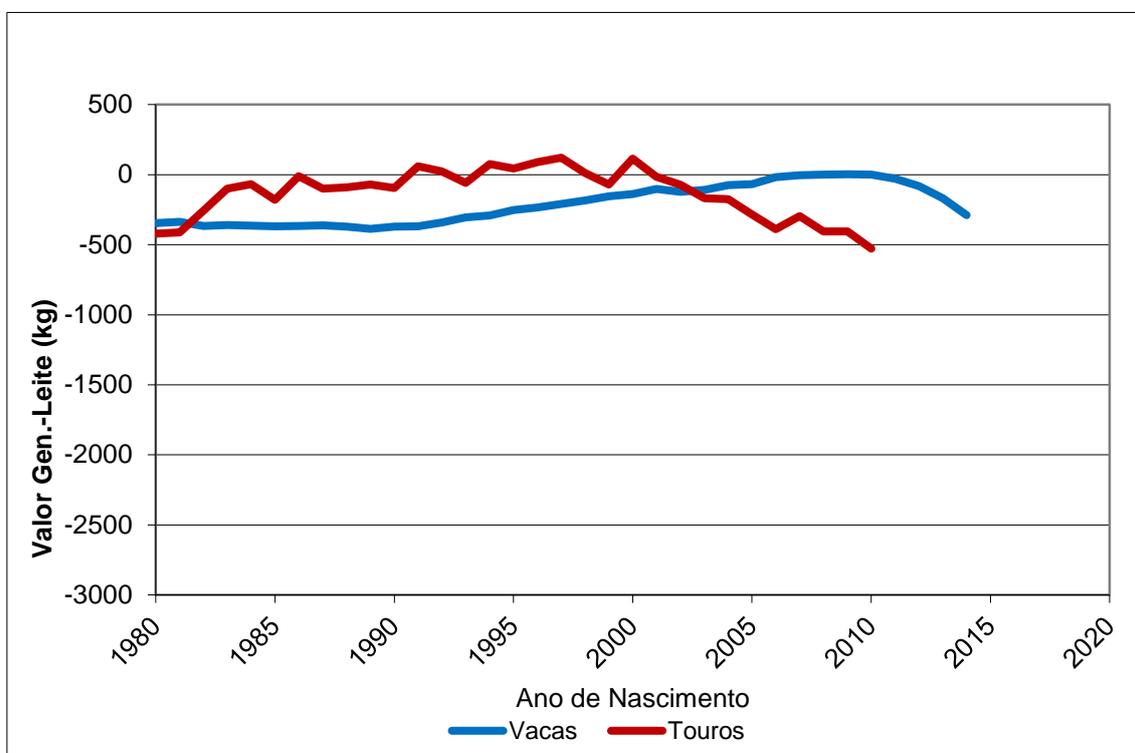


Figura 1. Progresso Genético do Leite por ano de nascimento do rebanho nacional de bovinos da raça Holstein. Avaliação de Setembro de 2016.

Em características limitadas ao sexo como é o caso do leite e dos seus componentes, os touros são avaliados com base na performance média das suas filhas. Ao nível Nacional, os touros apresentam uma tendência positiva entre 1980 e 2001 de 18 kg/ano e de 2001 em diante, um progresso negativo de 52 kg/ano. As fêmeas, por outro lado, aumentam 14 kg/ano até 2007 e em seguida decrescem 37 kg/ano. A tendência decrescente do progresso genético dos touros tem início por volta dos anos 2002-2003. Tendo em consideração que são necessários cerca de 7 anos para serem pela primeira vez avaliados (3 a 4 anos para terem as primeiras filhas as quais precisam por sua vez, de mais 3 a 4 anos para iniciar as suas vidas produtivas e portanto, poderem ser elas próprias avaliadas), só por volta de 2009-2010 é que se teve a noção do impacto que a seleção destes touros teve na genética Nacional. As filhas destes touros (e dos anos seguintes) começaram a nascer depois de 2005-2006 e é por esta altura que também a curva das fêmeas inicia primeiro uma fase de estabilização e depois uma fase decrescente no

seu progresso genético (Figura 1). A evolução genética da produção da Gordura e da Proteína têm curvas tendenciais muito similares. Em termos comparativos, pode-se dizer que a média genética dos touros nascidos por volta de 2007 (potenciais pais das fêmeas nascidas em 2014, por exemplo), está ao mesmo nível dos touros nascidos em 1981-1982.

É pois entre 2006 e 2010 que se deu a inversão na tendência da evolução genética das fêmeas. É também por esta altura que a crise económica e financeira se manifesta com especial gravidade em Portugal e as repercussões estendem-se a todos os sectores de atividade económica, incluindo o sector agropecuário do leite. Não há dados publicados mas, acredita-se que o investimento (compra de sémen de touros de qualidade) na genética dos rebanhos tenha diminuído seguindo a tendência nacional em todos os outros sectores. Por outro lado, os custos das explorações pecuárias relacionados com outros insumos, especialmente na formulação de alimentos, tiveram fortes aumentos forçando mecanismos de compensação um dos quais, uma diminuição do investimento em genética.

Se por um lado poderão existir justificações económicas para este fenómeno por outro, era necessário investigar se parte deste comportamento poderia ser também devido à existência de alterações sistemáticas nas tendências genéticas ao longo do período em estudo devido ao uso de muitos reprodutores nacionais e estrangeiros sem informação genealógica. Um estudo deste tipo implicava incluir nos nossos modelos de avaliação genética outros fatores que pudessem compensar para estes efeitos sistemáticos tais como a utilização de Grupos Genéticos os quais consistem em agregar os pais desconhecidos em grupos por País de origem do reprodutor, sexo e ano de nascimento. Outra possível fonte de enviesamento dos valores genéticos pode estar relacionada com o agrupamento de explorações pequenas a qual é feita para dar dimensão e permitir que estas possam participar na avaliação nacional. Recentemente, com o aumento da capacidade de processamento de dados do nosso centro, é já possível adotar novas tecnologias (e.g., assumir o efeito rebanho-ano-mês de contraste como uma variável aleatória) para adaptar o modelo de avaliação genética de modo a permitir que estas explorações de pequenas dimensões participem nas avaliações de forma individual.

Este estudo foi iniciado em Agosto de 2016, foi experimentalmente aplicado aos dados de Setembro desse ano e os resultados foram comparados com a avaliação oficial desse mês. A introdução dos Grupos Genéticos e as novas conexões genéticas introduzidas pela participação individual das explorações pequenas produziram valores genéticos para os reprodutores com maior fiabilidade, diminuíram substancialmente as alterações sistemáticas nas tendências genéticas mas também, e como era de esperar, resultaram num certo reordenamento do ranking genético dos touros que é necessário considerar.

Grupos Genéticos

Na avaliação genética, os animais com pais desconhecidos são automaticamente considerados como pertencentes à população base de onde derivam todas as genealogias. No modelo animal para avaliações genéticas, assume-se que os animais pertencentes à população base têm um valor genético médio igual a zero e a mesma variância genética. Mesmo que sejam reprodutores relativamente jovens (portanto com valores genéticos potencialmente superiores aos mais antigos devido à seleção), se não tiverem ascendentes conhecidos serão

remetidos para a população base onde irão inflacionar o mérito genético criando tendências genéticas falsas e de forma sistemática. A criação de Grupos Genéticos traduz-se na prática em atribuir aos reprodutores com ascendência desconhecida, pais e mães “fantasmas”, com diferentes níveis genéticos. Desta forma, excluímos estes reprodutores de pertencerem à população base, impedindo assim que animais de elevado mérito genético contribuam para criar desvios sistemáticos no progresso genético da população.

O número de animais de ambos os sexos que compõem a lista do pedigree do rebanho Holstein nacional com relevância para a avaliação genética foi de 861.547. A análise genealógica deste arquivo permitiu identificar 24 países de origem. A participação de alguns países é relativamente pequena o que obrigou a formar novos grupos de acordo com a sua proximidade geográfica, ficando este número reduzido a 8 regiões (Tabela 1). Em seguida identificaram-se todos os animais sem pai e/ou mãe e a cada um destes pais omissos atribuíram-se códigos de acordo com a região de origem, sexo e ano de nascimento do animal.

Tabela 1. Lista de Países e respetivo Grupo Genético

Grupo Genético	País de Origem ¹
1	AT + IE + NZ
2	AU + DE + CH
3	BE + LU + NL
4	CA + US
5	CZ + HU + PL + SK
6	DK + FI + NO + SE
7	ES + FR + IT + UK
8	PT

¹Código de Países, por exemplo: AT + IE + NZ = Austrália + Irlanda + Nova Zelândia.

Para o caso da produção de leite, a base de dados analisada continha 11.168.530 de contrastes, produzidos por 657.073 vacas (considerando apenas as primeiras 3 lactações desde 1994 a 2016). O ficheiro de genealogias do Leite continha 857.372 animais assim distribuídos: 26.118 touros (pais), 657.073 fêmeas com produção e 174.181 mães sem produção. A percentagem de animais com pais desconhecidos é relativamente grande. Dos 857.372 animais, 286.761 (33,5%), 20.597 (2,4%) e 2.297 (0,3%), tiveram ambos os pais desconhecidos, só mãe desconhecida e só pai desconhecido, respetivamente. A todos estes pais e mães desconhecidos foram atribuídos códigos correspondentes ao seu Grupo Genético por sexo e ano de nascimento, antes de serem avaliados. Para a avaliação do Leite criaram-se 244 grupos de “Pais Fantasmas” e 242 grupos de “Mães Fantasmas” assegurando sempre que nenhum grupo teria menos de 10 membros.

Resultados

A avaliação genética para todas as características produtivas e células somáticas pelo “Modelo Novo” (com Pais Fantasmas) usou exatamente a mesma base de dados que o “Modelo Anterior” (sem Pais Fantasmas). Por conter novos fatores (Grupos Genéticos e o efeito do rebanho-ano-mês aleatório), foi necessário em primeiro lugar estimar novos componentes de variância que se traduziram em novas heritabilidades (Tabela 2) as quais estão refletidas nos

novos valores genéticos obtidos. De um modo geral e como era de esperar com a mesma base de dados, as heritabilidades obtidas pelo Modelo Novo para todas as características e lactações foram similares ao Modelo Anterior. A expectativa é obter respostas à selecção também similares o que se confirma pela observação dos gráficos do progresso genético.

Tabela 2. Valores estimados das heritabilidades para os dois Modelos, Anterior e Novo, por lactação e respetiva média

	Heritabilidades							
	1ª Lactação		2ª Lactação		3ª Lactação		Média	
	MA ¹	MN	MA	MN	MA	MN	MA	MN
Leite	0,32	0,31	0,21	0,22	0,18	0,19	0,23	0,24
Gordura	0,26	0,25	0,17	0,17	0,15	0,15	0,19	0,19
Proteína	0,30	0,28	0,21	0,20	0,19	0,18	0,23	0,22
% Gord	0,29	0,29	0,26	0,26	0,24	0,25	0,26	0,27
% Prot	0,39	0,34	0,34	0,31	0,34	0,30	0,36	0,32
SCS	0,20	0,19	0,17	0,16	0,15	0,15	0,17	0,17

¹MA = Modelo Anterior; MN = Modelo Novo.

Os valores genéticos preditos por ambos os modelos foram em seguida usados para comparar o Progresso Genético por ano de nascimento do reprodutor (machos e fêmeas). Foram produzidos gráficos (Figura 2) para cada característica e sexo de modo a permitir a análise visual do efeito dos Grupos Genéticos na correção dessas tendências.

A interpretação dos gráficos é muito semelhante para todas as características. O caso da produção de Leite então é paradigmático. Os Touros no Modelo Novo têm uma progressão positiva muito mais acentuada (112 kg/ano de 1980 a 2000) refletindo o efeito dos Grupos Genéticos na correção no posicionamento dos touros, pais de vacas, fora da população base. No Modelo Anterior, pelo contrário, este progresso foi de apenas 18 kg/ano (de 1980 a 2001), confirmando a existência de um certo enviesamento devido ao pressuposto de que eles pertenceriam à população base. No entanto, ambas as avaliações mostram claramente a inversão no progresso genético dos animais. A inflexão na curva acontece pela mesma altura em ambos os modelos (2000-2001) mas mais uma vez, a diferença no decréscimo do valor genético médio entre os dois modelos é grande: -15 kg/ano contra -52 kg/ano entre os modelos Novo e Anterior, respetivamente.

Nas fêmeas o cenário é semelhante. No Modelo Anterior o progresso é positivo com um crescimento de 15 kg/ano (de 1980 a 2009) passando a negativo a partir dessa altura até ao presente (-57 kg/ano). Com a avaliação pelo Modelo Novo (já com os Pais Fantasmas), o progresso é positivo até 2012 (96 kg/ano) e depois decresce a uma taxa de -55 kg/ano. Em ambos os sexos, o Modelo Novo resulta em melhores progressos, com taxas positivas maiores e taxas negativas menores do que o Modelo Anterior.

Excetuando a fase negativa observada no período mais recente, os valores genéticos estimados dos animais mais velhos foram em geral inferiores aos dos mais novos (o que é esperado em programas de selecção bem desenhados), com especial ênfase no modelo onde os pais fantasmas foram incluídos.

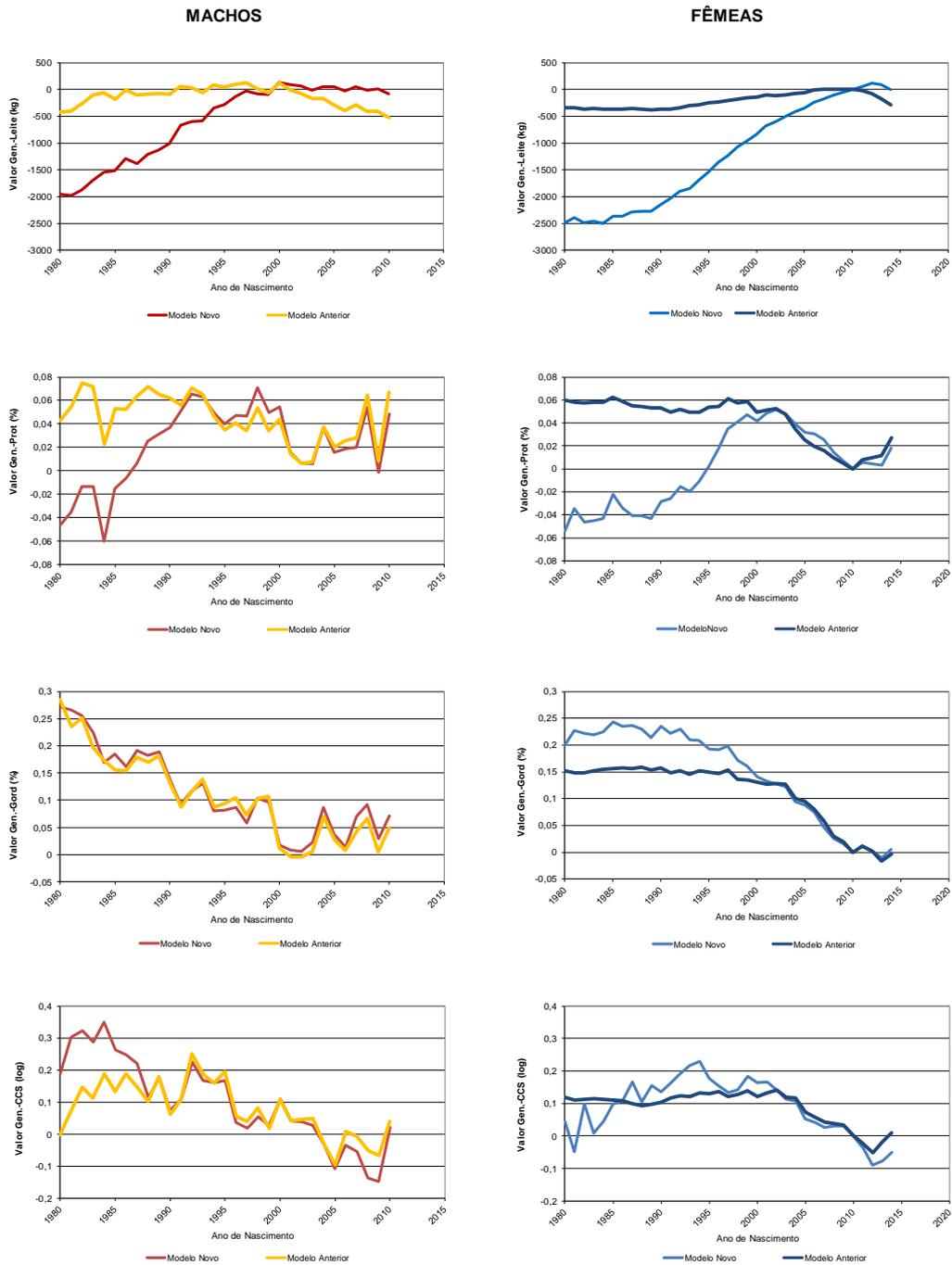


Figura 2. Progresso Genético para Touros e Vacas obtido dos valores genéticos preditos pelos Modelos Novo e Anterior para o Leite, Teores de Gordura e Proteína e Células Somáticas.

Neste novo cenário, as perdas no progresso genético são também bem menores que no Modelo Anterior. Voltando ao exemplo do valor genético médio dos potenciais pais das fêmeas nascidas em 2014 (portanto touros-pais nascidos por volta de 2007), esta estará ao nível dos touros nascidos entre 1999 e 2000, uma perspectiva bem mais favorável que a anterior. Finalmente é importante realçar a diferença de escalas entre as duas avaliações. Como é sabido, o importante não é o valor genético estimado por si. O importante é a diferença entre os valores genéticos dos reprodutores. É esta diferença que nos diz quanto é esperado que em média, as filhas de um touro irão produzir mais ou menos do que a média das filhas de outro touro. Com o aumento de escala, as diferenças entre os animais avaliados

pelo Modelo Novo são bastante mais acentuadas do que anteriormente e permitirá um maior discernimento na selecção dos futuros reprodutores, potenciando uma resposta superior à selecção.

Entretanto, a aplicação do Modelo Novo também corrigiu a relação entre os “grupos contemporâneos”, isto é, ao considerar todas as explorações de forma individual independentemente da sua dimensão, permitiu medir com maior exatidão o efeito de cada exploração, em cada mês de contraste, na produtividade média das suas vacas as quais, por sua vez, contribuíram para a avaliação dos touros (seus pais). A definição destes novos grupos (rebanho-ano-mês de contraste) resultou, como era de esperar, num certo reordenamento do mérito genético dos touros comparativamente à avaliação com o Modelo Anterior. As alterações de ranking entre os touros é mais importante nas características produtivas (produção de leite, gordura e proteína) do que ao nível dos teores e células somáticas (Tabela 3).

Tabela 3. Correlações de ranking entre os valores genéticos preditos pelos Modelos Novo e Anterior. Avaliação genética de Setembro de 2016.

	Leite	Gordura	Proteína	% Gord	% Prot	CCS
Todos Animais	0,65	0,63	0,59	0,91	0,88	0,91
Todas Fêmeas	0,66	0,63	0,59	0,91	0,88	0,91
Fêmeas nascidas depois de 2004	0,87	0,87	0,86	0,94	0,96	0,92
Touros com ≥ 10 filhas	0,58	0,57	0,53	0,96	0,93	0,92
Touros com ≥ 10 filhas nascidos depois de 1999	0,83	0,84	0,85	0,95	0,97	0,91

Conclusões

Individualmente, houve muitas alterações de posição no ranking do valor genético dos animais. Mas se analisarmos estas alterações por grupos, verificaremos que em todas as características os touros que eram de top continuam a ser de top. No leite, por exemplo, há 65 touros em comum no “top-100”, 31 no “top-50” e 4 no “top-10” nas duas avaliações, respectivamente. Mais, sabendo que os Grupos Genéticos ajustaram o mérito genético dos animais mais antigos, as correlações de ranking que importam reter são as que dizem respeito aos animais mais novos e ainda potencialmente activos, isto é, touros nascidos depois de 1999 e vacas depois de 2004 (Tabela 3) e cujas correlações são elevadas (todas superiores a 80%). Por último, as novas avaliações foram testadas pelos 3 métodos recomendados pela INTERBULL tendo o resultado sido favoráveis à aplicação do Modelo Novo.

As vantagens que os Grupos Genéticos e as alterações que a formação dos novos grupos contemporâneos trazem à avaliação do mérito genético dos bovinos da raça Holstein, justificam a adopção do Modelo Novo de avaliação genética em Portugal o qual terá efeitos a partir de Janeiro de 2017.