

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JÚLIO DE MESQUITA FILHO
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**INCLUSÃO DA INFORMAÇÃO GENÔMICA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA
DE BUBALINOS LEITEIROS**

**Willian Bruno Fernandes de Andrade
Médico Veterinário**

2020

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA JÚLIO DE MESQUITA FILHO
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL

INCLUSÃO DA INFORMAÇÃO GENÔMICA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA
DE BUBALINOS LEITEIROS

Pós-graduando: Willian Bruno Fernandes de Andrade

Orientador: Prof. Dr. Humberto Tonhati

Coorientadora: Dra. Thaise Pinto de Melo

Coorientador: Dr. Leonardo de Oliveira Seno

Tese apresentada à Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias – Unesp/FCAV, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

A553i Andrade, Willian Bruno Fernandes de
Inclusão da informação genômica na avaliação genética de bubalinos leiteiros /
Willian Bruno Fernandes de Andrade. -- Jaboticabal, 2020
73 p.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências
Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientador: Humberto Tonhati
Coorientadora: Thaíse Pinto Melo
1. Bubalinos. 2. genômica. 3. Avaliação genética. 4. ssGBLUP. 5. Herdabilidade. I.
Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp.
Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias,
Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA TESE: INCLUSÃO DA INFORMAÇÃO GENÔMICA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BUBALINOS LEITEIROS

AUTOR: WILLIAN BRUNO FERNANDES DE ANDRADE

ORIENTADOR: HUMBERTO TONHATI

COORIENTADOR: DANIEL JORDAN DE ABREU SANTOS

COORIENTADOR: LEONARDO DE OLIVEIRA SENO

COORIENTADORA: THAISE PINTO DE MELO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em ZOOTECNIA, pela Comissão Examinadora:

Pós-doutoranda THAISE PINTO DE MELO
Departamento de Zootecnia / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Thaise P. Melo

P/ Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA
Departamento de Zootecnia / FCAV / Unesp - Jaboticabal
(VIDEOCONFERÊNCIA)

Thaise P. Melo

P/ Prof. Dr. FRANCISCO RIBEIRO DE ARAUJO NETO
Instituto Federal Goiano / Rio Verde/GO

Thaise P. Melo

P/ (VIDEOCONFERÊNCIA)
Prof. Dr. GUILHERME COSTA VENTURINI
Departamento de Medicina Veterinária-UNIUBE / Uberaba/MG

Thaise P. Melo

P/ (VIDEOCONFERÊNCIA)
Pós-doutorando RAFAEL ESPIGOLAN
FZEA/USP / Pirassununga/SP
(VIDEOCONFERÊNCIA)

Thaise P. Melo

Jaboticabal, 26 de junho de 2020

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Willian Bruno Fernandes de Andrade, filho de Ana Maria Fernandes de Andrade e Agnaldo Fernandes de Andrade, nascido em Patos de Minas-MG, em 15 de novembro de 1988. Ingressou no curso de graduação em Medicina Veterinária, na Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no ano de 2007 e concluiu-o em 2012. Em março de 2013 ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal da “Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” (FCAV/UNESP) campos Jaboticabal, em nível de mestrado obtendo o título de mestre em março de 2015. Em agosto de 2016, ingressou no Programa de Pós-graduação em Zootecnia da “Universidade Estadual Paulista “Júlio Mesquita Filho” (FCAV/UNESP) campos Jaboticabal, em nível de Doutorado na área de concentração “Genética e Melhoramento dos Animais domésticos”, sob orientação do Professor Dr. Humberto Tonhati, obtivendo o título de Doutor em agosto de 2020.

Honestidade intelectual é você não fingir que sabe aquilo que não sabe, nem que não sabe aquilo que sabe perfeitamente bem.

“Olavo de Carvalho”

DEDICO

Aos meus pais Ana Maria Fernandes de Andrade e Agnaldo Fernandes de Andrade pelo apoio incondicional, amor, incentivo e confiança.

A minha noiva Amanda Halum, pelo carinho e companheirismo e compreensão durante essa caminhada

AGRADECIMENTOS

À Deus pela vida concedida,

Ao professor e orientador Humberto Tonhati, pela oportunidade, pelos ensinamentos, paciência e confiança,

Aos meus co-orientadores, Thaíse Pinto Melo, Leonardo de Oliveira Seno, pelos ensinamentos dedicação e companheirismo

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico pela concessão da bolsa de doutorado (Projeto 870398/1997-0)

À Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho” (FCAV/ UNESP), em especial ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia pela oportunidade da realização do Curso de Doutorado

Aos membros da banca de qualificação, Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira, Dr. Francisco Ribeiro de Araújo Neto, Dra. Sirlene Fernandes Lázaro e Dr. Gerardo Alves Fernandes Júnior, pela atenção e pelas valiosas sugestões.

Aos membros da banca de defesa, Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira, Prof. Dr. Francisco Ribeiro de Araújo Neto, Prof. Dr. Guilherme Costa Venturini, Dr. Rafael Espigolan, pela disponibilidade e pelas valiosas sugestões.

Aos amigos que tive o prazer de conhecer em Jaboticabal, do grupo de pesquisa do Prof. Humberto Tonhati e dos demais grupos de pesquisa

A minha noiva Amanda Halum que esteve sempre do meu lado durante esta caminhada, pela compreensão, companheirismo e amor

Enfim a todos que de alguma maneira contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional durante esta caminhada, muito obrigado!!!

SUMÁRIO

RESUMO	iii
INCLUSION OF GENOMIC INFORMATION IN THE GENETIC EVALUATION OF DAIRY BUFFALOES	iv
ABSTRACT	iv
CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais	1
1. INTRODUÇÃO	1
REFERÊNCIAS	3
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	6
2.1 Búfalos: origem, classificação e domesticação.....	6
2.2 Rebanho Bubalino.....	7
3.CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS.....	10
2. INFORMAÇÕES GENÔMICAS	15
4.1 Métodos estatísticos em seleção genômica	18
5. REFERÊNCIAS.....	22
CAPÍTULO 2 - Genetic parameter estimates for economic important traits in Murrah buffaloes using Single-Step GBLUP	31
1.INTRODUCTION.....	32
2.MATERIAL AND METHODS.....	33
3.RESULTS AND DISCUSSION.....	35
4.CONCLUSIONS.....	40
5.References	41
CAPÍTULO 3 – Acurácia de predição dos valores genéticos para características reprodutivas utilizando diferentes matrizes de parentesco, de produção e qualidade de leite em bubalinos da raça Murrah.....	47
RESUMO	47
CAPÍTULO 3 – Prediction accuracy of genetic values for reproductive traits using different matrices, production and quality of milk in Murrah buffaloes	48
ABSTRACT	48

1 INTRODUÇÃO	49
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	50
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	52
4.CONCLUSÃO	57
5. REFERÊNCIAS.....	58

INCLUSÃO DA INFORMAÇÃO GENÔMICA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE BUBALINOS LEITEIROS

RESUMO - Este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e a acurácias de predição dos valores genéticos genômicos bem como sua acurácia, para as características produção de leite (PL), produção de gordura (PG), produção de proteína (PP), intervalo do primeiro parto (ITP), produção de *mozzarella* (PM), escore de células somáticas (SCS) e duração da lactação (DL) em búfalos da raça Murrah. Para este estudo foram utilizados um total de 3.221 e 776 informações fenotípicas e genotípicas, respectivamente. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas usando uma análise multicaracterística e através de inferência Bayesiana. As estimativas de herdabilidade foram 0,29, 0,26, 0,25, 0,06, 0,28, 0,16 e 0,12, para PL, PG, PP, ITP, MP, SCS e DL, respectivamente. As correlações genéticas entre PL e PG e PP foram altas e de magnitude positiva (0,69 e 0,88). A característica reprodutiva ITP apresentou correlações genéticas moderadas e positivas com PM, 0,30. A correlação genética entre PL e PM foi alta e positiva (0,97) e entre PL e SCS foi baixa e positiva (0,10) e entre PL e DL foi alta (0,64). As correlações genéticas entre as características estudadas foram moderadas a altas e as correlações positivas e residuais seguiram a mesma tendência. Para estimação dos valores genéticos genômicos para todas as características anteriormente descritas e suas respectivas acurácias de predição foram obtidos por meio do método ssGBLUP utilizando três diferentes matrizes de parentesco, a matriz de pedigree tradicional (A), genômica (G) e uma combinação da A com a G, a matriz H. As acurácias de predição dos GEBVs mais altas foram obtidas quando foi utilizada a matriz de relacionamentos H, que variaram de 0,49 para (CCS) a 0,58 para (PL/PM). Para todas as características foi observado aumento das acurácias de predição dos GEBVs, quando utilizada a matriz de relacionamento H. O método ssGBLUP (matriz H) que inclui as informações genômicas e do pedigree tradicional (matrizes $G + A = H$), melhorou as acurácias de predição dos valores genéticos, uma vez que deste modo uma melhor estrutura de relacionamentos entre os animais está disponível.

Palavras-chave: Búfalos, correlação genética, genômica, herdabilidade, acurácia de predição, GEBV, ssGBLUP

INCLUSION OF GENOMIC INFORMATION IN THE GENETIC EVALUATION OF DAIRY BUFFALOES

ABSTRACT - This study aimed to estimate genetic parameters and the accuracy of prediction of genomic genetic values as well as their accuracy, for the characteristics milk production (MY), fat production (FY), protein production (PY), first calving interval (CI), mozzarella production (MP), somatic cell score (SCS) and lactation length (LL) in Murrah buffaloes. For this study a total of 3,221 and 776 phenotypic and genotypic information were used, respectively. Estimates of genetic parameters were obtained using a multi-trait analysis and through Bayesian inference. Heritability estimates were 0.29, 0.26, 0.25, 0.06, 0.28, 0.16 and 0.12, for MY, FY, PY, CI, MP, SCS and LL, respectively. Genetic correlations between MY and FY and PY were high and presented positive magnitude (0.69 and 0.88). The CI reproductive trait showed moderate and positive genetic correlations with MP, 0.30. The genetic correlation between MY and MP was high and positive (0.97) and between MY and SCS it was low and positive (0.10) and between MY and LL it was high (0.64). The genetic correlations between the characteristics studied were moderate to high and the positive and residual correlations followed the same trend. To estimate the genomic genetic values for all the traits described above and their respective prediction accuracy, we used ssGBLUP method using three different kinship matrices, the traditional pedigree (A), genomic (G) and a combination of A with G, H matrix. The prediction accuracy of the highest GEBVs was obtained when the H relationship matrix was used, which ranged from 0.49 for (SCS) to 0.58 for (MY / MP). For all characteristics, an increase in the prediction accuracy of the GEBVs was observed, when using the relationship H matrix. The ssGBLUP method (H matrix) that includes the genomic information and the traditional pedigree (matrices $G + A = H$), improved the accuracy prediction of genetic values, since in this way a better structure of relationships between animals is available.

Keywords: Buffaloes, GEBV, genetic correlation, genomics, heritability, prediction accuracy, ssGBLUP

CAPÍTULO 1 – Considerações Gerais

1. INTRODUÇÃO

A população mundial de búfalos é de cerca de 206 milhões de animais, distribuídos em aproximadamente 42 países. Deste efetivo, cerca de 97% estão em países do continente asiático, seguido da África (1,7), Américas (0,7) e Europa (0,2), sendo o Brasil o país detentor do maior efetivo bubalino em toda a América (FAO, 2019).

O rebanho brasileiro de bubalinos está estimado em torno de 1,39 milhão de animais, sendo que na região Norte encontra-se o maior efetivo bubalino do país, com destaque para o estado do Pará, que responde por 39% do rebanho nacional. Em seguida aparecem o Sudeste, onde há maior concentração de rebanhos bubalinos leiteiros no país, o Nordeste, em especial no estado do Maranhão, e na região Sul, principalmente no Rio Grande do Sul, e Centro-Oeste, majoritariamente no estado de Goiás (IBGE, 2019)

Os bubalinos são animais rústicos, longevos e de boa produtividade e adaptabilidade as condições climáticas tropicais. Em relação a exploração comercial destes animais, se destaca a atividade leiteira que tem se mostrado interessante devido ao retorno financeiro que proporciona. Tal lucro financeiro está relacionado a composição do leite bubalino, que possui elevados teores de sólidos totais, e apresenta maiores porcentagens de gordura e proteína, quando comparado ao leite de vaca. Estas características conferem ao leite de búfala maior rendimento na obtenção de derivados lácteos e melhor remuneração aos produtores (TONHATI et al., 2008).

Na Itália, a seleção genética dos rebanhos bubalinos foi direcionada em grande parte para a produção de leite. Dito isto, é relevante mencionar a *mozzarella* de búfala, um queijo derivado de leite bubalino originário deste país, que é conhecida e apreciado em diversas localidades do mundo. No Brasil, o aumento da demanda pelo leite bubalino bem como a valorização deste produto e de seus derivados nas últimas décadas tem evidenciado ainda mais a espécie bubalina, e em razão disto, a seleção de animais geneticamente superiores quanto à produção de leite e outras características de interesse econômico tem sido praticada no país.

Tendo em vista o potencial deste mercado, tecnologias e ferramentas que possam melhorar a produtividade assim como a qualidade do leite são relevantes para a bubalinocultura. Para obter sucesso neste sentido, a intensificação do uso de espécimes superiores deve ser empregada. Assim sendo, os programas de controle leiteiros, a avaliação genética com inclusão dos dados genômicos, são algumas das ferramentas que

podem intensificar a utilização de material genético superior e aumentar a lucratividade e retorno financeiro desta atividade. A avaliação genética genômica quando comparada com a avaliação tradicional (utilizando somente o pedigree), tem mostrado capacidade de gerar uma maior acurácia na predição dos valores genéticos, sobretudo quando utilizada para avaliar animais jovens (VANRADEN, 2008).

Neste mesmo sentido, e tendo em vista a diversidade de fatores que afetam a produtividade, qualidade e lucratividade deste sistema, a inclusão das informações genômicas na avaliação genética que auxiliam na identificação de material genético superior, surge como uma estratégia pertinente. Na literatura existem vários estudos que avaliaram o impacto da inclusão de informação genômica em diversas espécies (HAILE-MARIAM et al., 2013; VEERKAMP et al., 2011; WIGGANS et al. 2015; COOPER, 2014) em bovinos de leite, (FERNANDES JUNIOR et al., 2016; MAGALHÃES et al., 2019) com bovinos de corte, frangos (CHEN et al., 2011), suínos (FORNI; AGUILAR; MISZTAL, 2011), e inclusive bubalinos (VENTURINI et al., 2014; DE CAMARGO et al. 2015; ARAUJO NETO et al. 2019). Dentre os benefícios reportados destacam-se a maior eficiência do processo de seleção de genótipos superiores, e consequentemente aumento no ganho genético por geração dentro do rebanho, redução do intervalo de gerações, seleção de características de difícil ou dispendiosa mensuração, etc.

Neste contexto é importante mencionar as diferenças existente entre a avaliação tradicional e a genômica e como a incorporação de dados genéticos genômicos pode melhorar a eficácia do processo de seleção dentro do rebanho. Na avaliação tradicional utiliza-se a matriz de parentesco tradicional, que é construída com base exclusivamente nas informações proveniente do pedigree (matriz A). De acordo com VanRaden (2008), com a utilização da informação genético genômica, pode-se substituir matriz de parentesco tradicional por uma matriz genômica (matriz G), que por sua vez parentesco baseia-se somente nas informações provenientes dos polimorfismos de base única (SNPs), ou ainda por uma matriz H, que combina as informações das matrizes A e G, assim podendo incluir tanto animais genotipados ou não (AGUILAR et al., 2010).

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para características de produção e qualidade de leite e reprodutivas de fêmeas da raça Murrah. Além disso, verificar o impacto da inclusão da informação genômica sobre a acurácia de predição dos valores genéticos genômicos e mudanças na classificação de animais superiores desta população, utilizando diferentes matrizes de parentesco genômico.

REFERÊNCIAS

AGUILAR, I., MISZTAL, I., JOHNSON, D.L., LEGARRA, A., TSURUTA, S., LAWLOR, T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.

CHEN, C. Y., MISZTAL, I., AGUILAR, I., LEGARRA, A., & MUIR, W. M. (2011). Effect of different genomic relationship matrices on accuracy and scale. *Journal of animal science*, 89(9), 2673-2679

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. 2019.

DE ARAUJO NETO, F. R., DE ABREU SANTOS, D. J., JÚNIOR, G. A. F., ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., DO NASCIMENTO, A. V., DE OLIVEIRA SENO, L., OLIVEIRA, H. N. (2019). Genome-wide association studies for growth traits in buffaloes using the single step genomic BLUP. *Journal of Applied Genetics*, 61(1), 113-115.

DE CAMARGO, G. M. F., ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., FORTES, M. R. S., PORTO-NETO, R., CARDOSO, D. F., SANTOS, D. J. A., ... & TONHATI, H. (2015). PROSPECTING MAJOR GENES IN DAIRY BUFFALOES. *BMC GENOMICS*, 16(1), 872.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. Rebanho mundial. 2014. Disponível em: <<http://www.faostat3.fao.org>>. Acesso em: 20 Des. 2019.

FORNI, SELMA; AGUILAR, IGNACIO; MISZTAL, Ignacy. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. *Genetics Selection Evolution*, v. 43, n. 1, p. 1, 2011.

HAILE-MARIAM, M. et al. 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*, v. 130, n. 1, p. 20-31, 2013.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). Pesquisa da pecuária municipal. Efetivo dos rebanhos - 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>>. Acesso em: 21 set. 2019

JÚNIOR, G. A. F., ROSA, G. J., VALENTE, B. D., CARVALHEIRO, R., Baldi, F., GARCIA, D. A., ... & DE ANDRADE, W. B. (2016). Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nelore cattle. *Genetics Selection Evolution*, 48(1), 7.

MAGALHÃES, A. F. B., SCHENKEL, F. S., GARCIA, D. A., GORDO, D. G. M., TONUSSI, R. L., ESPIGOLAN, R., ... & CARVALHEIRO, R. (2019). Genomic selection for meat quality traits in Nelore cattle. *Meat science*, 148, 32-37.

VENTURINI, G. C., CARDOSO, D. F., BALDI, F., FREITAS, A. C., ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., SANTOS, D. J. A., ... & TONHATI, H. (2014). Association between single-nucleotide polymorphisms and milk production traits in buffalo. *Genet. Mol. Res*, 13(4), 10256-68.

TONHATI, H., MENDOZA-SÁNCHEZ, G., SESANA, R. C., ASPILCUETA BORQUIS, R. R., ALBUQUERQUE, L. G. Programa de mejoramiento genético de búfalos. *Revista Argentina de Producción Animal*, 28(1), 53-67. 2008.

VANRADEN, P.M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. *Journal of Dairy Science*, 91, p. 4414–4423, 2008.

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.

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.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Búfalos: origem, classificação e domesticação

O ancestral do búfalo doméstico o Arni (*bubalus arnee*) ou búfalo selvagem asiático habitava a região norte da Índia, no Sri Lanka e na Indochina. A população destes animais atualmente é bem reduzida, restando cerca de 4.000 animais na região Norte da Índia. Os cruzamentos não orientados entre os búfalos selvagens e domésticos, a caça indiscriminada, perda do habitat natural, e o próprio processo de domesticação são alguns dos principais motivos das alterações e perdas de material genético desta população (BORGHESE, 2005).

Neste contexto, segundo Ramos (2008) os bubalinos são classificados de maneira sistemática seguindo características morfológicas raciais tais como, tamanho da cabeça e orelhas, distribuição de pelos no corpo e sobretudo pelas características anatômicas dos chifres. Os chifres discriminam os padrões raciais da espécie, dependendo da direção, comprimento, grau de achatamento e curvatura.

Os búfalos de rio, como são denominados, devido ao processo de seleção natural e domesticação compreendem a maior parte de raças criadas comercialmente, como por exemplo Mediterrânea, Jafarabadi e Murrah, que são encontradas em vários países do mundo (MARQUES et al., 1998; RAMOS, 2008). Já o *Bubalus bubalis* variedade *kerebeu* habita várias partes do mundo, sendo mais comumente encontrado na Indochina, Filipinas, Indonésia e no Vietnã, onde são utilizados principalmente como força de trabalho nas lavouras de arroz (MARQUES et al., 1998). No território nacional, estes animais são encontrados sobretudo na região Norte, onde é denominado de Carabao, também conhecido como rosilho na região do Amazonas (MCMANUS, 2010).

Os búfalos estão presentes em várias regiões do mundo, e segundo Marques et al., (1998), há relatos de que no segundo milênio a.C na Mesopotâmia, no Vale do Indu e na China, tenha se dado início ao processo de domesticação destes animais. Comparativamente com a espécie bovina, a domesticação dos bubalinos é tida como recente, já que existem registros de domesticação destes primeiros de 10.000 anos atrás (BORGHESE, 2005).

Posto isto, apresentam destaque as raças bubalinas com aptidão leiteira como Murrah, Kundi, Nili-Ravi, Surti e Jafarabadi, que estão presentes em praticamente todo o mundo, sendo muito disseminadas nas regiões tropicais e subtropicais (DHANDA, 2004).

Em solo brasileiro, consta que a introdução dos búfalos tenha acontecido através de uma importação de pequenos lotes de animais trazidos da Ásia e Europa. Segundo

informa a Associação Brasileira dos Criadores de Búfalos – ABCB, a importação mais conhecida foi feita por Vicente Chermont de Miranda em 1906, para a “Fazenda Dunas e Ribanceira”, situada na costa norte da Ilha do Marajó no estado Maranhão (SANTIAGO, 2008). No entanto, apenas em 1962, com a importação de cerca de 20 reprodutores selecionados puros das raças Murrah e Jafarabadi, ocorreu verdadeiro estímulo aos criadores e selecionadores de búfalos no país. Segundo Santiago (2000), devido a contribuição genética destes animais, este acontecimento estabeleceu o marco inicial no crescimento e exploração dos bubalinos no Brasil. Quatro raças são oficialmente reconhecidas pela ABCB, Murrah, Mediterrâneo, Jafarabadi e Carabao.

Devido sua capacidade de adaptação aos diversos ambientes, elevada fertilidade e longevidade produtiva, o rebanho bubalino teve uma notável evolução na década de 80. Inicialmente, o objetivo era ocupar os denominados “vazios pecuários”, localidades em que, por características naturais a pecuária não se desenvolvia (BERNARDES, 2007).

No princípio, a exploração era destinada à produção de carne majoritariamente, entretanto no início dos anos 90, houve um crescimento na exploração das habilidades leiteiras destes animais, principalmente voltada para produção de derivados de leite de búfalas, uma vez que por apresentar maior valor agregado no mercado, permite remunerar a matéria-prima a preços cerca de duas vezes superiores quando comparado com o leite bovino (BERNARDES, 2007).

2.2 Rebanho Bubalino

Existem aproximadamente 206 milhões de espécimes bubalinos em todo o mundo, deste total, 201 milhões são encontrados na Ásia, cerca de 3,5 milhões na África, 1,4 milhões na América, 439 mil na Europa e na Oceania apenas 275 cabeças (FAO, 2019).

Na Itália, por consequência do aumento na procura pela *mozzarella* de búfala, que se tornou um produto de grande valor agregado e é exportado deste país para toda Europa, foi observado um crescimento de 142% da população de búfalos, entre os anos de 1993 e 2001 (BORGHESE, 2005). Também em países como, Alemanha, Irã, Egito, Azerbaijão e Itália, o rebanho bubalino vem crescendo em função do aumento da demanda por derivados de leite bubalino, os quais tem grande aceitação no mercado mundial (BORGHESE, 2011). Segundo a FAO (2019) o crescimento do rebanho bubalino é um dos maiores na última década dentre os animais domésticos, ostentando uma taxa de crescimento de aproximadamente 10% nos últimos 10 anos, como mostra a Figura 1.

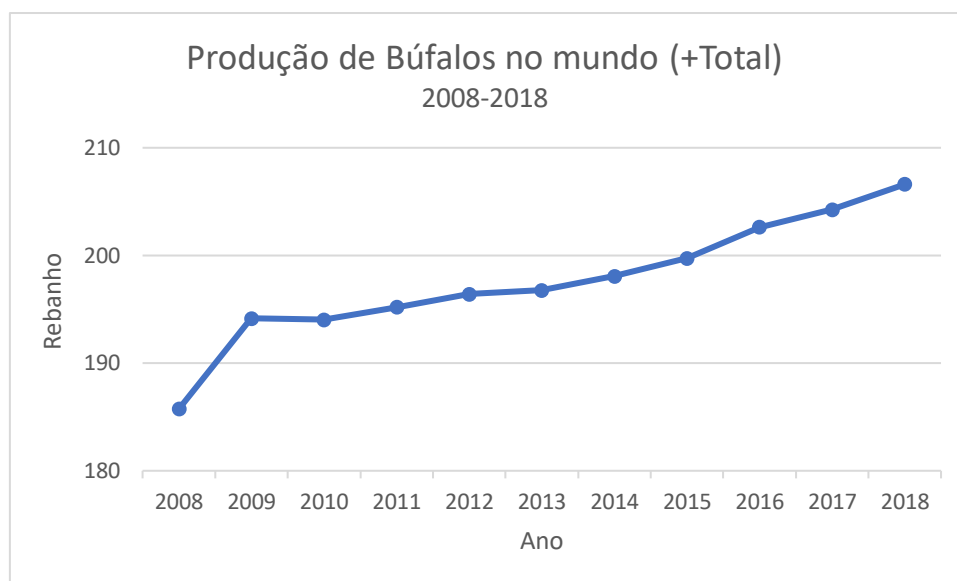


Figura 1. Crescimento do rebanho bubalino no mundo, valores em milhões (Adaptado de FAOSTAT, 2020)

Em 2017, foram produzidos no mundo cerca de 827,9 bilhões de litros de leite, demonstrando assim um aumento na produção de leite de cerca de 48% nos últimos 30 anos. Deste montante, a maior parte é de leite bovino, ostentando a segunda posição a espécie bubalina com cerca de 14% do total (FAO, 2017)

Segundo a Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO, foram produzidos aproximadamente 107,7 milhões de toneladas de leite bubalino, sendo que cerca de 104,6 milhões de toneladas tem origem no continente asiático. A Índia é responsável por 74,7 milhões de toneladas, cerca de 65,5% de todo o leite bubalino produzido no mundo, seguida pelo Paquistão, China e Egito com 25,0; 3,1 e 2,9 milhões de toneladas deste produto.

Em território nacional, de acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – IBGE, em 2015 comparativamente com o ano anterior o rebanho de bubalinos no país cresceu cerca de 3,5%, detendo assim o posto de maior rebanho bubalino efetivo das Américas. O Brasil tem em torno de 1,39 milhão de cabeças de bubalinos, sendo que na região Norte encontra-se o maior rebanho bubalino do país, onde o estado do Pará é destaque, abrigando por volta de 39% do rebanho nacional. Em seguida aparecem o Sudeste, onde encontra-se a maioria da bubalinocultura leiteira do país, Nordeste, no estado do Maranhão e na região Sul, principalmente no Rio Grande do Sul, e Centro-Oeste, majoritariamente no estado de Goiás (IBGE, 2019)

Segundo a Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB), as quatro raças constituintes do rebanho brasileiro de bubalinos são: Mediterrânea, Murrah e Jafarabadi (denominados búfalos de rio) e a raça Carabao (denominada búfalo de Pântano). A raça Murrah, bem como seus mestiços, é incluída dentre as mais relevantes raças de bubalinos criada e explorada comercialmente no Brasil em virtude de seu potencial produtivo e qualidades inerentes ao leite e seus derivados. De acordo com a ABCB (2019), a raça Murrah é originária do norte da Índia, pertence a espécie *Bubalus bubalis bubalis*, classificada com búfalo de rio doméstico. O vocábulo Murrah vem do idioma Hindu e significa “espiralado” ou “caracolado”, o que está relacionada com a forma dos chifres destes animais que são espiralados em anéis arqueados em torno de si mesmo, saindo para trás, para fora, para baixo e para cima, com ponta retorcida para dentro e enrolada. Seus pelos, cascos e pele são negros. A raça é considerada excelente produtora de leite, porém também possui excelente aptidão para a carne, o que lhe confere dupla aptidão. Os machos chegam a pesar entre 600 a 800 kg e as fêmeas, entre 500 a 600 kg de peso vivo.

No Brasil é estimada a produção em torno de 100 milhões de litros de leite bubalino por ano. A maior parte deste total produzido tem como destino a indústria, cerca de 150 laticínios espalhados por todo país, onde este é beneficiado e utilizado na produção de derivados de leite búfala (MAPA, 2019). Diante disto, Tonhati et al. (2000a) relataram em seus estudos que animais da raça Murrah produziram em média por lactação 1.481,4 kg de leite. Médias superiores de produção foram descritas por outros autores para esta raça como Sampaio Neto et al. (2001), Malhado et al. (2007) e Bezerra Junior et al. (2014), que encontraram respectivamente 2.131, 1.864 e 2.218 kg de leite produzidos em média por lactação.

Também é importante destacar a duração média do período de lactação dos bubalinos da raça Murrah que interfere de maneira significativa na produtividade de leite, que de acordo com estudos feitos por Tonhati et al. (2000a), Sampaio Neto et al. (2001), Ramos et al. 2006), Rodrigues et al. (2010) e Bezerra Júnior et al. (2014), foram, respectivamente de 271, 301, 256, 270 e 282 dias.

Além disso, as características reprodutivas como por exemplo o intervalo do primeiro parto, conforme destaca Cassiano et al. (2003), é muito significativa, uma vez que impacta de forma efetiva na produtividade e lucratividade do rebanho.

Entretanto, como destaca os autores Tonhati et al. (2000^a), Malhado et al. (2007) e Bezerra Júnior et al. (2014), para que o potencial produtivo seja expresso pela espécie bubalina de maneira satisfatória, é imprescindível a avaliação genética dos animais, bem

como o emprego das estratégias dos programas de melhoramento genético como seleção e acasalamentos, seja feita de forma eficiente e criteriosa.

3.CARACTERÍSTICAS ESTUDADAS

A produção de leite (PL) influencia diretamente a lucratividade da atividade leiteira, para populações bubalinas são encontrados na literatura valores de produção de leite por lactação por animal (kg/lactação) variando de 1.200 a 2.200 kg e herdabilidade para esta característica variando de 0.20 a 0.38 como descrito na Tabela1.

Tabela 1. Produção média de leite(kg/lactação) em rebanhos bubalinos brasileiros por estado, autor e raça.

Fonte	Raças	Produção de Leite (kg)	Região	herdabilidade
Tonhati et al. (2000a)	Murrah, Jafarabadi, Mediterrânea e mestiços	1.259	São Paulo	0.38
Tonhati et al. (2000b)	Murrah	1.496	São Paulo	0.24
Ramos (2006)	Murrah	1.650	-	0.21
Malhado et al. (2007)	Murrah	1.863	-	0.20
Aspilcueta-Borquis et al. (2010a)	Murrah	1.814	São Paulo	0.25
Aspilcueta-Borquis et al. (2010b)	Murrah	1.814	São Paulo	0.23
Rodrigues et al. (2010)	Murrah e seus mestiços	1.663	Pará	0.25
Malhado et al. (2013)	Murrah	1.631	-	0.28
Bezerra Júnior et al. (2014)	Mestiços da raça Murrah	2.218	Alagoas	0.29
Barros et al. (2016)	Murrah	1.872,7	São Paulo e Rio Grande do Norte	0.24

Diversas variáveis influenciam a produção de leite (PL) de maneira significativa, tais como aspectos ambientais e também genéticos. Dentre estes fatores, Bezerra Júnior et al. (2014) destaca que a ordem e estágio da lactação, raças, estação de parto e idade do animal podem interferir diretamente na produção de leite.

Dentro deste contexto, podemos destacar que segundo Ramos et al. (2006), Malhado et al. (2007), Aspilcueta-borquis et al., (2010); Rodrigues et al., (2010); e

Bezerra Junior et al. (2014), as estimativas de herdabilidade para a produção de leite bubalino varia entre 0,20 e 0,38, tais resultados sugerem que esta característica possui variabilidade genética aditiva suficiente para responder a programas de seleção.

Outra importante característica nos sistemas de produção de leite é a duração da lactação, pois está diretamente relacionada com o volume total de leite produzido durante uma lactação completa do animal. É definida como sendo o período total em que a búfala produz leite, podendo variar dentro e entre raças, e até mesmo com o sistema de produção.

Posto isto, durações de lactações de 271, 256, 270, 301 e 282 dias foram descritas respectivamente por, Tonhati et al. (2000a), Ramos et al. (2006), Rodrigues et al. (2010), Sampaio Neto et al. (2001) e Bezerra Júnior et al. (2014), em seus estudos com animais da raça Murrah e mestiços. Valores de herdabilidade para esta característica foram descritos por alguns autores como por exemplo, Tonhati et al. (2000b), Rodrigues et al. (2010), Malhado et al. (2013), que relataram 0.07, 0.08 e 0.15, respectivamente, sugerindo que a característica tem variabilidade genética para ser selecionada.

O rebanho bubalino nacional tem médias de duração da lactação variando de 252 a 301 dias, tendo em vista que longos períodos de lactação estão intimamente relacionados com produções de leite superior segundo alguns autores (Tonhati et al., 2000a; Sampaio Neto et al., 2001; Rodrigues et al., 2010; Malhado et al., 2013; Bezerra Júnior et al., 2014).

Neste contexto é relevante ressaltar que em virtude da sua composição, o leite de búfalas apresenta maior rendimento na produção de derivados lácteos, assim o crescimento desta atividade está ligado a maior remuneração da indústria leiteira por este produto. Rendimento superior este, que se deve muito as quantidades de proteína e gordura serem maiores no leite bubalino quando comparado ao leite bovino (TONHATI et al., 2008). Como exemplo, o famoso queijo *mozzarella* de búfala, que possui sabor peculiar e traz qualidades nutricionais melhores do que aquele proveniente de leite bovino. Na Região Sudeste do país, mais especificamente no estado de São Paulo, a criação de búfalos é direcionada em quase sua totalidade para a produção de leite, e está é em sua maioria destinada para a produção de derivados. A *mozzarella* é um dos derivados de leite de búfala mais requisitado no mercado, posteriormente a sua elaboração o queijo é direcionado a restaurantes sofisticados e grandes redes de supermercados dos grandes centros comerciais, bem como, a eminente possibilidade de exportação de *mozzarella*. Por esta razão, pode-se considerar a região Sudeste como o mercado de queijo de búfala mais competitivo do Brasil, proporcionando benefícios aos consumidores desta

região na aquisição do produto. Isto posto, aumentar a produção deste derivado consequentemente irá trazer melhorias na produtividade e lucratividade da bubalinocultura no Brasil.

Estudos feitos por diversos autores, mostram que a porcentagem dos constituintes do leite bubalino pode variar para gordura de 6,22 a 8,89% e proteína entre 4,05 e 4,90% (DUBEY et al., 1997; ROSATI e VAN VLECK, 2002; SENO et al., 2004; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010; BARROS et al., 2016). Estudo feitos em rebanhos brasileiros por Tonhati et al. (2000), os autores relataram que as médias foram respectivamente 6,87 e 3,91% para percentagem de gordura e proteína. Já na Itália os valores obtidos por Rosati e Van Vleck (2002), para as mesmas característica foram 8,59 e 4,55% respectivamente.

Estimativas de herdabilidade para produção de gordura e proteína foram relatadas por Aspilcueta-borquis et al., (2010b), sendo que para a produção de gordura os valores variaram de 0.13 a 0.22 e para proteína oscilaram de 0,16 a 0,23, também Rodrigues et al. (2010) descreveram herdabilidade de 0,18 para produção de gordura, demonstrando que estas características tem variabilidade genética para serem selecionadas.

Sendo assim e sabendo da importância dos sólidos totais no leite, principalmente proteína e gordura, ferramentas que possam auxiliar na escolha de animais que apresentem potencial no aumento de produção destes constituintes são de grande relevância. Rodrigues et al. (2010) relatou correlação genética entre a produção de gordura e produção de leite de por volta de 0,94, também Aspilcueta-borquis et al., (2010b) em seus estudos com bubalinos da raça Murrah, relatou que a correlações entre estas duas características está em torno de 0,90. Neste sentido informações que possam elucidar a relação entre características produtivas e de qualidade de leite são relevantes para auxiliar a tomada de decisão do produtor na escolha dos objetivos e critério de seleção bem como na escolha dos animais que irão entrar em reprodução.

De acordo com Lopes et al. (2008), as características reprodutivas tal como as de produção tem alta relevância no sistema produtivo leiteiro. Isto porque, o estudo destas características nos programas de melhoramento genético indica que estas estão altamente relacionadas com os índices de ganho genético anual dos rebanhos (CASSIANO et al., 2004). Dentre as características reprodutivas que mais influenciam a produtividade de um sistema leiteiro, está o intervalo de partos (Ramos et al., 2004).

Pereira (2004) destaca em seus estudos que o intervalo entre partos é um relevante indicativo de eficiência reprodutiva de um rebanho, sendo que quanto menor for este,

mais progênies serão produzidas por cada animal durante sua vida produtiva. O intervalo entre partos informa o período de tempo que a fêmea leva para gerar progênies durante sua vida produtiva, e que isto está atrelado diretamente a produção de leite. Deste modo, o intervalo entre partos é inversamente proporcional aos números de progênie por animal e a produção de leite do mesmo.

Assim, à medida que o intervalo entre partos é maior, menor será o número de progênie e o volume de leite produzido pelo indivíduo. Corroborando com esta afirmação, Téllez et al. (2005) mencionam que um intervalo entre partos de 12 meses é rentável e conveniente tanto do ponto de vista fisiológico quanto do financeiro. Contudo, é considerado satisfatório que uma fêmea bubalina produza dois bezerros a cada três anos (BARUSELLI & HENRIQUEZ 2002).

Diante disto, é relevante salientar que as características de fertilidade possuem em geral herdabilidade baixa e são muito suscetíveis aos fatores ambientais (TONHATI; VASCONCELLOS; ALBUQUERQUE, 2000). Entretanto, as herdabilidades de baixa magnitude estimadas para características reprodutivas em búfalos, são indicativos que uma significativa parcela da variação nestas está relacionada a fatores não genéticos. Então, melhorar o manejo nos rebanhos traria relevantes resultados para estas características (BARROS et al., 2016). Ainda assim, segundo Cassiano et al. (2004), estas características reprodutivas têm considerável relação com o progresso genético do rebanho, e por isto devem ser incluídas nos programas de melhoramento genético de bubalinos.

Dito isto, com menor intervalo entre partos e aumento da vida útil da búfala, há um incremento positivo no progresso genético do rebanho (TONHATI et al., 1997). Neste mesmo sentido, Pereira (2004) cita que um dos gargalos no melhoramento animal, é o avanço genético relacionado as características reprodutivas.

Devido a relevância desta característica em bubalinos alguns estudos foram desenvolvidos, os quais mostraram 500 dias de média para o primeiro intervalo entre partos, sendo que os autores consideraram 365 dias como valor ideal para esta medida (CASSIANO et al., 2003). De maneira geral, o intervalo entre partos possui considerável influência do período de serviço, uma vez que o período de gestação dos bubalinos oscila pouco, ficando por volta de 10 meses (PEREIRA et al., 2007). Estudos feitos em rebanhos brasileiros, evidenciam que a média de intervalo entre partos é de aproximadamente 360 a 450 dias, como descrito na Tabela 2.

Tabela 2. Herdabilidade médias (h^2) do intervalo entre partos em dias de rebanhos bubalinos no Brasil.

Fonte	Raça	Intervalo de Partos	h^2	Região
Tonhati et al., 2000b	Murrah	385	0,10	São Paulo
Sampaio Neto et al., 2001	Murrah	430	-	Ceará
Ramos et al., 2006	Murrah	361	0,02	-
Lopes et al., 2008	Mestiços de Murrah e Mediterrânea	451	-	Rondônia
Malhado et al., 2013	Murrah	411	0,03	-
Bezerra Júnior et al., 2014	Murrah e mestiços	422	-	Alagoas
Barros et al., 2016	Murrah	399	0,05	São Paulo e Rio Grande do Norte

Uma ferramenta que pode auxiliar na seleção de animais superiores para características reprodutivas é a estimação dos parâmetros genéticos bem como as correlações genéticas entre características produtivas e reprodutivas. Isto pois, sendo duas características altamente correlacionadas, é prenúncio que há a probabilidade de os mesmos genes estarem atuando na expressão de ambas as características. Logo, uma correlação genética alta e positiva indica que a seleção para uma destas terá efeito relevante na outra (BARROS et al., 2016).

Também muito relevante na produção de leite bubalino, relacionada mais a qualidade do leite, o escore de células somáticas (CCS) é uma importante ferramenta que é utilizada para acompanhar a resposta imunológica do animal frente a um processo infeccioso ou qualquer outro estímulo ao sistema imunológico. Quando há uma infecção intramamária instalada, as células de defesa (somáticas) principalmente os neutrófilos, são recrutadas para o local, no caso a glândula mamária, o que aumenta a sua proporção no leite (TRIPALDI et al., 2010; PIZAURO, 2013). Ainda não existe uma concordância sobre o limite crítico de CCS que indica corretamente a presença de uma infecção subclínica em búfalas.

No entanto, de maneira geral, os estudos evidenciam baixas a médias contagens de células somáticas no leite e relatam pouca prevalência de mastite em rebanhos bubalinos (Mustafa et al., 2013; Purohit et al., 2014; Elhaig e Selim, 2015), Malhado et al., 2013, Tonhati et al., 2000b, Ramos et al., 2006

Posto isto, tendo em conta a importância de todas as características anteriormente mencionadas, para melhorar a produtividade e lucratividade da bubalinocultura leiteira no país, a estimação dos parâmetros genéticos bem como a correlação genética entre características produtivas e reprodutivas tem grande relevância.

Alguns autores como (Rosati and Van Vleck, 2002; Hurtado-Lugo et al., 2006; Aspilcueta-borquis et al., 2010b; Rodrigues et al., 2010; relataram correlações genéticas entre produção de leite (PL) e as produções de proteína e gordura como sendo positivas de alta magnitude variando entre 0,68 a 0,93 para produção de gordura e valores que vão de 0,66 a 0,94 para produção de proteína. Ainda Aspilcueta-borquis et al., (2010b) relatam que as produções de proteína e gordura são altamente correlacionadas entre si.

Neste mesmo sentido, correlações altas e positivas entre produção de leite, produções de proteína e gordura e a característica produção de *mozzarella* também foram descritas por Rosati and Van Vleck, 2002, sendo os valores 0,95, 0,65 e 0,54 respetivamente. Outra característica ligada a qualidade do leite, a CCS, segundo Aspilcueta-borquis et al., (2010b), se correlaciona de forma negativa e baixa magnitude com a produção de leite e seus constituintes.

Já as características reprodutivas como duração da lactação (DL) e intervalo entre partos (ITP) segundo Rodrigues et al., (2010) e Barros et al. (2016) se correlacionam com a produção de leite de forma positiva e alta magnitude no caso da DL e de baixa magnitude com a ITP, por volta de 0,65 e 0,05, respetivamente.

Haja visto isto, bem como que todas as características abordadas neste estudo, apresenta variabilidade genética para serem selecionadas, como demostram os estudos encontrados na literatura (ROSATI AND VAN VLECK, 2002; RODRIGUES et al., 2010; E BARROS et al., 2016; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010b; HURTADO-LUGO et al., 2006)

2. INFORMAÇÕES GENÔMICAS

Smith (1967) foi pioneiro em utilizar o termo marcador genético no melhoramento animal, porém os primeiros marcadores genéticos, os grupos sanguíneos já estavam disponíveis na década de 50. Posteriormente foram desenvolvidos outros marcadores genéticos como os microssatélites e os polimorfismos de nucleotídeo único (single

nucleotide polymorfism, SNP), com objetivo de identificar regiões genômicas de grande efeito sobre a variação genética de características quantitativas. Deste modo, baseada nesta abordagem, denominada como mapeamento de QTL (quantitative trait loci) (SOLLER; PLOTKIN-HAZAN, 1977; SOLLER, 1978), foram identificados genes relacionados a doenças e ao desempenho do animal, como por exemplo, 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).

Posteriormente aos resultados obtidos nas análises de mapeamento de QTL, outros métodos foram utilizados, como a seleção assistida por marcadores (SAM), onde os marcadores genéticos eram empregados na seleção indireta para alguns alelos específicos (VAN EENENNAAM et al., 2014). Apesar de promissora esta técnica não teve seu uso difundido, já que a maioria das regiões identificadas eram responsáveis por uma pequena fração da variabilidade genética e estas estavam associadas a características de alta herdabilidade e de fácil mensuração, onde a seleção convencional já era eficiente. Além disso, o alto custo requerido para o mapeamento de QTL era considerável, limitando a expansão desta tecnologia (DEKKERS, 2004).

Neste contexto, alguns autores como Nejati-Javaremi, Smith e Gibson (1997) e Haley e Visscher (1998), iniciaram estudos de ferramentas e métodos utilizando marcadores genéticos para melhorar e tornar mais eficaz a seleção de animais superiores dentro do rebanho. Esta técnica posteriormente foi desenvolvida e aprimorada por Meuwissen, Hayes e Goddard (2001), e denominada de seleção genômica, que pode ser aplicada de forma viável através do surgimento das plataformas de genotipagem contendo milhares de polimorfismos de nucleotídeos únicos (*Single Nucleotide Polimorphisms*, SNPs).

Na seleção genômica os indivíduos são selecionados com base no valor genético genômico (GEBV), que basicamente consiste na soma dos efeitos dos marcadores. Dessa forma, considerável parte da variância genética explicada pelos marcadores pode ser capturada, posto que na seleção genômica não há necessidade que haja um limiar mínimo de significância para inclusão do marcador na equação de predição, ou seja, todos os marcadores são utilizados concomitantemente na estimação dos valores genéticos genômicos, os GEBVs (VAN EENENNAAM et al., 2014; TAYLOR, 2014).

A acurácia na seleção genômica é proveniente de marcadores genéticos que capturam as associações genéticas aditivas entre os indivíduos e de marcadores em

desequilíbrio de ligação com o loci quantitativo (QTL) de interesse (DAETWYLER et al., 2012; HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007). A acurácia baseada nas associações aditivas como é calculada de forma tradicional é menos constante quando comparada à que está relacionada ao desequilíbrio de ligação obtida com a utilização dos dados genômicos (de ROOS; HAYES; GODDARD, 2009), podendo reduzir 50% a cada meiose (WOLC et al., 2011). Neste contexto, estudo feitos por VanRaden et al. (2009), utilizando animais da raça Holandesa, onde a população de referência era composta por 3.576 touros genotipados para 40.426 SNP, obtiveram acurácias variando de 14 a 33% empregando a avaliação tradicional para 27 características, e aplicando a predição genômica as acurácias obtidas foram 33 e 78%, tendo em vista que a população de validação continha 1.759 touros. Da mesma forma, Wiggans, VanRaden e Cooper (2011), relataram em seu estudo também em animais da raça Holandesa, que incluindo os efeitos dos SNP na avaliação genética de touros jovens, houveram ganhos em acurácia variando de 17,0 e 47,6%, avaliando características de produção de leite, produção e porcentagem de proteína e gordura, escore de células somática, vida produtiva, taxa de prenhez. Haja visto isto, quando comparada com a avaliação genética tradicional, a avaliação genética genômica frequentemente vem sendo relacionada a predição de valores genéticos de maior acurácia, particularmente quando animais jovens são avaliados.

Neste contexto, segundo VanRaden et al. (2009), quando somente a informação do pedigree é utilizada como fonte de informação para uma característica de alta e baixa herdabilidade, representa conhecimento equivalente a mensurações de 6 e 32 medidas, respectivamente. Quando incorporada a informação genômica, o conhecimento vindo do genótipo de um touro jovem relacionado a uma característica de alta herdabilidade, como por exemplo produção de proteína ($h^2 = 0.30$), é equivalente à informações provenientes de 15 filhas, ao passo que para uma característica de baixa herdabilidade como taxa de prenhez ($h^2 = 0,04$) é correspondente a mensuração de 67 filhas. Posto isto, em média a informação genômica representa uma contribuição de 11 filhas a mais avaliadas do que a informação tradicional de pedigree (VANRADEN et al., 2009).

Também é relevante destacar que a seleção genômica além de resultar na diminuição do intervalo entre gerações e aumento na acurácia, contribui para a avaliação e seleção de características que são medidas tardiamente no rebanho, das características de difícil e/ou dispendiosa mensuração, e ainda características que são medidas diretamente somente em um dos sexos, como a produção de leite (SILVA et al., 2014).

Outro benefício da seleção genômica está associado a endogamia, já que com a informação genômica é exequível a melhor estimativa dos efeitos de amostragem Mendeliana, fornecendo mais informações sobre o parentesco entre os animais, permitindo selecionar espécimes menos aparentados, controlando de forma mais eficiente a endogamia no rebanho (PRYCE; DAETWYLER, 2012). Além de tudo, os SNPs podem ser empregados na conferência e correção em possíveis erros de pedigree (SILVA et al., 2014).

Por fim, o êxito na aplicação da seleção genômica a longo prazo está associado ao desenvolvimento de ferramentas de monitoramento e gerenciamento da variação genética, também métodos estatísticos que possam atribuir valor a intensa pré-seleção que os indivíduos estão expostos (STOCK; REENTS, 2013). No que diz respeito aos produtores, a técnica de genotipagem pode otimizar o planejamento dos acasalamentos e a escolha dos animais que serão utilizados para reposição no rebanho.

4.1 Métodos estatísticos em seleção genômica

Várias metodologias foram e vem sendo sugeridas como ferramentas para estimativa dos efeitos dos marcadores genéticos e predição dos valores genéticos genômicos. Algumas metodologias utilizam a predição dos valores genéticos genômicos como sendo uma função do relacionamento genômico empregando uma estrutura de covariância entre os indivíduos (de los CAMPOS et al., 2009). Neste tipo de método, a matriz de relacionamentos é construída com base nos marcadores genéticos, como por exemplo os métodos BLUP genômico (GBLUP; VANRADEN et al., 2009) e o BLUP genômico em passo único, *single-step* (ssGBLUP; MISZTAL; LEGARRA; AGUILAR, 2009). Esta estratégia de BLUP genômico foi utilizada em algumas pesquisas realizadas com diferentes espécies de animais domésticos como por exemplo, Chen et al., 2011 estudando frangos; Aguilar; Misztal, 2010 em pesquisas em suínos, assim como também o método ssGBLUP que foi utilizado por Magalhães et al., 2019) com bovinos de corte, Aguilar et al., 2011 e Tsuruta et al., 2014 trabalhando com bovinos de leite.

No método denominado de melhor predição linear não-viesada genômica (GBLUP), o SNP é utilizado na estimativa do grau de associação entre os indivíduos, podendo assim elucidar o desequilíbrio de ligação e os relacionamentos genéticos aditivos, para posteriormente utilizar esta informação para a predição dos valores do mérito genético de cada indivíduo (HABIER; FERNANDO; GARRICK, 2013). Sendo assim, nada mais é que um modelo aditivo infinitesimal onde a matriz de relacionamentos

construída com base no pedigree, é substituída por uma matriz derivada dos marcadores genéticos, a qual é chamada matriz de parentesco genômica (de los CAMPOS et al., 2013; VANRADEN et al., 2009).

Por isto, a covariância entre os indivíduos é resultante da similaridade a nível genômico observada, em detrimento da similaridade baseada no pedigree, de maneira que predições com melhores acurácias sejam obtidas (CLARK; van der WERF, 2013). Os efeitos dos marcadores genéticos são considerados com distribuição normal e variância constante.

Alguns autores como Hayes et al. (2009b) e Vanraden et al. (2009), apontam o GBLUP como um método de baixa exigência computacional e com desempenho equivalente aos métodos de seleção de variáveis para maioria das características. Outros pesquisadores, corroboram esta afirmativa e ainda relatam que por isso, este método é popularmente utilizado 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).

Dito isto, é relevante ressaltar que as acurácias de predição encontradas utilizando o GBLUP, são similares e, eventualmente superiores às obtidas usando os métodos BayesA, BayesB e demais métodos Bayesianos (HABIER et al. 2010, 2011; JIMÉNEZ-MONTERO; GONZÁLEZ-RECIO; ALENDA, 2013). Muito possivelmente, este acontecimento está relacionado ao fato de que o método GBLUP captura melhor os relacionamentos entre os indivíduos, assim a acurácia de seleção não é embasada somente no desequilíbrio de ligação (HABIER; FERNANDO; DEKKERS, 2007, HABIER et al., 2010, 2011; VILLANUEVA et al., 2005).

Também é importante salientar que, por serem generalizações dos modelos mistos de Henderson (1984), o GBLUP dispõe de uma facilidade teórica e de aplicação nos estudos relacionados ao melhoramento animal. Este método por exemplo pode ser utilizado em conjunto com modelos de limiar, regressões, modelos de sobrevivência, expandindo seu uso até mesmo para dados categóricos, dados censurados e medidas repetidas (SILVA, 2013).

Além disso, na abordagem de desempenho da seleção genômica este método se torna uma opção muito utilizada, já que o cálculo das acurácia dos valores genômicos é feita de forma similar ao realizado na análise tradicional, onde as acurácias esperadas são calculadas diretamente dos coeficientes da diagonal da matriz inversa das equações de modelo misto (HAYES et al., 2009a).

Neste âmbito de avaliação e estimação de parâmetros utilizando os dados genômicos, alguns autores Legarra, Aguilar e Misztal (2009) e Misztal, Legarra e Aguilar (2009), Aguilar et al. (2010) e Christensen e Lund (2010), propuseram uma modificação na matriz de relacionamentos utilizada no método BLUP. Assim, deste novo modo, a nova matriz de relacionamentos é uma combinação da matriz de relacionamentos baseada no pedigree (**A**) com a matriz genômica (**G**), e é denominada matriz **H** (LEGARRA; AGUILAR; MISZTAL, 2009). Haja visto isto, é relevante salientar que este método é baseado no pressuposto 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). Deste modo, mesmo que o genótipo de um determinado indivíduo não seja observado, é possível que este seja modelado através da matriz de relacionamentos baseada no pedigree (CHRISTENSEN; LUND, 2010, GENGLER; MAYERES; SZYDLOWSKI, 2007). De acordo com de los Campos et al. (2013), na matriz **H**, a informação genômica está vinculada aos relacionamentos dos indivíduos não genotipados através de uma regressão linear que, de forma implícita, prediz os genótipos não observados como sendo combinações lineares dos genótipos observados, com os coeficientes de regressão derivados dos relacionamentos provenientes do pedigree.

Haja visto isto, segundo Aspilcueta-Borquis et al. (2015) a inclusão de dados genômicos aumentam a precisão na estimativa dos valores genéticos e consequentemente o progresso genético dos rebanhos. A inclusão da informação genético genômica conjugada com as informações tradicionais de pedigree tem sido um grande desafio, e muitos métodos foram propostos para esta finalidade, alguns baseados na estimativa dos efeitos dos marcadores outros na associação existente entre os animais (VanRaden, 2008). Sendo assim, compreender as informações genético genômicas bem como sua interpretação pode melhorar a estimativa de proporção de segmentos comuns entre indivíduos, sejam genes idênticos por estado ou por descendência.

Deste modo, a inclusão da informação genômica através da matriz de relacionamentos genômica proposta por VanRaden, (2008), é uma excelente estratégia, já que sem grandes mudanças podemos utilizar a metodologia do melhor preditor linear não viesado genômico (GBLUP).

Estudos realizados por Aspilcueta-Borquis et al. (2015), mostraram que com a utilização da matriz genômica, as estimativas dos parâmetros genéticos não tiveram

grandes alterações, mantendo-se dentro dos valores já obtidos e citados na literatura, porém com menores desvios padrão. Entretanto com a incorporação dos dados genômicos e utilizando o método ssGBLUP, houve um ganho significativo em acurácia de cerca de 12% nas estimativas dos valores genéticos genômicos quando comparado ao BLUP, que utiliza a matriz de parentesco tradicional, isto porque na matriz de parentesco genômica tem-se uma melhor estrutura de relacionamentos entre os animais.

5. 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.
- ARAÚJO, C. V. D., CARDOSO, A. M. D. C., RAMOS, A. D. A., ARAÚJO, S. I., FELIPE MARQUES, J. R., TOMAZINI, A. P. I., & CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, 9(3) 2008.
- ASPILCUETA-BORQUIS, R.R, DI PALO, R.; NETO F.R.A.; BALDI, F.; DE CAMARGO, G.M.F.; DE ALBUQUERQUE, L.G, ZICARELLI, L.; TONHATI, H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. *Genet Mol Res.* v.9 p.1636–1644, 2010a
- ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., SESANA, R. C., BERROCAL, M. H. M., SENO, L. D. O., BIGNARDI, A. B., EL FARO, L.; TONHATI, H. Genetic parameters for milk, fat and protein yields in Murrah buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae). *Genetics and Molecular Biology*, (2010b) 33(1), 71-77.
- ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., NETO, F. A., SANTOS, D. J. A., HURTADO-LUGO, N. A., SILVA, J. A. V., & TONHATI, H. (2015). Multiple-trait genomic evaluation for milk yield and milk quality traits using genomic and phenotypic data in buffalo in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 14(4), 18009-18017.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE BÚFALOS – ABCB. Padrão racial. 2016. Disponível em: <<http://www.bufalo.com.br>>. Acesso em: 23Abr. 2019.
- BARUSELLI, P.S.; HENRIQUEZ, C.E.P. [2002]. Reprodução em búfalos. Disponível em: <<http://www2.fmvz.usp.br/bufalos/index.html>> Acesso em: 5/10/2007.
- BARROS, C. D. C., ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., FRAGA, A. B., & TONHATI, H. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. *Revista Caatinga*, 29(1), 216-221, 2016.
- BASTOS PAS, BIRGEL, EH (2011) Leite de búfalas Murrah criadas em São Paulo (Brasil): Influência da idade, fase de lactação, momento de ordenha e isolamento bacteriano na composição físico-química e celular. *Revista de Educação Continuada em Medicina Veterinária e Zootecnia* 9(3): 6-13.
- BERNARDES, O. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 31, n. 3, p. 293-298, 2007.

BEZERRA JÚNIOR. S. et al. Produção de leite, duração da lactação e intervalo de partos em búfalas mestiças Murrah. *Revista Caatinga*, Mossoró, Abr./Jun. 2014, v.27, n.2, p.184-191.

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

BORGHESE, A. Buffalo Production and Research: Reu technical series. Roma: FAO, 2005, v.67, p.1-315.

BORGHESE, A.; TERZANO; MAZZI, M. Buffalo Breeding Development in Italy. Seminar: Dan Lokakarya Nasional, Kerbau, 2011.

CASSIANO, L.A.P. et al. Caracterização fenotípica de raças bubalinas nacionais e do tipo Baio. *Pesquisa agropecuária Brasileira*, Brasília, 2003, v.38, n.11, p.1337- 1342.
CASSIANO, L. A. P., DA SILVA MARIANTE, A., MCMANUS, C., MARQUES, J. R. F., & DA COSTA, N. A. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 39(5), 451-457., 2004.

CERÓN-MUÑOZ, M.; TONHATI, H.; DUARTE, J.; OLIVEIRA, J.; MUÑOZ-BERROCAL, M.; JURADO-GÁMEZ, H. Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in Buffaloes. *Journal Dairy Science*, v. 85, p. 2885-2889, 2002.

CÉRON-MUÑOZ, M, TONHATI H, DUARTE J, MUÑOZ-BERROCAL, M, JURADOGÁMEZ H (2002) Factors affecting somatic cell counts and their relations with milk and milk constituent yield in buffaloes. *Journal of Dairy Science* 85:2885-2889

CLARK, S.A.; van der WERF, J. Genomic best linear unbiased prediction (gBLUP) for the estimation of genomic breeding values. 2001.

CHEN, C. Y., MISZTAL, I., AGUILAR, I., LEGARRA, A., & MUIR, W. M. (2011). Effect of different genomic relationship matrices on accuracy and scale. *Journal of animal science*, 89(9), 2673-2679.

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.

COCKRILL, R.W. The water buffalo: New prospects for an underutilized animal. Roma: Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO, 1977, p.288.

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

DAETWYLER, H. D. et al. Genomic prediction in animals and plants: Simulation of data, validation, reporting, and benchmarking. *Genetics*, v. 193, n. 2, p. 347–365, 2013.

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.

DHANDA, O.P. Buffalo production scenario in Índia: opportunities and challenges. International Seminar: The Artificial Reproductive Biotechnology for Buffaloes. Indian Council of Agricultural Research, 2004. Disponível em: <http://www.peternakan.litbang.pertanian.go.id/fullteks/lokakarya/pbptkbo06-15.pdf>. Acesso em: 20 Abr., 2019.

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.

DUBEY, P. C.; SUMAN, C. L.; SANYAL, M. K.; PANDEY, H. S.; SAXENA, M. M.; YADAV, P. L. Factors affecting composition of milk of buffaloes. *Indian Journal of Animal Sciences*, v. 67 (09), p. 802-804, 1997.

ELHAIG MM, SELIM A (2015) Molecular and bacteriological investigation of subclinical mastitis caused by *Staphylococcus aureus* and *Streptococcus agalactiae* in domestic bovids from Ismailia, Egypt. *Tropical Animal Health and Production* 47: 271.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. Produtividade. 2019. Disponível em: <http://www.faostat3.fao.org>. Acesso em: 15 Des. 2019.

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.

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.

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.

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.

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, 2009a.

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

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

HURTADO-LUGO, N., M. CERÓN-MUÑOZ, AND A. GUITÉRREZ-VALENCIA. 2006. Estimates of genetic parameters of milk yield in test day analysis in buffaloes of the Colombian Atlantic Coast. *Livest. Res. Rural Dev.* 18:3. <http://www.lrrd.org/lrrd18/3/hurt18039.htm> Accessed Aug. 4, 2019.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. Diretoria de Pesquisas, Coordenação de Agropecuária. Pesquisa da Pecuária Municipal, 2019. Disponível em:<<http://www.biblioteca.ibge.gov.br>>. Acesso em: 20 Jan. 2020.

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.

JORGENSEN HJ, NORDSTOGA AB, SVILAND S, ZADOKS RN, SØLVERØD L, KVITILE B, MØRK T (2016) *Streptococcus agalactiae* in the environment of bovine dairy herds – rewriting the textbooks? *Veterinary Microbiology* 184:64-72.

KAPRONEZAI J, MELVILLE P, BENITES NR, 2005. Análise microbiológica, teste de Tamis e California Mastitis Test realizados em amostras de leite de fêmeas bubalinas pertencentes a rebanhos do estado de São Paulo. *Arquivo do Instituto Biológico* 72(2):183-187.

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.

LOPES, C. R.A., BARBOSA, S. B. P., DE ARAÚJO PEREIRA, R. G., SANTORO, K. R., & DELIRA, A. V. Eficiência reprodutiva e influência de fatores de meio e de herança

sobre a variação no peso ao nascer de bubalinos no estado de Rondônia. R. Bras. Zootec., 37(9), 2008.

MARQUES, J.R.F. et al. Criação de Búfalo. Coleção criar. Brasília, DF: editora Embrapa Amazônia Oriental, 1998, p.11-21.

MALHADO, C. H. M., RAMOS, A. D. A., CARNEIRO, P. L. S., SOUZA, J. C. D., & PICCININ, A. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. Revista Brasileira de Zootecnia, 376-379., 2007.

MALHADO, C. H. M., MALHADO, A. C. M., RAMOS, A. D. A., CARNEIRO, P. L. S., SOUZA, J. C. D., & PALA, A. Genetic parameters for milk yield, lactation length and calving intervals of Murrah buffaloes from Brazil. Revista Brasileira de Zootecnia, 42(8), 565-569, 2013.

MCMANUS, C. et al. Búfalos no Brasil. Informação Genético-Sanitária da Pecuária Brasileira. Série técnica: Genética, 2010. Disponível em: <<http://www.animal.unb.br>>. Acesso em: 30 Mar. 2019.

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.

MAPA - MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO
<http://www.agricultura.gov.br/>. Acesso em: 10/02/2020.

MEDEIROS ES, BARBOSA SBP, JATOBÁ RB, AZEVEDO SS, JUNIOR JWP, SAUKAS TN, ALBUQUERQUE PPF, Mota RA (2011) Perfil da contagem de células somáticas na infecção intramamária em búfalas na Região Nordeste do Brasil. Pesquisa Veterinária Brasileira 31(3):219-223

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.

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.

MUSTAFA YS, AWAN FN, ZAMAN T (2013) Prevalence and antibacterial susceptibility in mastitis in buffalo and cow in district lahore-pakistan. Pakistan Journal of Pharmacy 201132(4):29-33.

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.

PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 4.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. 609p.

PEREIRA, R.G.A. et al. Eficiência reprodutiva de búfalos. Editora: Embrapa Rondônia, Porto Velho, 2007, p.15.

PIZAURO L.J.L. (2013) Perfil bioquímico, condição microbiológica e celularidade do leite de búfalos. 94f Dissertação (mestrado) - UNESP, Jaboticabal.

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.

PUROHIT GN, GAUR M, SHEKHER C (2014) Mammary gland pathologies in the parturient buffalo. *Asian Pacific Journal of Reproduction* 3(4):322-336.

RAMOS, A.A. Curso de julgamento de bubalinos para leite e carne: exterior, tipo, raça e sistemas de julgamento. In: Encontro nacional de criadores de búfalos, 2008, Monteria, Colômbia.

RAMOS, A.A. et al. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Ago. 2004, Brasília, v.41, p.1261-1267.

REZENDE, M.P.G. et al. Phenotypic diversity in Buffalo cows of the Jafarabadi, Murrah, and Mediterranean breeds. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, Ago. 2017, v.52, n.8, p.663-669.

RODRIGUES, A. E., MARQUES, J. R. F., ARAÚJO, C. V., CAMARGO JÚNIOR, R. N. C., & DIAS, L. N. S. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 62(3), 712-717., 2010.

ROSATI, A.; VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. *Livestock Production Science*, v. 74, p. 185-190, 2002.

PANTOJA JC, HULLAND C, RUEGG PL (2009) Somatic cell count status across the dry period as a risk factor for the development of clinical mastitis in the subsequent lactation **Journal of Dairy Science** 92:139–148.

SAMPAIO NETO, J.C. et al. Avaliação dos desempenhos produtivo e reprodutivo de um rebanho bubalino no Estado do Ceará. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 2001, v.30, n.2, p.368-373.

SANTIAGO, A.A. Introdução dos Búfalos no Brasil: histórico, fundação, pioneiros importadores. Associação Brasileira de Criadores de Búfalos - ABCB, 2008. Disponível em: <<http://www.bufalo.com.br>>. Acesso em: 15 Out. 2018.

SANTIAGO, A. A. Introdução dos Búfalos no Brasil. Associação Brasileira dos Criadores de Búfalos. 13p., 2000.

SAMEEN, A., ANJUM, F. M., HUMA, N., & NAWAZ, H. Quality evaluation of Mozzarella cheese from different milk sources. *Pakistan Journal of Nutrition*, 7(6), 753-756., 2008.

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.

SENO, L. O.; TONHATI, H.; DUARTE, J. M. C.; BRUNELI, F. A. T.; CANAES, T. S.; LIMA, A. L. F.; CHABARIBERI, R. L.; MUNARI, D. P. Caracterização dos efeitos ambientais para os constituintes do leite de búfalas em rebanhos do Vale do Ribeira – São Paulo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. Anais... Campo Grande: SBZ, 2004. 1 CD-ROM.

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.

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

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.

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

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.

TÉLLEZ, M.B.; MELÉNDEZ, Y.A.; MARTINEZ, A.M. et al. [2005]. Influencia de la época y región en algunos indicadores reproductivos del búfalo de agua (*Bubalus bubalis*) en el territorio oriental de Cuba. Revista Electrónica de Veterinaria, v.6, n.9. p.1-6. 2005. Disponível em: <<http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n090905.html>> Acesso em:5/10/2005.

TONHATI, H., MÚÑOZ, M. C., DE OLIVEIRA, J. A., DUARTE, J. C., FURTADO, T. P., & TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. Revista Brasileira de Zootecnia= Brazilian Journal of Animal Science, 2051-2056. 2000.

TONHATI, H., MENDOZA-SÁNCHEZ, G., SESANA, R. C., ASPILCUETA BORQUIS, R. R., ALBUQUERQUE, L. G. Programa de mejoramiento genético de búfalos. Revista Argentina de Producción Animal, 28(1), 53-67. 2008.

TONHATI, H., MÚÑOZ, M. C., DE OLIVEIRA, J. A., DUARTE, J. C., FURTADO, T. P., & TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. Revista Brasileira de Zootecnia= Brazilian Journal of Animal Science, 2051-2056. 2000a.

TONHATI, H. VASCONCELLOS, F.B; ALBUQUERQUE, L.G. Genetic aspects of productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd in São Paulo, Brasil. Journal Animal Breed Genetc, 2000b, n.117, p.331-336.

TONHATI, H. Melhoramento. In: OLIVEIRA, G.J.C.; ALMEIDA, A.M.L.; SOUZA FILHO, U.A. (Eds.) O búfalo no Brasil. Cruz das Almas: Universidade Federal da Bahia, 1997. p.101-113.

TRIPALDI C, PALOCCI G, CATTÀ M, ORLANDINI S, AMATISTE S, DI BERNARDINI R, CATILLO G (2010) Effects of mastitis on buffalo milk quality. Asian-Australasian Journal of Animal Science 23(10):1319-1324.

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.; 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.

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.

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. 32023211, 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.

CAPÍTULO 2 - Genetic parameter estimates for economic important traits in Murrah buffaloes using Single-Step GBLUP

Willian Bruno Fernandes de Andrade¹, Thaise Pinto de Melo¹, Henrique Nunes de Oliveira¹, Humberto Tonhati¹

¹Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, Departamento de Zootecnia, Jaboticabal, Brazil

Corresponding author: MSc. Willian Bruno Fernandes de Andrade, Departamento de Zootecnia, Jaboticabal, Brasil, e-mail: galenawillb@gmail.com

Abstract: This research aimed to estimate genetic parameters for milk yield (MY), fat yield (FY), protein yield (PY), first calving interval (CI), *mozzarella* production (MP), somatic cell score (SCS) and lactation length (LL) in Murrah buffaloes. A total of 3,221 and 776 phenotypic and genotypic information, respectively, were used to estimate the genetic parameters and covariance components. Genetic parameters estimates were obtained by using the single-step genomic BLUP (ssGBLUP) model in a multi-trait analysis and applying Bayesian inference. Heritability estimates were 0.29, 0.26, 0.25, 0.06, 0.28, 0.16 and 0.12, for MY, FY, PY, CI, MP, SCS and LL, respectively. Genetic correlations between MY and FY and PY were high and positive magnitude (0.69 and 0.88). Reproductive trait CI showed moderate and positive genetic correlations with MY, 0.30. Genetic correlation between MY and MP was high and positive (0.97) and between MY and SCS was low and positive (0.10) and between MY and LL was high (0.64). In general heritability estimates were low to moderate, indicating that the studied traits are mainly affected by the environment management than by the genetic variability. In addition, genetic correlations were moderated to high and positive and residual correlations followed the same trend.

Keywords: genetic correlation, genomic information, heritability, ssGBLUP

1.INTRODUCTION

Some of the main positive features of buffaloes are their good adaptability to several environments with adverse conditions, their rusticity, productivity, longevity (Marques, 1998; El Debaky et al., 2019). Since 80s - 90s decades, Brazilian buffalo herds have presented significant increasing in milk yield. One reason for that are the higher fat and protein percentages in buffalo's milk, compared to cow's milk, which guarantee higher economic return for dairy products production (Tonhati et al., 2008a). These peculiarities in buffalo production contributed for dissemination and progress of this species in the world. In Brazil it resulted in a significative development in industry unities to receive and processes buffalo milk in last decades.

Buffalo milk has a singular flavour, present nutritive properties and its main derivate is the *mozzarella* cheese, which presents a great market niche around the world (Sameen et al., 2008). This cheese is gastronomically differentiated, frequently used in gourmet recipes and is well consumed in all the word, with crescent demand (Bernardes, 2007). However, to supply this significant demand in quantity and quality, it is necessary to improve productive and reproductive indexes of Brazilian buffalo herds. Thus, one of the lacks of this productive system is to select animals with high genetic potential and provide appropriated environmental management to guarantee phenotypic expression of superior genotypes and to increase milk productivity.

To achieve that, one of the first steps is to estimate genetic parameters and heritability, making possible to predict genetic progress that may be reached by animal selection. Some studies have reported median heritabilities for milk and their components yields ranging from 0.20 – 0.38 (Malhado et al., 2007; Aspilcueta- Borquis et al., 2010a; Rodrigues et al., 2010; Seno et al., 2010). These results indicate that these traits present enough additive genetic variability to respond to selection process.

As milk yield, reproductive indexes are also important to productivity and profitability of dairy production (Lopes et al., 2008). Reproductive traits have become important in breeding programs due to their relationship with annual genetic gains (Cassiano et al., 2004), because improving the reproductive efficiency we can obtain genetic gain faster in other traits of interest.

Despite of the importance of reproductive traits for buffaloes herds, they present in general, low heritabilities, suggesting that most of the genetic variability is due to environmental effects than to genetic effects, which is an indicative that for these traits in

buffaloes higher gains would be reached by implementing efforts to improve the environmental management.

A strategy to estimate more accurately population genetic parameters as (co) variance and heritabilities and to deal with low heritability or late expression traits consists in to use genomic information in genetic evaluations, as have been widely applied for dairy cattle (Petrini et al., 2016) and more recently (and scarce) for buffaloes (Liu et al., 2018). One of the methodologies that can be applied for that is the single-step genomic BLUP (Legarra et al., 2009, Misztal et al., 2009), which combines both phenotypic and genotypic data to estimate the animals' breeding value. This research aimed to estimate genetic parameters for milk yield, quality and reproductive traits for Brazilian Murrah buffaloes using the single-step genomic procedure.

2.MATERIAL AND METHODS

2.1Phenotypes and Genotypes

About 3,221, phenotypic information of Murrah buffalo cows from first lactation of 13 Brazilian herds located in northeast (Rio Grande do Norte and Ceará) and southeast (Sao Paulo) of Brazil from dairy bubaline program kept by the Animal Science Department of FCAV/UNESP Jaboticabal, SP, Brazil, were used. Traits evaluated were accumulated 305-days milk yield (MY), fat yield (FY), protein yield (PY), *mozzarella* production (MP) in Kg, first calving interval in days (CI), lactation length (LL), in days, and somatic cell count (SCC).

All lactation records for days in lactation, therefore, records with a length higher than 305 days were truncated at this point (Tonhati et al., 2008b). To calculate MP we used records of MY, fat percentage (%F) and protein percentage (%P), thus MP is also accumulated at 305 days as MY (Altiero et al., 1989): $MP (Kg) = MY * \{[(3.5 * \%P) + (1.23 * \%F) - 0.88] / 100\}$. The first test-day milk record was measured from the 5th to the 75th day after calving. The animal's age ranged from 2 to 8 years. The average of SCC was transformed in a logarithmic scale to standing for somatic cell score (SCS) following the equation (Dabdoub and Shook, 1984): $SCS = \log_2(SCC/100.000)] + 3$, which was also used by Aspilcueta-Borquis et al. (2010b). After this transformation, the SCS was divided by 100 to adjust for the scale effect.

Table 1 presents a summary of phenotypic records used in analyses. All data were analysed taking into account the first 3,221 lactations of Murrah buffaloes obtained

monthly from 2004 to 2016. It was considered information of milk production obtained from the fifth milk production day and only lactations with more than 90 days. Contemporary groups were formed by concatenating information of herd, year and the cow's calving season. Two calving and birth seasons were defined, the rainy season, which was from November to March, and the dry season, which occurred from April to October. It was considered for analyses only contemporary groups with at least five animals, as well as phenotypic records with ± 3 standard deviations from the mean of each group. The pedigree contained 20,094 animals.

A total of 950 buffaloes were genotyped with the 90K Buffalo SNP Array (Affymetrix/Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA). Genomic DNA was extracted from hair tail samples. Extraction and purification was performed following the protocol of Macherey-Nagel NucleoSpin® Tissue (Düren, Germany). Quality control was performed in Plink software v1.9 (Chang et al., 2015), by adopting the exclusion criteria: Minor allele frequency (MAF) < 0.05 ; call rate < 0.95 and Hard-Weinberg Equilibrium $< 10^{-6}$. Markers with redundant position and located in non-autosome chromosomes were also removed. Samples with call rate < 0.90 were excluded. After quality control remained 764 samples and 45,690 markers for the subsequent analyses.

2.2. Parameter estimates

For estimate the genetic parameters and (co)variance components we used Bayesian inference in a multi-trait model, applied in the single-step genomic BLUP (ssGBLUP) method implemented in the software GIBBS2F90 software (Misztal, 2007). In this method a relationship matrix, $\mathbf{H}$, which combines both pedigree and genomic information from genotyped and non-genotyped animals is used to replace the traditional relationship $\mathbf{A}$ matrix (Aguilar et al., 2010):

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Where, $\mathbf{A}^{-1}$, $\mathbf{G}^{-1}$ and $\mathbf{A}_{22}^{-1}$ are the inverse of the traditional relationship matrix, genomic relationship matrix and the traditional relationship matrix for genotyped animals for genotyped animals, respectively.

To estimate the (co)variance components we used the linear animal model: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$, where $\mathbf{y}$ is the vector containing the phenotypes, $\boldsymbol{\beta}$ is the vector of systematic effects, which included contemporary groups and number of milking (2 levels). For all traits the cow's age at calving (linear effect) was included as covariate. $\mathbf{a}$

is a vector containing the additive genetic values of each animal, $\mathbf{e}$ is a vector of residual effects, $\mathbf{X}$ and $\mathbf{Z}$ are incidence matrices relating $\mathbf{y}$ with $\boldsymbol{\beta}$ and $\mathbf{a}$, respectively. $\mathbf{a}$ and $\mathbf{e}$ followed normal distribution with mean and variances $\mathbf{a} \sim N(0, \mathbf{H}\sigma_a^2)$, $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$, where σ_a^2 and σ_e^2 are the direct additive and residual variance, respectively, $\mathbf{H}$ was previously described, and $\mathbf{I}$ is an identity matrix. It was assumed no correlation between residuals and additive genetic effects.

A total of 1,000,000 of iterations, with a burn-in period of 100,000 cycles were generated and taking one sample in each 100 cycles, producing a total of 9,000 a posteriori samples, which were used to verify convergence with CODA R package (Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC, Plummer et al., 2006). The highest posterior density (HPD) interval was obtained for all covariance components and genetic parameters (Table 1) estimated at a 95% level of reliability.

3.RESULTS AND DISCUSSION

Summary of descriptive statistics, variance components and heritabilities of all traits are presented in Table 1. For milk production and quality traits, phenotypic means are in agreement with previous reported in literature for Murrah buffaloes (Tonhati et al., 2004; Auspiculeta-Borquis et al., 2010a; Auspiculeta-Borquis et al., 2010b; Barros et al., 2016). CI mean was similar to Barros et al. (2016), that used part of the same buffalo population in their analysis, and to Colombian buffaloes (Agudelo-Gómez et al., 2015). CI and LL were close to reported by Malhado et al. (2013) and Ramos et al. (2006) also with Murrah populations. For all traits large residual variation was observed, larger than the genetic variation. SCS was divided by 100 to adjust the scale effect, so final results were readjusted for the original scale as presented in literature (Auspiculeta-Borquis et al., 2010b; El-Bramoni et al., 2010).

Table 1. Summary of descriptive statistics of milk production and quality and reproductive traits measured in Murrah buffaloes: milk (MY), fat (FY) and protein (PY) yield, first calving interval (CI), *mozzarella* production (MP), standing for somatic cell score (SCS), lactation length (LL).

Trait	N ¹	PMean ($\pm$ SD) ²	P ³	Mean	ESS	HPD ⁴	
						Low	High
MY	3,221	1,902 ($\pm$ 686.9)	σ^2_a	77,487.34	391.8	52,020	103,300
			σ^2_e	192,056.49	718.8	170,800	211,400
			h^2	0.29	421.7	0.20	0.38
FY	472	128.45 ($\pm$ 38.4)	σ^2_a	310.13	143.2	139	507.2
			σ^2_e	939.16	175.1	750.2	1,120
			h^2	0.26	107.6	0.12	0.39
PY	472	88.27 ($\pm$ 24.2)	σ^2_a	117.83	50.2	47.48	193.2
			σ^2_e	374.28	72.8	305.5	440.7
			h^2	0.25	43.9	0.11	0.38
CI	2,301	469.9 ($\pm$ 140.6)	σ^2_a	962.50	71.6	331.9	1,636
			σ^2_e	16,387.21	466.9	15,340	17,560
			h^2	0.06	513.2	0.02	0.09
MP	468	483.2 ($\pm$ 120.0)	σ^2_a	3,633.44	544.9	2,430	4,918
			σ^2_e	9,557.48	1045.7	8,417	10,650
			h^2	0.28	723.8	0.19	0.37
SCS	1,291	2.7 ($\pm$ 3.8)	σ^2_a	0.76	226.2	0.30	1.22
			σ^2_e	4.07	337.7	3.60	4.55
			h^2	0.16	287.3	0.07	0.24
LL	3,221	304.4 ($\pm$ 81.6)	σ^2_a	589.56	266.0	301.2	928.9
			σ^2_e	4,456.42	546.6	4,117	4,769
			h^2	0.12	311.4	0.06	0.18

¹N = number of records

²Pmean ($\pm$ SD) = phenotypic mean and its standard deviation

³P = Parameter

⁴ESS = Effective Sample Size

⁴HPD = highest a posteriori density interval at 95% of reliability

Milk production traits presented low to moderate heritabilities, ranging from 0.12 (for LL) to 0.29 (for MY). The same trend was observed for the reproductive trait CI, that presented the lowest heritability among all traits, 0.06 and milk quality trait SCS, which heritability was 0.16.

Heritability estimates for MY was moderate (0.29) and was close to those reported in literature for different buffaloes breeds (Tonhati et al., 2000; Auspiculeta-Borquis et al., 2010a; Rodrigues et al., 2010; Barros et al., 2016). FY presented moderate heritability (0.24), which was slightly higher than obtained by Auspiculeta-Borquis et al. (2010b), that was 0.21 in Murrah populations. Heritability for PY was moderate (0.24) and close to which was found by Auspiculeta-Borquis et al. (2010b), 0.23.

Heritability estimate for MP was moderate (0.28) and was close to Auspiculeta-Borquis et al. (2010a) for 305-day *mozzarella* production in Murrah buffaloes (0.23) and in Parlato and Zicarelli (2015), 0.23, for adjusted 270-days *mozzarella* cheese production. However, it was quite higher than that reported for MP in an Italian river buffalo population (0.13) (Rosati and Van Vleck, 2002) and lower than MP at 270-days unadjusted (0.31) in Italian Mediterranean buffaloes (Parlato and Zicarelli, 2015).

Estimate of heritability for SCS presented low magnitude (0.16). This estimate was lower to which is usually reported in literature (0.26-0.29) for buffaloes (Mendoza-Sánchez, 2007; Auspiculeta-Borquis et al., 2010b; El-Bramony et al., 2010), and close to Auspiculeta-Borquis et al. (2015), 0.18, also using genomic information and with part of the same buffalo population. LL presented a heritability estimate close to 0.12, which is usually reported in literature for buffaloes (0.08-0.15) (Malhado et al., 2009; Rodrigues et al., 2010; Malhado et al., 2013).

Regarding the reproductive trait CI, it presented the lowest heritability (0.06). This result was close to Malhado et al. (2009) and equal to Ramos et al. (2006), that found 0.03 and 0.06, for crossbreed and Murrah buffaloes, respectively.

Genetic and residual correlations among traits are presented in Table 2. Genetic correlations between milk production traits, i.e., MY, FY and PY, were high and positive (MY and FY, 0.69; MY and PY, 0.88 and FY and PY, 0.80). These results are in agreement with Rosati and Van Vleck (2002), Auspiculeta-Borquis et al. (2010a) and Rodrigues et al. (2010) that found also high genetic correlations among MY and FY (0.88) and MY and PY (0.95) and moderate among FY and PY (0.38) in a Italian River buffalo

population, suggesting that selection for MY may result in satisfactory genetic gains for FY and PY.

Table 2. Estimates of genetic correlation (upper diagonal) and residual correlation (lower diagonal) of milk production and quality and reproductive traits measured in Murrah buffaloes: milk (MY), fat (FY) and protein (PY) yield, first calving interval (CI), *mozzarella* production (MP), standing for somatic cell score (SCS), lactation length (LL).

Trait	MY	FY	PY	CI	MP	SCS	LL
MY	-	0.69	0.88	0.30	0.97	0.10	0.64
FY	0.80	-	0.80	0.38	0.80	-0.22	0.44
PY	0.83	0.85	-	0.23	0.88	0.10	0.48
CI	0.12	0.03	0.08	-	0.31	-0.23	0.88
MP	0.96	0.85	0.77	0.004	-	0.02	0.58
SCS	0.03	0.08	0.04	0.006	0.05	-	-0.09
LL	0.53	0.38	0.39	0.38	0.53	0.06	-

As expected, MP presented high and positive genetic correlations with the other milk production traits, ranging from 0.58 for LL and 0.97 for MY. MP presented moderate genetic correlation with CI (0.31) and low correlation with SCS (0.02). This moderate and positive correlation between MP and CI is expected because as larger the CI, higher is the milk production period, larger also will be milk, protein and fat yield, and as consequence MP. As showed in Table 2, CI also presented moderate genetic correlation with this traits. Auspiculeta-Borquis et al. (2010a) working with Murrah buffalos and Rosati and Van Vleck (2002) working with river buffalos also found high genetic correlations between MP and MY (0.89 and 0.95, respectively). High genetic correlations were also found by Rosati and Van Vleck (2002) for MP and FY (0.54) and PY (0.66).

SCS presented low genetic correlations with the other traits, with positive or negative direction. With CI, for example, it was negative, which suggest that buffaloes that present a short calving interval are more prone to present higher SCS, which make sense, considering that the female presented shorter period to recover their mammary gland from a lactation to other.

LL presented in general, high and positive genetic correlations with all traits (from 0.44 to 0.88), which is in agreement with literature (Malhado et al., 2009; Rodrigues et al., 2010; Malhado et al., 2013). However, presented low and negative genetic correlation

with %SCS (-0.09). SCS presented low genetic correlation with all traits evaluated, in agreement with Kadarmideen (2004), which ranged from 0.10 to 0.15 and Kheirabadi (2019), which ranged from -0.09 to 0.32, both working with dairy cows.

It was also verified the impact of indirect response to selection for some of the evaluated traits. For example, selecting directly for MY and indirectly for FY would not present similar gains than selecting directly for FY (9.50Kg vs 13.03Kg). However, selecting directly for MY and indirectly for PY or MP would provide similar genetic gains compared with direct selection for these traits (7.48Kg vs 7.90Kg for PY and 43.28Kg vs 43.85Kg). Those results show that PY and MP could be indirectly selected by MY without loss in genetic gain, while FY would present some loss if selected indirectly, which could be explained by the smaller genetic correlation among FY and MY (0.69) than MY and PY (0.88) and MP (0.97), and because these traits presented similar heritabilities. Another possibility that may be the concern of the farmers would be decreasing the CI. In this case, as the CI heritability was too low (0.06), an alternative would be selecting for LL, that presented high genetic correlation with CI (0.88), this strategy would provide a genetic gain of 2 months in CI than selecting directly for it.

The reasons for genetic correlation among traits are the presence of pleiotropy, which is the most common reason, and linkage among genes affecting the expression of the traits, therefore we can conclude, especially for those traits with high genetic correlations, that some genes or genomic regions may be controlling both these traits. These conclusions may be further investigated in genome-wide association studies and may be useful for genomic selection programs.

Some genome-wide association studies (GWAS) with buffaloes found genomic regions associated with two or more milk production traits, i.e., pleiotropic regions: Camargo et al. (2015) found four genes related %F and FY, Liu et al. (2018) found genomic regions in common affecting milk, fat and protein yields and percentages. Venturini et al. (2014) found several markers associated with milk, fat, protein yield and somatic cell score.

Residual correlations among traits presented a wide range, varying from low to high correlations (0.004 – 0.96), but all them positive. The lowest residual correlations were observed between CI and the other traits. Suggesting that the environmental effects that are influencing CI are not also affecting the other traits. Residual correlations among milk production traits were high and positive (0.80-0.85) as in Auspiculeta-Borquis et al.

(2010b), indicating that the environment and non-additive genetic effects affecting these traits are the same.

Moderate to low heritabilities found here for milk production and quality and reproduction traits indicate that the environment effect is the main factor affecting the variability of these traits. However, their additive genetic variance were reasonable, suggesting that there are enough genetic variability to allow selection. High genetic correlation among milk production traits allows us to conclude that selecting for one of these traits would potentially affect the performance of the others. These results were consistent with results using A matrix for estimating genetic parameters. It was just observed a small increasing in heritabilities and genetic correlations when using H matrix (results not shown).

4.CONCLUSIONS

Moderate to low heritabilities were found for studied traits, suggesting that these traits may respond satisfactory to selection. Caution also must be given to the environment effects, which are probably influencing some traits in the same direction. Genetic parameter estimates using ssGBLUP presented comparable results to the traditional genetic evaluations.

Conflict of interest

The authors declare that they have no conflict of interest.

Acknowledgements

The authors would like to thank Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq - grant no. 420202/2016-1) and Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP - grant no. 2016/21213-0). The authors thank the Brazilian Association of Breeder Buffaloes for providing the data set.

5. References

- Agudelo-Gómez, D.A., Pelicioni Savegnago, R., Buzanskas, M.E., Ferraudo, A.S., Prado Munari, D., Cerón-Muñoz, M.F., 2015. Genetic principal components for reproductive and productive traits in dual-purpose buffaloes in Colombia. *J. Anim. Sci.*, 93, 3801-3809. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-8940>.
- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D.L., Legarra, A., Tsuruta, S., Lawlor, T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.
- Altiero, V., Moio, L., Addeo, F., 1989. Previsione della resa in “mozzarella” sulla base del contenuto in grasso e proteine del latte di bufala. *Sci. Tec. Lattiero-Casearia*, 40, 425-433.
- Aspilcueta-Borquis, R.R., Di Palo, R., Araujo Neto, F.R., Baldi, F., De Camargo, G.M.F., Albuquerque, L.G.D., Zicarelli, L., Tonhati, H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. *Genet. Mol. Res.*, 9, 1636-1644. <https://doi.org/10.4238/vol9-3gmr846>. 2010a
- Aspilcueta-Borquis, R.R., Neto, F.A., Baldi, F., Bignardi, A.B., Albuquerque, L.G., Tonhati, H., 2010b. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. *J. Dairy Sci.*, 93, 2195-2201. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2621>.
- Barbosa, S.B.P., Monardes, H.G., Cue, R.I., Ribas, N.P., Batista, A.M.V., 2007. Avaliação da contagem de células somáticas na primeira lactação de vacas holandesas no dia do controle mensal. *R. Bras. Zootec.*, 36, 94-102. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982007000100012>.
- Barros, C.C., Aspilcueta-Borquis, R.R., Fraga, A.B., Tonhati, H., 2016. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. *Rev. Caatinga*, 29, 216-221. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252016v29n125rc>.

Bernardes, O., 2007. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. *Rev. Bras. Reprod. Anim.*, 31, 293-298.

Camargo, G.M.F., Aspilcueta-Borquis, R.R., Fortes, M.R.S., Porto-Neto, R., Cardoso, D.F., Santos, D.J.A., Lehnert, S.A., Reverter, A., Moore, S.S., Tonhati, H., 2015. Prospecting major genes in dairy buffaloes. *BMC genomics*, 16, 872. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1986-2>.

Cassiano, L. A. P., da Silva Mariante, A., McManus, C., Marques, J.R.F., da Costa, N.A., 2004. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 39, 451-457. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004000500007>.

Chang, C.C., Chow, C.C., Tellier, L.C., Vattikuti, S., Purcell, S.M., Lee, J.J., 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 4, 7. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.

Dabdoub, S.A.M., Shook, G.E., 1984. Phenotypic relations among milk yield, somatic count cells, and mastitis. *J. Dairy Sci.* 67:163–164. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72747-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72747-8).

Eastham, N.T., Coates, A., Cripps, P., Richardson, H., Smith, R., Oikonomou, G., 2018. Associations between age at first calving and subsequent lactation performance in UK Holstein and Holstein-Friesian dairy cows. *PloS one*, 13, e0197764. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197764>.

El Debaky, H.A., Kutchy, N.A., Ul-Husna, A., Indriastuti, R., Akhter, S., Purwantara, B., Memili, E., 2019. Potential of water buffalo in world agriculture: Challenges and opportunities. *Appl. Anim. Sci.*, 35, 255-268. <https://doi.org/10.15232/aas.2018-01810>.

El-Bramony, M.M., Gebreel, I.A., Fooda, T.A., 2010. Response to selection for milk yield traits in egyptian buffalo. *Egyptian J. Anim. Prod.*, 47, 85-92.

Heise, J., Stock, K.F., Reinhardt, F., Ha, N.T., Simianer, H., 2018. Phenotypic and genetic relationships between age at first calving, its component traits, and survival of heifers up to second calving. *J. Dairy Sci.*, 101, 425-432. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12957>.

Jager, D., Kennedy, B.W., 1987. Genetic parameters of milk yield and composition and their relationships with alternative breeding goals. *J. Dairy Sci.*, 70, 1258-1266. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(87\)80139-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(87)80139-X).

Kadarmideen, H. N. (2004). Genetic correlations among body condition score, somatic cell score, milk production, fertility and conformation traits in dairy cows. *Animal science*, 79(2), 191-201.

Kheirabadi, K. (2019). Estimates of genetic trends for daily milk yield and somatic cell score of primiparous Holstein cattle in Iran. *Journal of Applied Animal Research*, 47(1), 467-473.

Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4656-4663. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2061>.

Liu, J.J., Liang, A.X., Campanile, G., Plastow, G., Zhang, C., Wang, Z., Salzano, A., Gasparrini, B., Cassandro, M., Yang, L.G., 2018. Genome-wide association studies to identify quantitative trait loci affecting milk production traits in water buffalo. *J. Dairy Sci.*, 101, 433-444. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13246>.

Lopes, C.R.A., Barbosa, S.B.P., Pereira, R.G.A., Santoro, K.R., Lira, A.V., 2008. Eficiência reprodutiva e influência de fatores de meio e de herança sobre a variação no peso ao nascer de bubalinos no estado de Rondônia. *R. Bras. Zootec.*, 37. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982008000900010>.

Malhado, C.H.M., Ramos, A.A., Carneiro, P.L.S., Azevedo, D.M.M.R., Affonso, P.R.A.D.M., Pereira, D.G., Souza, J.C.D., 2009. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. *Rev. bras. saúde prod. anim.*, 10. 830-839.

Malhado, C.H.M., Malhado, A.C.M., Ramos, A.D.A., Carneiro, P.L.S., Souza, J.C.D., Pala, A., 2013. Genetic parameters for milk yield, lactation length and calving intervals of Murrah buffaloes from Brazil. *Rev. Bras. Zootec.*, 42, 565-569. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982013000800005>.

Malhado, C.H.M., Ramos, A.A., Carneiro, P.L.S., Souza, J.C., Piccinin, A., 2007. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, 36, 376-379. <https://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982007000200014>.

Marques, J.R.F., 1998. Criação de Búfalo. Coleção criar, first ed. Embrapa Amazônia Oriental. Brasília, DF: editora Embrapa Amazônia Oriental.

Melo, T.P., Takada, L., Baldi, F., Oliveira, H.N., Dias, M.M., Neves, H.H., Schenkel, F.S., Albuquerque, L.G., Carvalheiro, R., 2016. Assessing the value of phenotypic information from non-genotyped animals for QTL mapping of complex traits in real and simulated populations. *BMC genet.*, 17, 89. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0394-1>.

Mendoza-Sánchez, G., Cardona, H., Junior, T., Aspilcueta-Borquis, R.R., Sesana, R., Cerón-Muñoz, M., Tonhati, H., 2007. Genetic Parameters For The Somatic Cells Count In The Milk Of Buffaloes Using Ordinary Test Day Models. *Ital. J. Anim. Sci.*, 6, 299-302. <https://doi.org/10.4081/ijas.2007.s2.299>.

Misztal, I., Legarra, A., Aguilar, I., 2009. Computer procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4648-4655, 2009.

Misztal, I., 2007. Manual for BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html> (accessed 11 October 2018).

Parlato, E., Zicarelli, L., 2015. Genetic Parameters and Sire Ranking for the Adjusted Estimate of Mozzarella Cheese Production in Italian Mediterranean Buffalo. *J. Adv. Dairy Res.*, 3, 148. <https://doi.org/10.4172/2329-888X.1000148>.

- Petrini, J., Iung, L.H.S., Rodriguez, M.A.P., Salvian, M., Pértile, F., Rovadoscki, G.A., Cassoli, L.D., Coutinho, L.L., Machado, P.F., Wiggans, G.R., Mourão, G.B., 2016. Genetic parameters for milk fatty acids, milk yield and quality traits of a Holstein cattle population reared under tropical conditions. *J. Anim. Breed. Genet.*, 133, 384-395. <https://doi.org/10.1111/jbg.12205>.
- Plummer, M., Best, N., Cowles, K., Vines, K., 2006. Coda: Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC. *R News*, 6, 7–11.
- Ramos, A.A.; Malhado, C.H.M.; Carneiro, P.L.S., Gonçalves, H.C., Azevedo, D.M.M.R., 2006. Phenotypic and genetic characterization of the milk yield and calving interval in buffalo of the Murrah breed. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 41, 1261-1267. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000800008>.
- Rodrigues, A.E., Marques, J.R.F., Araújo, C.V., Camargo Júnior, R.N.C., Dias, L.N.S., 2010. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. *Arq. Bras. Med. Vet.*, 62, 712-717. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352010000300028>.
- Rosati, A., Van Vleck, L.D., 2002. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. *Livest. Prod. Sci.*, 74, 185-190. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(01\)00293-7](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(01)00293-7).
- Sameen, A., Anjum, F.M., Huma, N., Nawaz, H., 2008. Quality evaluation of Mozzarella cheese from different milk sources. *Pak. J. Nutr.*, 7, 753-756. <https://doi.org/10.3923/pjn.2008.753.756>.
- Seno, L.O., Cardoso, V.L., El Faro, L., Sesana, R.C., Aspilcueta-Borquis, R.R., De Camargo, G.M.F., Tonhati, H., 2010. Genetic parameters for milk yield, age at first calving and interval between first and second calving in milk Murrah buffaloes. *Livestock Res. Rural Dev.*, 22, 1-8.
- Taraphder, S., Tomar, S. S., Gupta, A. K., 2006. Incidence, inheritance and economics of mastitis in an organised herd of Murrah buffaloes. *Indian J. Anim. Sci.*, 76, 838-842.

Tonhati, H., Muñoz, M.C., Oliveira, J.A., Duarte, J.C., Furtado, T.P., Tseimazides, S.P., 2000. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. *Braz. J. Anim. Sci.*, 29, 2051-2056.

Tonhati, H., Mendoza-Sánchez, G., Sesana, R.C., Aspilcueta Borquis, R.R., Albuquerque, L.G., 2008a. Programa de mejoramiento genético de búfalos. *Rev. Arg. Prod. Anim.*, 28, 53-67.

Tonhati, H., Cerón-Muñoz, M.F., Oliveira, J.A., El Faro, L., Lima, A.L.F., Albuquerque, L.G., 2008b. Test-day milk yield as a selection criterion for dairy buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae). *Genet. Mol. Biol.* 31: 674-679. <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572008000400012>.

Tonhati, H., Munoz, M., Duarte, J., Reichert, R., Oliveira, J., Lima, A., 2004. Estimates of correction factors for lactation length and genetic parameters for milk yield in buffaloes. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 56, 251–257. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352004000200016>.

Venturini, G.C., Cardoso, D.F., Baldi, F., Freitas, A.C., Aspilcueta-Borquis, R.R., Santos, D.J.A., Camargo, G.M.F., Stafuzza, N.B., Albuquerque, L.G., Tonhati, H., 2014. Association between single-nucleotide polymorphisms and milk production traits in buffalo. *Genet. Mol. Res.*, 13, 10256-10268. <http://dx.doi.org/10.4238/2014>.

CAPÍTULO 3 – Acurácia de predição dos valores genéticos para características reprodutivas utilizando diferentes matrizes de parentesco, de produção e qualidade de leite em bubalinos da raça Murrah

RESUMO: Espera-se que predições genômicas que apresentam pedigrees incompletos apresentem menores acurácias dos valores genéticos estimados. Porém a inclusão da informação genômica pode ajudar a melhorar tais acurácias, especialmente se combinada com a informação de parentesco tradicional. Este estudo teve como objetivo avaliar as acurácias de predição dos valores genéticos genômicos para as características de produção de leite (PL), produção de gordura (PG) e proteína (PP), intervalo do primeiro parto (ITP), produção de *mozzarella* (PM), contagem de células somáticas (CCS) e duração da lactação (DL), utilizando três diferentes matrizes de parentesco, de pedigree tradicional (A), genômica (G) e uma combinação da A com a G, a matriz H. Foram utilizados 3,221 informações fenotípicas e 776 genotípicas de búfalos da raça Murrah para obter os valores genéticos genômicos e acurácias de estimação dos mesmos. Do total de animais cerca de 11,6% não tinham informações de pai, 7,9% apresentavam mãe desconhecida e 5,8% tinham ambos desconhecidos. Dentre os animais que não tinham pai, mãe ou ambos desconhecidos, 1,9%, 3,3% e 0,8 % tinham informações genotípicas, respectivamente. As acurácias dos GEBVs obtidas utilizando a matriz de parentesco A variou entre 0,41 (ITP) e 0,48 (DL). Utilizando a matriz de relacionamentos G as acurácias obtidas foram menores, ficaram entre 0,07 (CCS) e 0,10 (PL/PP/PM). As acurácias de predição dos GEBVs mais altas foram obtidas quando foi utilizada a matriz de relacionamentos combinando as informações fenotípicas com as genotípicas, que variaram de 0,49 para (CCS) a 0,58 para (PL/PM). Os maiores ganhos em acurácia observados substituindo a matriz de parentesco A pela H foram para as características ITP um incremento de (0,16), PP (0,15), PM (0,13) e PL (0,12), no entanto para todas as características foi observado aumento das acurácias de predição dos GEBVs, quando utilizada a matriz de relacionamento H. O método ssGBLUP com a utilização da matriz de parentesco incluindo as informações genômicas (matriz H), melhora as acurácias de predição dos valores genéticos, uma vez que deste modo uma melhor estrutura de relacionamentos entre os animais está disponível.

Palavras-chave: Búfalos, correlação genética, genômica, herdabilidade, acurácia de predição, GEBV, ssGBLUP

CAPÍTULO 3 – Prediction accuracy of genetic values for reproductive traits using different matrices, production and quality of milk in Murrah buffaloes

ABSTRACT- It is expected that genomic predictions that present incomplete pedigrees have lower accuracy of the estimated genetic values. However, the inclusion of genomic information can help to improve such accuracy, especially if combined with traditional kinship information. This study aimed to evaluate the accuracy of prediction of genomic genetic values for the characteristics of milk production (PL), fat production (PG) and protein (PP), first delivery interval (ITP), mozzarella production (PM), somatic cell count (CCS) and lactation duration (DL), using three different kinship matrices, traditional pedigree (A), genomics (G) and a combination of A and G, the H matrix. 3,221 phenotypic information and 776 genotypes of Murrah buffaloes to obtain their genomic genetic values and their estimation accuracy. Of the total animals, about 11.6% had no father information, 7.9% had an unknown mother and 5.8% had both unknowns. Among the animals that did not have a father, mother or both unknown, 1.9%, 3.3% and 0.8% had genotypic information, respectively. The accuracy of the GEBVs obtained using the kinship matrix A varied between 0.41 (ITP) and 0.48 (DL). Using the G relationship matrix, the accuracy obtained was lower, between 0.07 (CCS) and 0.10 (PL / PP / PM). The prediction accuracy of the highest GEBVs was obtained when the relationship matrix was used combining the phenotypic information with the genotypic information, which varied from 0.49 for (CCS) to 0.58 for (PL / PM). The greatest gains in accuracy observed by replacing the parentage matrix A with H were for the ITP characteristics an increase of (0.16), PP (0.15), PM (0.13) and PL (0.12), in the However, for all characteristics, an increase in the prediction accuracy of the GEBVs was observed, when using the H relationship matrix. The ssGBLUP method with the use of the kinship matrix including the genomic information (matrix H), improves the prediction accuracy of the genetic values, since in this way a better structure of relationships between animals is available.

Keywords: Buffaloes, genetic correlation, genomics, heritability, prediction accuracy, GEBV, ssGBLUP

1 INTRODUÇÃO

Originário da Ásia o búfalo doméstico, pertencente ao gênero *Bubalus* e espécie *bubalis*, família *Bovidae* e subfamília *Bovinae*, são animais rústicos, se adaptam bem aos mais diversos ambientes, são férteis e longevos, apresentando assim boa produtividade (BORGHESE et al., 2005). O maior efetivo de bubalinos se encontra no continente asiático, que detém cerca de 97% do rebanho mundial, seguido da África (1,7), Américas (0,7) e Europa (0,2). O Brasil tem papel de destaque no continente americano, ostentando o maior rebanho bubalino deste continente, abrigando por volta de 1,3 milhões de animais (FAO, 2019)

No Brasil, a partir da década de 90, houve um aumento na exploração leiteira da espécie bubalina devido a melhor remuneração deste produto em comparação ao leite bovino (BERNARDES, 2007). Isto porque o leite bubalino tem maiores teores de gordura (6,4-8,0% vs 4,1-5,0%) e proteína (4.0–4.5% vs. 3.4–3.6%) quando comparado ao leite bovino (Khedkar et al., 2016), o que o torna adequado à fabricação de produtos lácteos, creme de leite, manteiga, iogurte e queijos diversos, especialmente o queijo *mozzarella* (Michelizzi et al., 2010). Dito isto, é relevante salientar que a constituição do leite bubalino é tão importante quanto a produção do mesmo do ponto de vista econômico (TONHATI et al., 2008).

Neste contexto, o uso de estratégias e ferramentas que possam auxiliar na avaliação genética dos animais, e que possa ajudar o produtor de búfalos leiteiros a maximizar a produtividade do rebanho, é indispensável para a bubalinocultura no país. O mercado atual está cada vez mais competitivo e dinâmico, então uma maneira de aprimorar a escolha de animais mais produtivos que deixa o rebanho mais competitivo é a inclusão de características associadas à produção, qualidade de leite e também as reprodutivas nos programas de melhoramento genético de bubalinos leiteiros (SENO et al., 2007).

Deste modo, utilizar dados genéticos genômicos pode ser uma alternativa muito interessante para aumentar as acurácias de predição dos valores genéticos, uma vez que este método melhora as avaliações genéticas, aumenta a intensidade de seleção e tende a diminuir o intervalo entre gerações (SCHEFERS e WEIGEL, 2012).

Dito isto, tendo conhecimento dos dados genômicos é possível praticar a seleção dos animais baseadas apenas nas informações dos marcadores genéticos sem necessidade de conhecer seu fenótipo ou de parentes próximos como requerido na avaliação tradicional. Assim sendo, os marcadores do tipo polimorfismo de base única (SNP –

Single Nucleotide Polymorphisms) que estão espalhados por todo o genoma do indivíduo, pode ser usado para melhorar a acurácia de predição dos valores genéticos genômicos e por consequência a acurácia de seleção (VAN EENENNAAM et al., 2014). Utilizando os dados genômicos através da seleção genômica pode-se obter o mérito genético do animal através do somatório do produto entre o genótipo do referido animal para cada SNP, este método apresenta como uma de suas notáveis vantagens o fato de uma animal jovem mesmo sem ter nenhum dado fenotípico e/ou de seus parentes, pode ser avaliado de forma razoavelmente acurada (MEUWISSEN et al., 2001; PRYCE et al., 2012).

Posto isto, o objetivo deste estudo foi avaliar a influência da incorporação da informação genético genômica nas estimativas de parâmetros genéticos e acurácia na predição dos valores genéticos de características reprodutivas, de produção e qualidade de leite de bubalinos da raça Murrah.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo foi realizado com dados provenientes de rebanhos brasileiros de bubalinos da raça Murrah, localizados no nordeste (Rio Grande do Norte), norte (Pará) e sudeste (São Paulo). Foram utilizadas 3.221 informações fenotípicas, de animais que fazem parte do programa de controle leiteiro mantido pelo Departamento de Zootecnia da FCAV/UNESP Jaboticabal.

Foram avaliadas as características produção de leite (PL) truncada aos 305 dias, produção de gordura (PG), produção de proteína (PP) e produção de *mozzarella* (PM) em kg foi calculada através da equação $PM (kg) = PL * \{[(3.5 * \%P) + (1.23 * \%G) - 0.88] / 100\}$, utilizada anteriormente por Aspilcueta-Borquis et al. (2010a), primeiro intervalo do primeiro parto (ITP), duração da lactação (DL) em dias e contagem de células somáticas (CCS).

A média de CCS foi transformada em escala logarítmica para representar o escore de células seguindo a seguinte equação (DABDOUB and SHOOK, 1984): $SCS = [\log_2(SCC/100.000)] + 3$, também utilizada por Aspilcueta-Borquis et al. (2010b). Após esta transformação a SCS foi dividida por 100 para ajustar o efeito de escala, e posteriormente as análises foi multiplicada novamente por 100, voltando assim a mesma escala original dos dados.

As análises foram feitas com base nas 3.221 primeiras lactações de búfalas da raça Murrah, que foram obtidas através de controle mensal durante os anos de 2004 a 2016. Foram consideradas informações de controles obtidos a partir do quinto dia de produção,

sendo mantidas apenas as lactações com duração superior a 90 dias. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados de acordo com o rebanho, ano e estação de parto.

Foram definidas duas estações de parto para o rebanho mantido no nordeste (Rio Grande do Norte) e norte (Pará): a estação chuvosa, que ocorreu de abril a setembro e a estação seca de outubro a março. Em contrapartida, as estações, chuvosa e seca do rebanho localizado no estado de São Paulo, foram de outubro a março e de abril a setembro, respectivamente. Foram considerados para as análises apenas GC com no mínimo cinco animais, assim como registros fenotípicos entre ± 3 desvios padrão da média do grupo.

Um total de 950 búfalos foram genotipados utilizando o 90K Axiom Buffalo SNP Array (Affymetrix/Thermo Fisher Scientific, Santa Clara, CA) e o arquivo de pedigree foi composto de 20.094 animais. O DNA genômico foi obtido através de amostras de pelos da cauda dos animais. A extração e purificação foi feita seguindo o protocolo do Kit de extração comercial Macherey-Nagel NucleoSpin® Tissue (Düren, Germany). O controle de qualidade dos dados genotipados foi realizado como o software Plink, v1.9 (CHANG et al., 2015). Foram aplicados os seguintes critérios para o controle de qualidade dos SNPs: MAF (Alelos de menor frequência) $< 0,05$; Call Rate $< 0,95$ e Equilíbrio de Hardy-Weinberg $P\text{-value} < 10^{-6}$ e eliminação dos SNPs duplicados. Foram excluídas amostras com call rate < 90 , e após o controle de qualidade, restaram 764 amostras e 45.690 marcadores para as análises subsequentes.

Para as análises estatísticas foi utilizado um modelo multi-característica e o método BLUP genômico de passo único (ssGBLUP), onde uma matriz de parentesco H que integra as informações de pedigree e genômica dos animais com e sem genótipo disponível é utilizada em substituição ao numerador da matriz de parentesco A (AGUILAR et al., 2010).

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Onde $\mathbf{A}^{-1}$, $\mathbf{G}^{-1}$ e $\mathbf{A}_{22}^{-1}$ são, respectivamente, a inversa da matriz de parentesco tradicional, a inversa da matriz genômica e a inversa da matriz de parentesco baseada no pedigree para animais genotipados e $\mathbf{H}$ é a matriz de relacionamento que combina a informação de parentesco genômica e de pedigree tradicional. O modelo multicaracterística que foi utilizado pode ser representado, em notação matricial, como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{a} + \mathbf{e}$$

Em que $\mathbf{y}$ é o vetor com as observações das características, $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos efeitos fixos, que continha a informação de GC e número de ordenhas (1 e 2) como efeitos fixos e a idade da vaca ao parto (efeito linear) como covariável. $\mathbf{a}$ é o vetor de efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos de cada animal, e $\mathbf{e}$ é o vetor dos efeitos aleatórios residuais e $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos fixos, aleatórios genéticos aditivos, respectivamente. Foi assumido que os efeitos genéticos aditivos diretos e residuais não são correlacionados entre si.

Foram utilizadas três diferentes matriz de parentescos para estimação dos valores genéticos e acurácias de predição dos valores genéticos genômicos: matriz de parentesco A, contendo informações de parentesco baseadas somente no pedigree tradicional; matriz G, que contem somente informações de parentesco provenientes dos genótipos dos animais (foi gerado um pedigree com informações de pai/mãe = 0), e a matriz H, onde as informações de pedigree tradicional e as informações oriundas dos genótipos são combinadas.

Os componentes de covariância foram estimados através de inferência bayesiana utilizando o software GIBBS2F90 (MISZTAL, 2007). Na análise foram geradas 1 milhão de iterações, com um período de burn-in de 100 mil ciclos, retirando-se uma amostra a cada 100 ciclos. Assim, após aplicado o burn-in restaram 9.000 amostras, com base nestas amostras os parâmetros foram obtidos, e a convergência foi verificada através de avaliação visual utilizando o pacote CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC) implementados no software R (2006). O programa BLUPf90 (MISZTAL et al., 2002) foi utilizado para a obtenção dos valores genéticos genômicos, aplicando-se um modelo animal multi-característica incluindo todas as características descritas acima.

As acurácias de predição dos valores genéticos genômicos (GEBVs) foram obtidas através da formula: $acc = \sqrt{(1 - PEV/\sigma_g^2)}$, como utilizado por Fernandes Júnior et al. (2016), em que PEV é a variância do erro de predição e σ_g^2 é a variância genética aditiva da característica.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 estão apresentados os dados relacionados ao pedigree e as proporções de animais com pais não informados ou desconhecidos.

No total o arquivo de pedigree contém 20.094 animais, destes foram utilizados 3.221 fenótipos da primeira lactação de fêmeas da raça Murrah. Deste total de animais presentes do pedigree 764 animais tem informações genotípicas. Posto isto, algumas

inconsistências foram identificadas no arquivo de pedigree, mais especificamente animais sem informação de pai ou mãe, ou ainda com falta de identificação de ambos.

Tabela 2. Estatística descritiva de animais com pais desconhecidos, e proporção de animais genotipados.

	N animais		% genotipados	(%) total
	Total	Genotipados		
Pedigree	20,094	764	3,8%	100%
Pai desconhecido	2,330	43	1,9%	11,6%
Mãe desconhecida	1,597	52	3,3%	7,9%
Ambos desconhecidos	1,181	10	0,8%	5,8%

Geldermann et al. (1986), afirmam que ao avaliar determinada característica com herdabilidade variando de 0,5 e 0,2, falta de informação de 15% no pedigree reduzem de 9 e 17% o ganho genético para esta característica, quando comparados com avaliações que utilizam o pedigree completo. Neste contexto, posto que as características avaliadas neste estudo apresentam herdabilidades de baixa a média magnitude variando de 0,06 (ITP) a 0,29 (PL), as informações faltantes no pedigree podem influenciar a avaliação destas características. Apesar de os valores de proporção de falta de informação de pedigree observados neste trabalho serem inferiores aos 15% relatados por Geldermann et al. (1986), estes estão próximos aos valores relatados anteriormente na literatura por alguns autores em diferentes países como por exemplo, Dinamarca valores entre 5 e 15% (CHRISTENSEN et al., 1982), por volta de 4 a 23% na Alemanha (GELDERMANN et al., 1986), cerca de 12% na Holanda (BOVENHUIS e VAN ARENDONK, 1991), em Israel entre 3 e 5% (RON et al., 1996) e no Reino Unido, aproximadamente 10% de pais não conhecidos no pedigree (VISSCHER et al., 2002). Assim, os valores de pais desconhecidos no pedigree encontrados neste trabalho, podem estar interferindo na estimação dos parâmetros genéticos, dos valores genéticos dos animais como afirmam e seus estudos Van Vleck 1970a e Banos et al. (2001).

Outro aspecto importante a ser observado neste contexto, é que a proporção de pais desconhecidos pode influenciar as estimativas de valor genético bem como a acurácia de predição destes valores, corroborando com Harder et al., (2005), que em seus estudos simulou duas características de herdabilidade 0,10 e 0,25, e proporção de pais desconhecidos variando de 10 a 40%, e observaram que a variância do desempenho da filha do touro aumenta à medida que cresce a proporção de pais desconhecido e ainda que

há redução da resposta à seleção quanto maior é a proporção de informações faltantes no pedigree.

Posto isto, ainda é relevante relatar que a proporção relativa de animais com pais desconhecidos em relação ao montante de animais genotipados. Sendo assim, do total de animais cerca de 3,8% foram genotipados, e destes, cerca de 1,9% dos animais tinham pai desconhecido, ao passo que o percentual de animais com mãe desconhecida é de 3,3%. Os animais com informação genotípica que apresentam pai e mãe desconhecidos são de apenas 0,8%. Tais valores não se mostram tão expressivos, mas pela quantidade de animais, especialmente com genótipo disponível, pode gerar algum impacto nas predições genômicas. Segundo Resende et al. (2010), a utilização da matriz de parentesco genômica na avaliação dos animais pode agregar acurácia na estimação dos valores genéticos.

As acurácias de predição dos valores genéticos (acc) obtidas são apresentadas na Tabela 3. Para obter as acurácias de predição foram utilizadas 3 diferentes cenários com matrizes de relacionamentos distintas: a matriz A (contendo as informações de parentesco baseada somente no pedigree tradicional entre os animais), a matriz G (contém informações de parentesco com base somente nos genótipos dos animais) e a matriz H (combina as informações do pedigree tradicional com as informações dos genótipos para estabelecer o parentesco entre os animais).

Comparados as estimativas de acurácias de predição dos valores genéticos obtidos para a característica PL, utilizando diferentes matrizes de relacionamentos, a matriz A(accA) 0,46 e matriz H (accH) 0,58, podemos observar um aumento de cerca de 12% na acurácia de predição pra esta característica. Seguindo mesma tendência, para a PG, accA e accH foram respectivamente, 0,45 e 0,56. Também para a característica PP houve um acréscimo de 0,15 em acurácia quando foi utilizada a matriz de relacionamentos combinando o parentesco genômico e o pedigree tradicional. Em relação as características reprodutivas, o incremento nas acurácias quando utilizada a matriz H em relação a matriz A foi de 0,16 para a característica ITP . Houve um acréscimo de 0,09 em acurácia para característica DL ao empregar a matriz de relacionamentos H.

Tabela 3. Acurácia de predição dos valores genéticos em búfalos Murrah utilizando diferentes matrizes de parentesco: matriz A (leva em consideração informação pedigree tradicional), matriz G (baseada na informação somente dos genótipos), matriz H (combina informação do pedigree tradicional com a informação proveniente dos genótipos).

Característica	Total	N° animais	Matriz de parentesco		
	Animais	Genótipo	H	G	A
			Acurácia	Acurácia	Acurácia
PL	3221	628	0,58	0,10	0,46
PG	472	283	0,56	0,08	0,45
PP	472	283	0,57	0,10	0,42
ITP	2301	571	0,57	0,09	0,41
PM	468	281	0,58	0,10	0,45
CCS	1291	516	0,49	0,07	0,44
DL	3221	628	0,57	0,10	0,48

PL– produção de leite em kg, PG-produção de gordura em kg, PP-produção de proteína em kg, ITP-intervalo do primeiro parto em dias, PM-produção de *mozzarella* em kg, CCS-escore de células somáticas, DL-duração da lactação em dias.

Houve um incremento nas acurácias de predição dos valores genéticos (acc) para todas as características quando foi utilizada a matriz de parentesco H em comparação a matriz de relacionamentos A, resultados semelhantes aos descritos por Aspilcueta-Borquis et al. (2015), para bubalinos da raça Murrah. Estes autores relatam um incremento em acurácia devido a utilização da matriz de parentesco H de 8,67, 8,52, 8,97, 11,39, 12,74, 11,97 e 12,05%, respectivamente, para PL, PG, PP, % G, % P, e CCS. Os resultados observados neste presente estudo corroboram com os descritos por Aspilcueta-Borquis et al. (2015), porém os valores de incremento de acurácia utilizando a matriz H são maiores, sendo de 0,12%, 0,11%, 0,15%, respectivamente para PL, PG e PP.

Resultados obtidos neste estudo mostram que o uso da matriz H, levou um incremento em acurácia na estimação dos valores genéticos dos animais, como descrito por Tonussi et al., (2017), em estudo de simulação com bovino de corte. Também resultados obtidos por Choi et al., (2017), trabalhando com bovinos de corte coreano Hanwoo, descreveram um aumento de 13% na acurácia de predição dos valores genéticos genômicos quando utilizada a matriz de relacionamentos genômica, reafirmam os resultados aqui descritos.

A utilização da matriz G piorou significativamente as acurácias, quando comparado com as estimativas obtidas utilizando a matriz A. Este resultado pode ser explicado devido a baixa quantidade de animais genotipados na população. Permitindo a

conclusão de que a informação genômica isolada para esta população não tem poder suficiente para uma estimação acurada dos valores genéticos genômicos dos animais.

Na Tabela 4 estão apresentadas a classe de acurácia e a quantidade respectiva de animais presentes nesta faixa de valores de acurácia. Para a característica PL houve um acréscimo expressivo de animais na faixa de acurácia 80/90 (acurácia entre 80e 90%), cerca de 3291 animais á mais, quando foi empregado a matriz de relacionamentos H.

Tabela 4. Classes de acurácia de predição dos valores genéticos utilizando diferentes matrizes de parentesco.

CLASSE	Nº ANIMAIS/CLASSE ACURÁCIA POR CARACTERÍSTICA													
ACURÁCIA	H	A	H	A	H	A	H	A	H	A	H	A	H	A
ACC	PL		PG		PP		ITP		PM		CCS		DL	
>90	53	7	37	6	39	0	85	0	53	7	20	8	52	11
80/90	3342	51	2920	420	3105	24	2364	25	3321	56	889	105	3257	468
70/80	195	613	572	199	400	53	1020	489	205	604	790	770	256	361
60/70	6895	2181	5116	1694	5679	991	6412	564	6756	2150	3347	1007	6540	2884
50/60	5074	6952	6186	6181	5779	4231	5091	4191	5144	6836	5719	5882	5282	7182
40/50	2623	5491	3150	6282	3022	7482	3010	7180	2680	5589	5129	6028	2735	5075
40/30	467	2701	600	3037	582	4322	614	4508	487	2737	2272	3589	512	2171
30/20	288	759	342	906	320	1515	304	1585	287	776	631	1244	298	644
10/20	106	249	113	271	112	360	133	401	109	250	212	349	109	215
0/10	1051	1090	1058	1098	1056	1116	1061	1151	1052	1089	1085	1112	1053	1083

ACC- classe de porcentagem de acurácia, PL – produção de leite em kg, PG-produção de gordura em kg, PP-produção de proteína em kg, ITP- intervalo do primeiro parto em dias, PM-produção de *mozzarella* em kg, SCS-escore de células somáticas, DL-duração da lactação em dias, A (matriz de relacionamentos que leva em consideração informação pedigree tradicional),G (matriz de relacionamentos baseada na informação somente dos genótipos), matriz H (matriz de parentesco que combina informação do pedigree tradicional com a informação proveniente dos genótipos)

Seguindo a mesma tendência as características PG e PP também apresentaram uma inclusão de respectivamente 2500 e 3081 animais nesta mesma classe de acurácia. As características ITP, PM, CCS e DL apresentaram comportamento semelhantes as estas antes citadas. Aspilcueta-Borquis et al. (2015) em seus estudos com bubalinos leiteiros,

relataram que a incorporação da informação genético genômica através da utilização da matriz de relacionamentos H, trouxe um aumento na acurácia de predição dos valores genéticos genômicos em análise multicaracterística, corroborando os resultados obtidos neste presente estudo.

Neste contexto é importante citar que a correlação de Pearson existente entre os valores genéticos obtidos com a matriz de relacionamentos A e a H foi de 0,99, mostrando que o benefício observado pela utilização da matriz de relacionamentos H está direcionado para o ganho em acurácia da predição dos valores genéticos dos animais.

Assim sendo, e de acordo com os resultados obtidos neste estudo, houve uma maior inclusão de animais em uma faixa maior de acuraria quando utilizamos a matriz de relacionamentos H comparando com a utilização da matriz de relacionamentos A. Visto isto há uma indicativo que a utilização da matriz de relacionamentos H que combina as informações do pedigree tradicional com as informações dos genótipos para estabelecer o parentesco entre os animais, melhora a acurácia de estimação dos valores genéticos, quando comparada com a matriz de relacionamentos tradicional que utiliza somente a as informações do pedigree para estabelecer o parentesco entre os animais.

4.CONCLUSÃO

A utilização do método ssGBLUP melhorou as acurácias de predição dos valores genéticos. Este resultado é provavelmente devido a uma melhora na estrutura de relacionamentos entre os animais pela combinação de ambas matrizes de parentesco. Os benefícios da inclusão da informação genômica isolada deve ser mais pronunciada em populações cujo número de animais genotipados é maior.

5. REFERÊNCIAS

AGUDELO-GÓMEZ, D.A., PELICIONI SAVEGNAGO, R., BUZANSKAS, M.E., FERRAUDO, A.S., PRADO MUNARI, D., CERÓN-MUÑOZ, M.F., 2015. Genetic principal components for reproductive and productive traits in dual-purpose buffaloes in Colombia. *J. Anim. Sci.*, 93, 3801-3809. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-8940>.

AGUILAR, I., MISZTAL, I., JOHNSON, D.L., LEGARRA, A., TSURUTA, S., LAWLOR, T.J., 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.*, 93, 743-752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>.

ASPILCUETA-BORQUIS, R.R., DI PALO, R., ARAUJO NETO, F.R., BALDI, F., DE CAMARGO, G.M.F., ALBUQUERQUE, L.G.D., ZICARELLI, L., TONHATI, H., 2010A. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and mozzarella production and Bayesian inference analysis of their relationships. *Genet. Mol. Res.*, 9, 1636-1644. <https://doi.org/10.4238/vol9-3gmr846>.

ASPILCUETA-BORQUIS, R.R., NETO, F.A., BALDI, F., BIGNARDI, A.B., ALBUQUERQUE, L.G., TONHATI, H., 2010B. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. *J. Dairy Sci.*, 93, 2195-2201. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2621>.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., NETO, F. A., SANTOS, D. J. A., HURTADO-LUGO, N. A., SILVA, J. A. V., & TONHATI, H. (2015). Multiple-trait genomic evaluation for milk yield and milk quality traits using genomic and phenotypic data in buffalo in Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 14(4), 18009-18017.

BANOS, G.; WIGGANS, G. R.; POWELL, R. L.: Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluations and international comparisons. *J. Dairy Sci.* 84 (2001), 2523–2529.

BARROS, C. D. C., ASPILCUETA-BORQUIS, R. R., FRAGA, A. B., & TONHATI, H. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. *Revista Caatinga*, 29(1), 216-221, (2016).

BERNARDES, O., 2007. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. *Rev. Bras. Reprod. Anim.*, 31, 293-298.

BEZERRA JÚNIOR. S. et al. Produção de leite, duração da lactação e intervalo de partos em búfalas mestiças Murrah. *Revista Caatinga*, Mossoró, Abr./Jun., 2014, v.27, n.2, p.184-191.

BRADFORD, H. L., MASUDA, Y., VANRADEN, P. M., LEGARRA, A., & MISZTAL, I. (2019). Modeling missing pedigree in single-step genomic BLUP. *Journal of dairy science*, 102(3), 2336-2346.

BOVENHUIS, H.; VAN ARENDONK, J. A. M.: Estimation of milk protein gene frequencies in crossbred cattle with maximum likelihood. *J. Dairy Sci.* 74 (1991), 2728–2736.

BORGHESE, A. Buffalo Production and Research: Reu technical series. Roma: FAO, 2005, v.67, p.1-315.

CHANG, C.C., CHOW, C.C., TELLIER, L.C., VATTIKUTI, S., PURCELL, S.M., LEE, J.J., 2015. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 4, 7. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.

CHOI, T., LIM, D., PARK, B., SHARMA, A., KIM, J. J., KIM, S., & LEE, S. H. (2017). Accuracy of genomic breeding value prediction for intramuscular fat using different genomic relationship matrices in Hanwoo (Korean cattle). *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 30(7), 907.

CHRISTENSEN, L. G.; MADSEN, P.; PETERSEN, J.: The influence of incorrect sire-identification on the estimate of genetic parameters and breeding values. *Proc. 2nd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Madrid, Spain 7 (1982), 200-208.

DABDOUB, S. A. M., AND G. E. SHOOK. 1984. Phenotypic relations among milk yield, somatic count cells, and mastitis. *J. Dairy Sci.* 67:163–164

EL-BRAMONY, M.M., GEBREEL, I.A., FOODA, T.A., 2010. Response to selection for milk yield traits in egyptian buffalo. *Egyptian J. Anim. Prod*, 47, 85-92.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. Produtividade. 2014. Disponível em: <<http://www.faostat3.fao.org>>. Acesso em: 15 Des. 2018.

GELDERMANN, H., PIEPER, U., & WEBER, W. E. (1986). Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *Journal of animal science*, 63(6), 1759-1768.

HARDER, B. I. R. T. E., BENNEWITZ, J. Ö. R. N., REINSCH, N. O. R. B. E. R. T., MAYER, M. A. N. F. R. E. D., & KALM, E. R. N. S. T. (2005). Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Archives Animal Breeding*, 48(3), 219-232.

ISRAEL, C.; WELLER, J. I.: Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *J. Dairy Sci.* 83 (2000), 181–187.

JÚNIOR, G. A. F., ROSA, G. J., VALENTE, B. D., CARVALHEIRO, R., BALDI, F., GARCIA, D. A., ... & DE ANDRADE, W. B. Genomic prediction of breeding values for carcass traits in Nellore cattle. *Genetics Selection Evolution*, 48(1), 7, (2016).

KHEDKAR, C., S. KALYANKAR, AND S. DEOSARKAR. 2016. Buffalo milk. Pages 522–528 in *Encyclopedia of Food and Health*. B. Caballero, P. M. Finglas, and F. Toldrá, ed. Academic Press, New York, NY.

MALHADO, C.H.M., MALHADO, A.C.M., RAMOS, A.D.A., CARNEIRO, P.L.S., SOUZA, J.C.D., PALA, A., 2013. Genetic parameters for milk yield, lactation length and calving intervals of Murrah buffaloes from Brazil. *Rev. Bras. Zootec.*, 42, 565-569. <http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982013000800005>.

MALHADO, C.H.M. et al. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.36, n.2, p.376-379, 2007.

MARQUES, J.R.F., 1998. Criação de Búfalo. Coleção criar, first ed. Embrapa Amazônia Oriental. Brasília, DF: editora Embrapa Amazônia Oriental.

MISZTAL, I., LEGARRA, A., AGUILAR, I., 2009. Computer procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4648-4655, 2009.

MICHELIZZI VN, DODSON MV, PAN Z, AMARAL ME, MICHAL JJ, MCLEAN DJ, WOMACK JE, JIANG Z. Water buffalo genome science comes of age. *Int J Biol Sci.* 2010 Jun 17;6(4):333-49.

MEUWISSEN, T. H. E.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics*, v. 157, p. 1819-1829, 2001.

MISZTAL, I., LEGARRA, A., AGUILAR, I., 2009. Computer procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.*, 92, 4648-4655, 2009.

MISZTAL, I., 2007. Manual for BLUPF90 family of programs. <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html> (accessed 11 October 2018).

NILFOROOSHAN, M. A., KHAZAELI, A., & EDRISS, M. A. (2008). Effects of missing pedigree information on dairy cattle genetic evaluations. *Archives Animal Breeding*, 51(2), 99-110.

PRYCE, J., & HAYES, B. A review of how dairy farmers can use and profit from genomic technologies. *Animal Production Science*, 52(3), 180-184, 2012.

RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S., GONÇALVES, H.C., AZEVEDO, D.M.M.R., 2006. Phenotypic and genetic characterization of the milk yield and calving interval in buffalo of the Murrah breed. *Pesqui. Agropecu. Bras.*, 41, 1261-1267. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000800008>.

RESENDE, M. D. V., RESENDE JUNIOR, M. F. R., AGUIAR, A. M., ABAD, J. I. M., MISSIAGGIA, A. A., SANSALONI, C. P., ... & GRATTAPAGLIA, D. (2010). Computação da seleção genômica ampla (GWS). Embrapa Florestas-Documents (INFOTEC-A-E).

RODRIGUES, A.E., MARQUES, J.R.F., ARAÚJO, C.V., CAMARGO JÚNIOR, R.N.C., DIAS, L.N.S., 2010. Estimação de parâmetros genéticos para características produtivas em búfalos na Amazônia Oriental. *Arq. Bras. Med. Vet.*, 62, 712-717. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352010000300028>.

RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER, J.I.: Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. *J. Dairy Sci.* 79 (1996), 676–681.

SANDERS, K., BENNEWITZ, J., & KALM, E. (2006). Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *Journal of dairy science*, 89(1), 315-321.

SENO, L.O., CARDOSO, V.L., EL FARO, L., SESANA, R.C., ASPILCUETA-BORQUIS, R.R., DE CAMARGO, G.M.F., TONHATI, H., 2010. Genetic parameters for milk yield, age at first calving and interval between first and second calving in milk Murrah buffaloes. *Livestock Res. Rural Dev.*, 22, 1-8.

SCHEFERS, JONATHAN M.; WEIGEL, KENT A. Genomic selection in dairy cattle: Integration of DNA testing into breeding programs. *Animal Frontiers*, v. 2, n. 1, p. 4-9, 2012.

SCHENKEL, F.S., SCHAEFFER, L.R. & BOETTCHER, P.J. Comparison between estimation of breeding values and fixed effects using Bayesian and empirical BLUP estimation under selection on parents and missing pedigree information. *Genet Sel Evol* 34, 41, 2002.

TONHATI, H., MÚÑOZ, M.C., OLIVEIRA, J.A., DUARTE, J.C., FURTADO, T.P., TSEIMAZIDES, S.P., 2000. Parâmetros genéticos para a produção de leite, gordura e proteína em bubalinos. *Braz. J. Anim. Sci.*, 29, 2051-2056.

TONHATI, H., MUNOZ, M., DUARTE, J., REICHERT, R., OLIVEIRA, J., LIMA, A., 2004. Estimates of correction factors for lactation length and genetic parameters for milk

yield in buffaloes. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 56, 251–257.
<http://dx.doi.org/10.1590/S0102-09352004000200016>

TONHATI, H., MENDOZA-SÁNCHEZ, G., SESANA, R.C., ASPILCUETA BORQUIS, R.R., ALBUQUERQUE, L.G., 2008A. Programa de mejoramiento genético de búfalos. *Rev. Arg. Prod. Anim.*, 28, 53-67.

TONUSSI, R. L., DE OLIVEIRA SILVA, R. M., MAGALHÃES, A. F. B., ESPIGOLAN, R., PERIPOLLI, E., OLIVIERI, B. F., ... & PEREIRA, A. S. C. (2017). Application of single step genomic BLUP under different uncertain paternity scenarios using simulated data. *PloS one*, 12(9), e0181752.

TSURUTA, S., MISZTAL, I., LOURENCO, D. A. L., & LAWLOR, T. J. (2014). Assigning unknown parent groups to reduce bias in genomic evaluations of final score in US Holsteins. *Journal of dairy science*, 97(9), 5814-5821.

VAN EENENNAAM, A. L., WEIGEL, K. A., YOUNG, A. E., CLEVELAND, M. A., & DEKKERS, J. C. Applied animal genomics: results from the field. *Annu. Rev. Anim. Biosci.*, 2(1), 105-139,2014.

VAN VLECK, L. D.: Misidentification in estimating the paternal-sib correlation. *J. Dairy Sci.* 53 (1970a), 1469–1474

VAN VLECK, L. D.: Misidentification and sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 53 (1970b), 1697–1702.

VISSCHER; P. M.; WOOLLIAMS, J. A.; SMITH, D.; WILLIAMS, J. L.: Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J. Dairy Sci.* 85 (2002), 2368–2375.

WARRIACH, H. M., MCGILL, D. M., BUSH, R. D., WYNN, P. C., & CHOCHAN, K. R., 2015. A review of recent developments in buffalo reproduction—a review. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 28(3), 451.