

50° Aniversario de ALPA
XXV Reunión de la Asociación Latinoamericana de Producción Animal
Recife 07 al 10 de noviembre de 2016

Avanços no melhoramento genético na América Latina e perspectivas futuras

José L. R. Sarmiento¹ e Luciano S. Sena²

Universidade Federal do Piauí, Departamento de Zootecnia, Centro de Ciências Agrárias, Campus
Universitário Ministro Petrônio Portella, Bairro Ininga,
CEP: 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

Advances in genetic improvement in Latin America and future perspectives

Abstract. Animal breeding has been traditionally based on phenotypic and pedigree information. While traditional breeding methods have been effective in selecting animals for easy-to-measure traits, selection for difficult-to-measure traits can be favored by using DNA information. Thus, the advent of genomics has caused shifts in the animal breeding paradigm. However, genomic information has not changed the underlying principles of animal breeding, which consider the phenotype as essential to achieve genetic improvement. Therefore, new challenges have arisen, and with them the need for adequacy of methods used so far and the development of research for the adaptation of new methodologies that will contribute to increase genetic gain and cost reductions of breeding programs.

Key words: Animal production, Genetic improvement, Genomic prediction

Resumo. O melhoramento genético animal tradicionalmente ocorreu baseado em informações fenotípicas e de pedigree. Embora métodos de melhoramento tradicionais tenham sido efetivos na seleção de animais para características produtivas de fácil mensuração, a seleção para características de difícil mensuração pode ser beneficiada com o uso de informações do DNA. Com isso, o advento da genômica tem causado mudanças no paradigma do melhoramento animal. No entanto, a informação genômica não mudou os princípios básicos do melhoramento animal, que consideram o fenótipo como essencial para atingir o melhoramento genético. Assim, novos desafios têm surgido e com eles a necessidade de adequação dos métodos até então utilizados e o desenvolvimento de pesquisas para a adequação de novas metodologias que contribuirão para aumentar o ganho genético e reduzir os custos de execução dos programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Melhoramento genético, Predição genômica, Produção animal,

Introdução

O melhoramento genético animal tradicionalmente ocorreu baseado em informações fenotípicas e de pedigree. Na década de 1970, com os avanços na área da informática, com computadores cada vez mais eficientes, foram implementadas as Equações de Modelos Mistos, propostas por Henderson em

1949, para predição de valores genéticos aditivos (EBVs). Então, tornou-se possível a predição mais acurada do valor genético aditivo dos animais para muitas características de importância econômica. Com este método são obtidas, simultaneamente, estimativas de efeitos fixos, que têm propriedades

¹ Autor para lacorrespondencia: José Lindenberg Rocha Sarmiento <sarmiento@ufpi.edu.br>

² Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Centro de Ciências Agrárias, Campus Universitário Ministro Petrônio Portella, Bairro Ininga, CEP: 64049-550, Teresina, Piauí, Brasil.

BLUE (melhores estimadores lineares não viesados) e predição de efeitos aleatórios, que têm propriedades BLUP, aliando a teoria dos índices de seleção e o método de quadrados mínimos generalizados.

A partir de 1990, avanços na área da genética molecular permitiram que informações do DNA contribuíssem no melhoramento genético animal, quando comparado ao melhoramento baseado apenas no uso de informações fenotípicas. Isso resultou em pesquisas sobre seleção assistida por marcadores, que permitiram a detecção e mapeamento de *loci* de características quantitativas (QTL) e a inclusão da informação de QTLs na predição dos EBVs.

Com o avanço de pesquisas nas áreas de biologia molecular, estatística e informática, o número de genes associados com características complexas aumentou mais que 100 vezes (Meuwissen *et al.*, 2016), desde que se iniciou a revolução genômica no melhoramento genético animal, a partir de 2001.

As rápidas melhorias nas tecnologias de alto rendimento para genotipagem de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), arranjos de SNPs cada vez

mais densos, acompanhados pela redução de custos de genotipagem e sequenciamento, expandiram a possibilidade de uso da informação genômica na seleção de rebanhos para produção, o que terá impacto na diminuição de intervalos de geração e aumento na acurácia de predição dos EBVs, além de permitir a estimação de parâmetros populacionais realizados para as populações de conservação.

Diante desse cenário, é importante saber a abrangência da aplicação do melhoramento genético animal no contexto mundial, pois de acordo com Simianer (2016), em meados do século XXI a população humana será de 10 bilhões de habitantes. Assim, a demanda por proteína de origem animal aumentará, juntamente com a preocupação social em conservar o meio ambiente e em garantir segurança alimentar.

Neste trabalho são abordados os avanços ocorridos no melhoramento genético animal no contexto global, com enfoque nos países que compõem a América Latina, assim como as perspectivas futuras e os impactos relacionados à aplicação de métodos para o melhoramento genético animal.

Avanços no melhoramento genético animal

O melhoramento genético animal surgiu como ciência a partir da descoberta das leis da herança pelo monge austríaco Gregor Mendel em torno do 1900. Trabalhos como os de Fisher (1918), Wright (1921), Hazel e Lush (1942, 1947) foram fundamentais para o desenvolvimento da genética quantitativa e sua aplicação no melhoramento animal, destacando-se os trabalhos de Wright em as décadas de 1910 e 1920) e de Hazel avem foi o responsável pela formalização do índice de seleção em animais, na década de 1940.

As equações de modelos mistos para obtenção de soluções tipo BLUP foram desenvolvidas por Henderson, em 1949, na reunião da American Dairy Science Association, na Universidade de Cornell, New York (EUA). A partir da década de 1970, o BLUP via metodologia de modelos mistos tornou-se, então, o método padrão para avaliação genética em animais de interesse econômico em todo o mundo.

De acordo com Madalena (2005), a seleção de bovinos na maioria dos países latinoamericanos costumava ser baseada em características de tipo e em resultados de exposições. No entanto, desde os anos 1970, a avaliação genética tem sido aplicada em vários países e sua influência é cada vez maior, por meio da predição de valores genéticos, geralmente representada pela DEP, em bovinos de corte, ou

habilidades de transmissão preditas (PTA), em bovinos leiteiros (Ramirez Valverde *et al.*, 2016).

Após as pesquisas conduzidas nas décadas de 1960 e 1970, a seleção animal foi conduzida da mesma forma por muitos anos. O uso de técnicas de melhoramento animal tradicionais, como substituição de raças, cruzamentos e seleção dentro de raça, juntamente com a incorporação de novas tecnologias computacionais e avanços de técnicas de reprodução animal, que contribuíram para melhorar a maior difusão de animais geneticamente superiores, foram amplamente responsáveis pelo aumento na produção e qualidade de produtos de origem animal observado ao longo das últimas décadas (Bagnato e Rosati, 2012).

O aumento anual no progresso genético ocorreu principalmente devido ao aumento na acurácia de predição dos EBVs, primeiro quando o BLUP foi introduzido (Henderson, 1973), seguido por melhorias como a mudança do modelo touro para o modelo animal (Quaas e Pollak, 1980). Ao modelo animal que, no início, apresentava apenas os efeitos genéticos aditivos e residuais; com o passar dos tempos, outros efeitos aleatórios, genéticos e não genéticos, foram acrescentados de modo a adequar os modelos de avaliação genética inicialmente proposta

com a realidade biológica dos animais avaliados para diferentes características.

Para avaliação genética de características que se repetem durante a vida do animal acrescentou-se ao modelo animal o efeito de ambiente permanente (não genético), que influencia toda a vida produtiva do animal, surgindo assim, o modelo de repetibilidade (Wiggans *et al.*, 1988).

No modelo de repetibilidade considera-se que a correlação genética entre as medidas ao longo do tempo é igual a um, o que, geralmente, não ocorre. Henderson e Quaas (1976) e Quaas e Pollak (1980) propuseram um modelo de análise de características múltiplas, em que as características são analisadas simultaneamente, considerando-se as correlações genéticas e de ambiente entre elas. As medidas longitudinais, considerando que cada medida ao longo do tempo é uma característica diferente, passaram a ser analisadas pelo modelo de características múltiplas, como por exemplo, os conhecidos "test-day models" para produção de leite.

Na busca por aprimorar a modelagem de características que são medidas repetidamente na vida dos animais, os denominados registros repetidos ou dados longitudinais, Henderson (1982) e, posteriormente, Schaeffer e Dekkers (1994), propuseram o uso de modelos de regressão aleatória para avaliação genética de bovinos leiteiros. A partir desta proposição, os modelos de regressão aleatória têm sido aplicados a dados de produção em animais domésticos em diferentes cenários, como curvas de crescimento Sarmiento *et al.* (2006), lactação Fernández *et al.* (2011) e interação genótipo ambiente.

Em mamíferos, características relacionadas ao crescimento, principalmente até a desmama, não são influenciadas apenas pelos genes do próprio indivíduo para crescimento e pelo ambiente em que o mesmo foi criado, mas também pela composição genética materna e pelo ambiente proporcionado pela mãe (ambiente permanente materno). Para este tipo de característica é importante que estes componentes sejam incluídos nos modelos animais de avaliação genética (Willham, 1980), proposição que sendo utilizada amplamente em bovinos, ovinos e caprinos. Todavia, em pequenos ruminantes, o efeito materno ambiental pode ser originado a partir de fatores comuns a todos os partos da fêmea (ambiente permanente materno) ou a fatores específicos de cada parto, o que proporcionaria ambiente comum aos filhos nascidos de um mesmo parto (duplo ou triplo), originando um efeito adicional a ser incluído no modelo animal, definido em caprinos e ovinos como efeito comum de ninhada (Sarmiento *et al.*, 2012). Este efeito contribuiu com 33 a 44% da

variação fenotípica para pesos corporais em caprinos Anglo Nubiano (Santos *et al.* 2013).

No Brasil, como em outros países da América Latina, a utilização de populações cruzadas, tanto de bovinos de corte como de leite, com fins comerciais, vem crescendo, dada a possibilidade de aumento na eficiência de produção por meio da exploração da heterose e complementaridade entre raças. Desta forma, os modelos de avaliação genética normalmente utilizados dentro de raças foram adequados a esta realidade, uma vez que, além do mérito genético aditivo, também o não aditivo, tanto dentro como entre raças, contribuem para o mérito genético total de um animal (Miller, 1999), o que originou os modelos multirraciais para avaliação genética (Arnold *et al.*, 1992).

Na década de 1990, a pesquisa na área de melhoramento animal foi dominada por discussões sobre seleção assistida por marcadores (MAS), porém a tecnologia de marcadores disponíveis naquela época não apresentou alta eficiência, pois os microsatélites não apresentavam boa distribuição pelo genoma e baixa associação com os genes alvo. Todavia, a implementação das tecnologias de genotipagem no contexto da MAS abriu caminho para a rápida e bem sucedida implementação da seleção genômica ampla na primeira década do século 21 (Simianer, 2016).

Desde a introdução da seleção genômica em bovinos leiteiros a partir de um conceito teórico de Meuwissen *et al.* (2001), a revolução genômica promoveu mudanças na estrutura do melhoramento genético e, assim, a seleção genômica ampla apresenta-se como a principal ferramenta para condução do melhoramento genético atualmente (Bagnato e Rosati, 2012), após a proposição da metodologia de modelos mistos por Henderson.

Desenvolvimento de Softwares

A partir do final da década de 1980, os hardwares dos computadores se tornaram mais rápidos e com mais memória do que aqueles que haviam sido desenvolvidos até então. Isso possibilitou a utilização de modelos animais para avaliações genéticas (Grosu *et al.*, 2013) e, a partir daí surgiram vários softwares com aplicação no melhoramento genético animal. Os softwares utilizados para estimação de parâmetros usam predominantemente duas metodologias: máxima verossimilhança restrita (REML) e Bayesiana, sendo que esta última implementada, principalmente, via amostragem de Gibbs (Misztal, 2008). Um dos primeiros pacotes disponíveis para estimação de parâmetros genéticos foi o DFREML (Meyer, 1988).

O desenvolvimento de análises de modelo misto por REML e/ou Bayesiana aumentou devido à disponibilidade de softwares apropriados, seja para análises de modelos tradicionais ou genômica, como ASREML (Gilmour et al., 2006), WOMBAT (Meyer, 2007), GWP (Meuwissen, 2009) GS3 (Legarra et al., 2011) e softwares da família BLUPF90 (Misztal, 2008), feitos sob medida para uso de diferentes modelos genéticos.

Recentemente o programa R tornou-se a linguagem de programação mais utilizada por estatísticos e também é, possivelmente, o ambiente genérico mais utilizado para análise de dados genômicos de alto rendimento. O poder do programa R está nos milhares de pacotes disponíveis a custo zero a partir de repositórios como CRAN e Bioconductor.

Evolução tecnológica

As tecnologias com maior impacto em programas de melhoramento genético, segundo Simianer (2016), a foram a inseminação artificial em programas de melhoramento de bovinos leiteiros, na década de 1960, a predição de valor genético pelo método da melhor predição linear não viesada (BLUP) (Henderson, 1973) e a seleção genômica ampla (Meuwissen et al., 2001). A maioria das inovações tecnológicas acompanhou o

desenvolvimento nas áreas de estatística e bioinformática.

Avanços tecnológicos também ocorreram em relação às técnicas de sequenciamento de nova geração (NGS). Muitas espécies de interesse zootécnico já têm os genomas em sua maior parte sequenciados, o que contribuiu muito para melhorar a quantidade e a qualidade de dados genômicos para estas espécies (Pereira et al., 2013).

Os esforços para sequenciamento que resultaram na descoberta da sequência genômica de muitas das espécies utilizadas na pecuária revelaram milhares de marcadores SNP (Meuwissen et al., 2016), os quais são a base para seleção genômica, e têm sido utilizados em combinações de arranjos (chips SNP) de alta e baixa densidade, juntamente com imputação genômica, para reduzir os custos de genotipagem (Huyang et al., 2012).

O uso de genotipagem por sequenciamento (GBS) pode ser uma alternativa viável às atuais estratégias para genotipagem de baixo custo, com potencial para aumentar a fração do genoma capturada de maneira eficiente em termos de custos. De acordo com Gorjanc et al. (2015), a GBS tem sido aplicada de forma bem sucedida em bovinos, com potencial para conduzir o custo por amostra a menos de \$10.

Programas de avaliação genética

Para bovinos, alguns dos principais programas e empresas que atuam no Brasil são: Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (PMGZ), Conexão Delta G, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Programa Natura, Gensys, Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa, Crv Lagoa. No México, a Universidad Autónoma Chapingo e o Instituto de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), em parceria com algumas associações de raças têm se destacado. Na Argentina, o Instituto Nacional de Tecnología Agropecuária (INTA) e a Universidade de Buenos Aires lideram as avaliações genéticas, em parcerias com associações de criadores de raças.

Para pequenos ruminantes, há poucos programas de melhoramento genético na América Latina, principalmente devido ao fato de que essas espécies são criadas por pequenos produtores, que priorizam a minimização de custos para a produção em detrimento de maximizar receitas. Alguns programas de destaque para estas espécies são: Programa de Melhoramento Genético da Raça Santa Inês (USP), Programa Merino Fino del Uruguay, Programa Merino Puro Registrado (Argentina),

Programa Mohair (Argentina), Programa Nucleogen (Chile) e Pacamarca (melhoramento genético de alpacas, no Peru).

As avaliações genéticas de bovinos de corte e de outras espécies, na América Latina, têm sido baseadas em análises estatísticas em que informações de desempenho e pedigree são integradas, baseadas na metodologia de modelos mistos, com o emprego do modelo animal para obtenção de EBVs (BLUP) para características de importância econômica. De acordo com Montaldo et al. (2012), a maioria dos programas de melhoramento genético de bovinos de corte tem focado na avaliação de crescimento e características reprodutivas, embora alguns já tenham iniciado a inclusão de características como longevidade (stayability), precocidade, conformação e características de carcaça e qualidade de carne. Além destas, pesquisas têm avaliado a inclusão de características como a fertilidade do touro, sobrevivência e características associadas à sanidade.

A aplicação da informação genômica em avaliações genéticas de bovinos de corte na América do Sul começou em 2008, por meio das empresas norte-americanas Igenity e Pfizer Animal Health. Contudo,

o sucesso foi limitado, pois, países como Brasil e Argentina possuem estratégias de melhoramento genético de raças taurinas diferentes daquelas adotadas na América do Norte, de modo que não tem sido considerada a combinação de informações genotípica e fenotípica para melhorar resultados de seleção genômica nesses países (Berry *et al.*, 2016).

No Brasil, as avaliações genômicas para a raça Nelore foram basicamente limitadas ao programa de avaliação genética da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Nesse programa, os animais são submetidos ao Clarifide 2.0, desenvolvido pela Zoetis (EUA), que avalia 22 características diferentes, com acurácia inicial de 60%. No programa Reprodução Programada da ANCP, a acurácia para habilidade materna com o uso de marcadores moleculares é de 46%. Atualmente, além da ANCP, as DEPs genômicas são utilizadas pelos programas de melhoramento Delta gen, Paint (da CRV Lagoa) e CIA de Melhoramento, com avaliações executadas pela empresa GenSys, a qual tem atuação na América Latina.

Impactos do melhoramento genético tradicional

Modelos de avaliação genética

Os principais avanços em modelos de avaliação genética ao longo dos tempos, segundo VanRaden (2016), compreenderam o uso da produção média de filhas ajustada para a produção das mães, em 1937, o uso de grupos de rebanho-ano-estação e herdabilidade, em 1962, uso de pedigrees de reprodutor e avô materno, em 1974, uso de informações de todos os parentes, em 1989, uso da avaliação de múltiplas características entre países (MACE), em 1995, e o uso de um modelo multirracial, em 2007.

A maior parte dos países atualmente realiza avaliações multicaracterísticas tradicionais, sendo que poucos já iniciaram a adoção de avaliações genômicas multicaracterísticas. Do mesmo modo, a maioria dos países utiliza modelos de regressão aleatória com efeitos genéticos adicionais na avaliação convencional, porém, usam apenas 1 efeito genético por característica no modelo genômico (VanRaden, 2016).

Impacto na produção

A contribuição do melhoramento genético sobre a produção animal pode ser demonstrada pelos resultados alcançados na avicultura de corte. Em 1957, um frango de 42 dias de idade pesava 586 g com conversão alimentar de 2,8g de alimento/g de ganho em peso vivo. Enquanto atualmente, um frango de mesma idade pesa 2.900 g com conversão alimentar abaixo de 1,70. Aproximadamente 80 a 90% desse aumento de produção são explicado por

melhorias em aspectos genéticos (Tavárez e de los Santos, 2016).

Em bovinos da raça Holandesa, a produção de leite continua aumentando em uma taxa de aproximadamente 110 kg/ano, ao passo que, na suinocultura, a conversão alimentar diminuiu quase 50% entre os anos de 1960 e 2005 (Eggen, 2012).

Embora esses resultados ilustrem exemplos reais e significativos de aumentos de produção alcançados com uso de métodos tradicionais de melhoramento genético animal, a eficiência destes métodos diminuiu quando se considera características de difícil mensuração, com baixa herdabilidade, ou que não podem ser mensuradas rapidamente, a baixo custo e de maneira correta em grande número de animais. Características como fertilidade, longevidade, eficiência alimentar e resistência a doenças são criticamente importantes e devem ser incluídas nos programas de melhoramento genético, de modo que a seleção para estas deve ser realizada com auxílio da genômica (Eggen, 2012).

Impacto da genômica no melhoramento genético animal

Comparada ao melhoramento genético tradicional, a inclusão de informação genômica gera aumento considerável em respostas à seleção para animais jovens que não dispõem de registros fenotípicos (Meuwissen *et al.*, 2001) e potencialmente pode reduzir os custos de um programa de melhoramento em até 90% (Schaeffer, 2006).

A seleção genômica pode ser realizada sem a necessidade de informações de pedigree, o que torna possível redefinir completamente o esquema de melhoramento genético e, conseqüentemente, a seleção genômica pode resultar em mudanças de paradigma no melhoramento animal (Meuwissen *et al.*, 2016). A seleção para características que são, normalmente, de difícil mensuração pode ser parte do esquema de seleção com o uso de técnicas genômicas. No caso de fêmeas que, tradicionalmente, apresentaram baixas acurácias para os valores genéticos preditos por métodos tradicionais, tornaram-se mais importantes no esquema de seleção com o uso da genômica, devido à maior acurácia obtida com o uso desta ferramenta.

Ao comparar a utilização de um modelo genômico aos esquemas tradicionais de melhoramento genético de ovinos na França, Shumbusho *et al.* (2013) mostraram ganhos genéticos anuais de até 17,9% maiores com uso de informação genômica.

Entre as espécies utilizadas na pecuária, a bovina é a que apresenta mais resultados oriundos da aplicação da genômica. Desde 2010, tem-se

verificado aumento na aplicação de tecnologias genômicas em programas de melhoramento de bovinos de corte ocorreu no Brasil. Neves *et al.* (2014) relataram a viabilidade de usar diferentes métodos de avaliação genética e validação para seleção genômica em bovinos Nelore. Carvalheiro *et al.* (2014) propuseram a melhor estratégia de imputação para aumentar o poder da informação genômica pela predição de grandes painéis de SNP (>700.000) a partir de painéis pequenos como 15.000 SNPs. De acordo com Berry *et al.* (2016), esses resultados têm aumentado o interesse por parte dos criadores na adoção de tecnologias genômicas.

A acurácia de predição dos valores genéticos genômicos (GEBV) em bovinos leiteiros é superior a 0,8 para características de produção e 0,7 para fertilidade, longevidade, entre outras características. Em geral, para bovinos de corte esses valores são menores, com ganhos em acurácia variando entre 0,3 a 0,38 (Meuwissen *et al.*, 2016).

Knol *et al.* (2016) relatam aumento de até 50% na acurácia de GEBV em suínos, para várias características. Na avicultura, o custo para genotipagem de candidatos à seleção era a principal restrição, devido à alta prolificidade das galinhas, de modo que métodos de imputação permitiram redução de custos e ganhos em acurácia acima de 97% (Wolc *et al.*, 2016).

Rupp *et al.* (2016) relatam que a utilização de GEBV em ovinos proporcionou ganhos em acurácia entre 0,05 e 0,27, e em caprinos leiteiros entre 0,06 e 0,14, para diferentes características.

Novos desafios

Apesar do aumento na produção animal já proporcionado pela aplicação dos métodos clássicos de melhoramento genético, novos desafios têm surgido, e com eles a necessidade de adequação dos métodos até então utilizados e a realização de pesquisas para adequação de novas metodologias.

De acordo com Hayes *et al.* (2013), o primeiro desafio é aumentar o ganho genético em algumas características importantes, mas que apresentam altos custos para mensuração (por exemplo, eficiência de conversão alimentar em bovinos e ovinos), ou porque a variação genética nessas características tem sido amplamente ignorada. Em segundo lugar, há novas características que não eram parte de objetivos de melhoramento no passado, mas serão no futuro, como por exemplo, intensidade de emissão de metano para bovinos e ovinos. A terceira razão para mudanças no melhoramento genético é a mudança climática que ocorrerá nos ambientes de produção, devido ao

aquecimento global. Neste sentido, a seleção para características ligadas à resistência ao calor deve ser considerada. Além disso, futuros objetivos de seleção poderão enfatizar o desempenho de animais sob variados níveis nutricionais, devido ao aumento nos preços de grãos.

Fenotipagem

Apesar de ser possível a obtenção de ganhos genéticos com fenótipos bem definidos sem informação genômica, é impossível obter ganhos sem fenótipos bem definidos, mesmo com informação genômica, uma vez que para estimar o efeito dos marcadores precisa do fenótipo da característica de interesse. Assim, embora essa ferramenta proporcione uma fonte de informação adicional, a informação genômica não mudou os princípios básicos do melhoramento animal (Heryon *et al.*, 2014). No entanto, de acordo com Schöpke e Swalve (2016), a qualidade e quantidade dos fenótipos é o principal problema para a inclusão de novas características em programas de melhoramento genético.

O número de fenótipos que podem ser coletados em esquemas de melhoramento é frequentemente limitado principalmente devido à falta de recursos para fenotipar todos os animais para características objeto de seleção e pela redução de retornos marginais de acordo com o aumento da alocação de recursos para a fenotipagem (Heryon *et al.*, 2014). Estes autores destacam, ainda, que estratégias de fenotipagem podem ter a restrição de que apenas alguns animais podem ser fenotipados para todas as características sob seleção, como por exemplo, para características ligadas ao sexo, características de abate e longevidade.

No Brasil, os programas que já utilizam DEPs genômicas ainda demonstram deficiência quanto ao uso da seleção genômica propriamente dita, uma vez que não trabalham efetivamente com características de baixa herdabilidade e de difícil mensuração, como por exemplo, a maciez de carne. Para estas características, os resultados ainda são incipientes, com pouca ou quase nenhuma aplicação prática. Faltam dados para que o uso da genômica torne-se efetivo para essas características e, embora os projetos de genômica tenham bancos de dados consideráveis, existe pouca interação entre os grupos detentores destes bancos de dados. Hoje, há cerca de sete projetos que avaliam características reprodutivas e produtivas na raça Nelore relacionadas à eficiência alimentar e qualidade de carne e carcaça, além de pesquisas com foco em resistência a parasitas em raças taurinas (Rodrigues, 2016).

Perspectivas Futuras

Embora os métodos de melhoramento tradicionais tenham sido efetivos na seleção de animais para características produtivas de fácil mensuração, eg anhos expressivos foram alcançados, características de difícil mensuração (e muitas vezes mais importantes) não podem ser efetivamente selecionadas pelo uso de métodos tradicionais (Eggen, 2012).

Para o futuro, o método *Single-step* é um dos mais promissores, pois, considera a integração das informações fenotípicas, pedigree e genômicas, o que contribui para predição de GEBVs mais acurados; com as genotipagens mais baratas, uma maior proporção de animais serão testados (Meuwissen *et al.*, 2016). De acordo com Gorjanc *et al.* (2015), se os custos para sequenciamento continuarem a diminuir, a seleção por dados de sequência completa do genoma (WGS) pode se tornar o método de genotipagem mais eficiente.

Para o cálculo de GEBVs, no futuro, poderá ser usada a avaliação dentro de raça (*within breed genomic selection*; wbGS), ou entre raças (*across breed genomic selection*; abGS). Meuwissen *et al.* (2016) argumentam que futuras aplicações de seleção genômica serão direcionadas cada vez mais para abGS. Se caso o futuro da seleção genômica for limitado à wbGS, o número de raças e linhagens dentro de raças diminuirá, pois, apenas as linhagens maiores terão populações de treinamento suficientemente grandes para gerarem EBVs acurados. Assim, esses autores indicam a possibilidade de redução no número de negócios de criação de bovinos, ovinos e suínos, assim como aconteceu na avicultura.

De acordo com Montaldo *et al.* (2012), em longo prazo, seria possível usar estudos de associação ampla do genoma para avançar no entendimento da base genômica de características economicamente importantes. Também seria possível estabelecer diferenças entre a composição e diferenças genômicas entre raças desenvolvidas e usadas na América Latina, comparado com raças usadas em outras

regiões. Isso permitiria a identificação de genes ou grupos gênicos com o potencial de melhorar algumas características, ou inibi-las, se desejado.

A mais recente inovação tecnológica que tem sendo discutida é a edição gênica, que tem potencial, por exemplo, para “reparar” mutações nocivas em genomas animais que, se ocorrerem em homozigose, causam severas doenças ou até mesmo a morte do portador. Contudo, a técnica só aparenta ser promissora em casos onde variação relevante é causada por variantes genéticas conhecidas e, infelizmente, a maioria das principais características de interesse para o melhoramento animal são influenciadas principalmente por genes desconhecidos com interações complexas (Simianer, 2016).

Outra metodologia bastante promissora é a utilização da metabolômica que deverá se tornar fundamental para técnicas de fenotipagem de próxima geração, necessárias para refinar e melhorar a descrição de características e, por sua vez, a predição de valores genéticos dos animais para lidar com tradicionais e novos objetivos dos programas de seleção (Fontanesi, 2016).

Aliado a todas essas inovações, avanços na área da informática também são fundamentais, em que o desenvolvimento de sistemas operacionais e softwares mais dinâmicos, assim como hardwares mais robustos, irão contribuir diretamente para a rapidez com que as melhorias serão alcançadas e disseminadas para todos os países. Neste sentido, o programa R se tornou a linguagem de programação mais utilizada por estatísticos e também é possivelmente o ambiente genérico mais amplamente utilizado para análise de dados genômicos de alto rendimento. O campo da bioinformática depende muito de computadores e softwares baseados no sistema operacional Linux, que é considerado o mais conveniente, já que binários pré-compilados estão normalmente disponíveis e muitas das documentações de programas são direcionadas para usuários deste sistema (Sothard, 2016).

Literatura Citada

- Arnold, J. W., J. K. Bertrand, and L. L. Benyshek. 1992. Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *J. Anim. Sci.*, 70:3322-3332.
- Bagnato, A., and A. Rosati. 2012. From the editors - Animal selection: The genomics revolution. *Anim. Front.* 2:1-2.
- Berry, D. P., J. F. Garcia, and D. J. Garrick. 2016. Development and implementation of genomic predictions in beef cattle. *Anim. Front.* 6:32.
- Carvalho, R., S. A. Boison, H. H. R. Neves, M. Sargolzaei, F. S. Schenkel, Y. T. Utsunomiya, A. M. Pérez O'Brien, J. Sölkner, J. C. McEwan, C. P. Van Tassel, T. S. Sonstegard, and J. F. Garcia. 2014. Accuracy of genotype imputation in Nelore cattle. *Genet. Sel. Evol.* 46:99.
- Eggen, A. 2012. The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm. *Anim. Front.* 2:10-15.

- Fernández, L., H. Tonhati, L. G. Albuquerque, R. R. Aspilcueta-Borquis, y A. M. Buxadera. 2011. Modelos de regresiones aleatórias para La estimación de parámetros genéticos y estudios de curvas de lactancia del Hosltein em Cuba. *Rev. Cubana Cienc. Agric.* 45 (1).
- Fisher, R. A. 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. R. Soc. Edinb.* 52:399.
- Fontanesi, L. 2016. Metabolomics and livestock genomics: Insights into a phenotyping frontier and its applications in animal breeding. *Anim. Front.* 6:73.
- Gilmour, A. R., B. J. Gogel, B. R. Cullis, and R. Thompson. 2006 *ASReml User Guide Release 2.0* VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
- Gorjanc, G., M. A. Cleveland, R. D. Houston, and J. M. Hickey. 2015. Potential of genotyping-by-sequencing for genomic selection in livestock populations. *Genet. Sel. Evol.* 47(12).
- Grosu, H., V. Kremer, and L. Schaeffer. 2013. Selection Index, In: H. Grosu, L. Schaeffer, P. A. O. Oltenacu, D. Norma, R. Powell, V. Kremer, G. Banos, R. Mrode, J. Carvalheira, J. Jamrozik, C. Drăgănescu, and S. Lungu. History of genetic evaluation methods in dairy cattle. The Publishing House of the Romanian Academy Scientific Papers. pp. 25-33.
- Hayes, B. J., H. A. Lewin, and M. E. Goddard. 2013. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends Genet.* 29:206-214.
- Hazel, L. N., and J. L. Lush. 1942. The efficiency of three methods of selection. *J. Heredity.* 33:393.
- Henderson Jr, C. R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher-level, nonhomogeneous, and random regressions. *Biometrics* 38: 623.
- Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. *J. Anim. Sci.* 1973:10.
- Henderson, C. R., and R. L. Quaas. 1976. Multiple trait evaluation using relatives' records. *J. Anim. Sci.* 43:1188.
- Heryon, M., P. Berg, and A. C. Sørensen. 2014. Invited review: Animal-breeding schemes using genomic information need breeding plans designed to maximise long-term genetic gains. *Liv. Sci.* 166:38.
- Huyang, Y., J. M. Hickey, M. A. Cleveland, and C. Maltecca. 2012. Assessment of alternative genotyping strategies to maximize imputation accuracy at minimal cost. *Gen. Sel. Evol.* 44 (25).
- Knol, E. F., B. Nielsen, and P. W. Kanp. 2016. Genomic selection in commercial pig breeding. *Anim. Front.* 6:15.
- Legarra A., A. Ricardi, and O. Filangi. 2011. GS3: Genomic Selection, Gibbs Sampling, Gauss-Seidel (and BayesCπ). In: <http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra>. Accessed: 26 Oct. 2016.
- Madalena, F. E. 2005. Considerations on the management of animal genetic resources in Latin America. EAAPSLU/FAO/ICAR Workshop on sustainable management of animal genetic resources: Linking perspectives globally. Uppsala, Suécia, 2 Jun 2005.
- Meuwissen T. H., T. R. Solberg, R. Shepherd, J. A. Woolliams. 2009. A fast algorithm for Bayes B type of prediction of genome-wide estimates of genetic value. *Genet. Sel. Evol.* 41: 2.
- Meuwissen, T. H. E., B. J. Hayes, and M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819.
- Meuwissen, T., B. Hayes, and M. Goddard. 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Anim. Front.* 6:6.
- Meyer, K. 1988. DFREML—a set of programs to estimate variance components under an individual animal model. *J. Dairy Sci.* 71:33.
- Meyer, K. 2007. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B.* 8:815.
- Miller, S. P. 1999. Genetic evaluation and mating in multi-breed beef cattle populations. 36ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Porto Alegre, Brasil, 26-29/07.
- Misztal, I. 2008. Reliable computing in estimation of variance components. *J. Anim. Breed. Genet.* 125:363.
- Montaldo, H. H., E. Casas, J. B. S. Ferraz, V. E. Vega-Murillo, and S. I. Román-Ponce. 2012. Opportunities and challenges from the use of genomic selection for beef cattle breeding in Latin America. *Anim. Front.* 2:23.
- Neves, H. H. R., R. Carvalheiro, A. M. Pérez O'Brien, Y. T. Utsunomiya, A. S. do Carmo, F. S. Schenkel, J. Sölkner, J. C. McEwan, C. P. Van Tassell, J. B. Cole, M. V. G. B. Silva, S. A. Queiroz, T. S. Sonstegard, and J. F. Garcia. 2014. Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nelore) cattle. *Gen. Sel. Evol.* 46:17.
- Pereira, G. L., K. O. Rosa, R. A. Curi, L. C. A. Regitano, e M. D. S. Mota. 2013. Estado da arte do sequenciamento genômico na pecuária. *ARS Vet.* 29:190.
- Quaas, R. L., and Pollak, E. J. 1980. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J. Anim. Sci.* 51:1277.
- Ramírez-Valverde, R., G. Ramírez-Valverde, R. Núñez-Domínguez, R. A. Delgadillo-Zapata, and M. Hernández-León. 2016. Association between genetic evaluation and show-ring judging for dairy and beef cattle. *Rev. Colombiana Cienc. Pec.* 29:25.
- Rodrigues, C. 2016. DNA a serviço da carne. *Revista DBO*. Disponível em: <http://www.portaldbo.com.br/Revista-DBO/Destaques/DNA-a-servico-da-carne/> 17974. Acesso em: 03 out 2016.
- Rupp, R., S. Mucha, H. Larroque, J. McEwan, e J. Conington. 2016. Genomic application in sheep and goat breeding. *Anim. Front.* 6:39.
- Santos, G. V., J. E. R. Sousa, J. L. R. Sarmiento, S. C. Sousa Júnior, W. H. Sousa, D. Biagiotti, N. P. S. Santos, e A. A. Rêgo Neto. 2013. Modelagem do efeito materno e estimativa de parâmetros genéticos para pesos corporais de caprinos Anglo Nubiano. *Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.* 14:259.
- Sarmiento, J. L. R., G. V. Santos, D. Biagiotti, W. H. Sousa, e R. N. B. Lôbo. 2012. Avaliação do efeito materno sobre o peso aos 196 dias em ovinos Santa Inês. 9º Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, Brasil, 20-22/07.
- Sarmiento, J. L. R., R. A. Torres, C. S. Pereira, W. H. Sousa, P. S. Lopes, C. V. Araújo, e R. F. Euclides. 2006. Avaliação

- genética de características de crecimiento de ovinos Santa Inês utilizando modelos de regressão aleatória. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 58:68.
- Schaeffer, L. R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 123:218.
- Schaeffer, L. R., and J. C. M. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. 5° WCGALP, Guelph, Canadá, 7-12/08.
- Schöpke, K., and H. H. Swalve. 2016. Review: Opportunities and challenges for small populations of dairy cattle in the era of genomics. *Animal.* 10:1050.
- Shumbusho, F., J. Raoul, J. M. Astruc, I. Palhiere, and J. M. Elsen. 2013. Potential benefits of genomic selection on genetic gain of small ruminant breeding programs. *J. Anim. Sci.* 91:3644.
- Simianer, H. 2016. Genomic and other revolutions - why some technologies are quickly adopted and others are not. *Anim. Front.* 6:53.
- Stothard, P. 2016. An introduction to Linux for bioinformatics. Available in: https://sites.ualberta.ca/~stothard/downloads/linux_for_bioinformatics.pdf Accessed 03 Oct 2016.
- Tavárez, M., and F. S. de los Santos. 2016. Impact of genetics and breeding on broiler production performance: a look into the past, present, and future of the industry. *Anim. Front.* 6:37.
- VanRaden, P. M. 2016. Practical implications for genetic modeling in the genomics era. *J. Dairy Sci.* 99:2405.
- Wiggans, G. R., I. Misztal, and D. Van Vleck. 1988. Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *J. Dairy Sci.* 71:54.
- Willham, R. L. 1980. Problems in estimating maternal effects. *Livest. Prod. Sci.* 7:405.
- Wolc, A., A. Kranis, J. Arango, P. Settar, J. E. Fulton, N. P. O'Sullivan, A. Avendano, K. A. Watson, J. M. Hickey, G. de los Campos, R. L. Fernando, D. J. Garrick, and J. C. M. Dekkers. 2016. Implementation of genomic selection in the poultry industry. *Anim. Front.* 6:23.
- Wright, S. 1921. Systems of mating. I. The biometric relations between parent and offspring. *Genetics.* 6:111.