

# Modelo linear misto aditivo-dominante aplicado ao estudo da variação genética de bovinos da raça Holandesa

Andréia do Carmo de Oliveira<sup>1</sup>

Saditt Rocio Robles Colonia<sup>2</sup>

Juliana Petrini<sup>3</sup>

Denismar Alves Nogueira<sup>4</sup>

ICEx/UNIFAL-MG, Alfenas, MG

## 1 Introdução

Modelos mistos podem ser definidos como modelos que incluem efeitos fixos e aleatórios adicionalmente ao efeito do resíduo e à média. No melhoramento genético, os efeitos genéticos são considerados como efeitos aleatórios e o modelo misto é utilizado para a predição do mérito genético dos animais e estimação da variância devido ao componente genético. Geralmente, é estimada apenas uma fração da variância genética oriunda do efeito aditivo dos genes. Contudo, com a recente disponibilidade das informações genômicas do animal, tem-se a possibilidade de estimar de forma acurada o componente da variância genética devido à dominância [3], [4]. Dessa forma, o objetivo foi utilizar um modelo misto aditivo-dominante na avaliação genética de teor de sólidos totais.

## 2 Materiais e Métodos

Foram utilizadas 10.821 observações referentes a característica de teor de sólidos totais (g/100g de leite) de 3.330 vacas da raça Holandesa. Esses dados são oriundos de vacas de primeira à sexta lactação, coletados mensalmente em quatro fazendas. Além disso, foram utilizados os genótipos de 1.102 vacas para 68.404 polimorfismos de nucleotídeo único (SNP).

Para estimar a fração da variação genética referente ao efeito aditivo e de dominância, dois modelos foram ajustados. O primeiro considerou apenas o efeito médio oriundo da contribuição de cada alelo individualmente (efeito aditivo) enquanto o segundo considerou, adicionalmente, o efeito referente à interação entre os dois alelos do mesmo *locus* (efeito de dominância). O primeiro modelo pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Zu + Sp + \varepsilon \quad (1)$$

em que  $\mathbf{y}$  é o vetor dos fenótipos de interesse;  $\mathbf{X}$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos;  $\beta$  é o vetor de efeitos fixos;  $\mathbf{Z}$  e  $\mathbf{S}$  são as matrizes de incidência dos efeitos aleatórios;  $\mathbf{u}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos, com  $\mathbf{u} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G}\sigma_a^2)$ , com  $\mathbf{G}$  sendo a matriz de relacionamentos genômica (VanRaden, 2008) obtida a partir da informação dos SNP e  $\sigma_a^2$  a variância genética aditiva;  $\mathbf{p}$  é

<sup>1</sup>andreaoliveira.math@gmail.com

<sup>2</sup>rocio.sa1394@gmail.com

<sup>3</sup>juliana.petrini@gmail.com

<sup>4</sup>denisnog@gmail.com

o vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente, e  $\varepsilon$  é o vetor dos efeitos residuais, com  $\varepsilon \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_\varepsilon^2)$ . O segundo modelo diferenciou-se do primeiro apenas pela adição do termo  $Wd$  em que  $\mathbf{W}$  é uma matriz de incidência e  $\mathbf{d}$  é o vetor dos desvios de dominância, com  $\mathbf{d} \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{D}\sigma_d^2)$ , em que  $\mathbf{D}$  é a matriz de dominância (calculada como em [4]). As análises foram realizadas no programa AIREMLF90 com base no método de máxima verossimilhança restrita com o algoritmo AI (*average information*), [1].

### 3 Resultados e Discussão

Estimativas similares dos componentes de variância foram obtidos por ambos os modelos (Tabela 1). A herdabilidade para a característica foi baixa ( $h^2 = 0,14$ ). Por sua vez, a variância devido à dominância ( $\sigma_d^2$ ) foi nula; similarmente ao observado em [4]. O baixo valor de  $\sigma_d^2$  pode ser devido ao tamanho do banco de dados e à estrutura de relacionamentos entre os animais considerados [4].

Tabela 1: Componentes de variância e herdabilidade\* (erro-padrão) para teor de sólidos totais.

Modelo genético	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_{pe}^2$	$\hat{\sigma}_d^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$h^2$	$c^2$
Aditivo	0,1111 (0,0309)	0,1635 (0,0263)	- -	0,4904 (0,0085)	0,7650 (0,0201)	0,1452 (0,0385)	0,2137 (0,0345)
Aditivo-Dominante	0,1113 (0,0047)	0,1638 (0,0060)	0,00003 (0,0)	0,4904 (0,0063)	0,7655 (0,0104)	0,1453 (0,0056)	0,2130 (0,0074)

\*  $\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva,  $\hat{\sigma}_{pe}^2$ : variância devido ao efeito permanente de ambiente,  $\hat{\sigma}_d^2$ : variância devido à dominância;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância residual,  $\hat{\sigma}_p^2$ : variância fenotípica,  $h^2$ : herdabilidade,  $c^2$ : proporção da variância fenotípica devido ao efeito permanente de ambiente.

### 4 Conclusões

A inclusão do efeito de dominância no modelo de avaliação genética não alterou as estimativas dos demais componentes de variância. O valor próximo de zero referente à variância devido à dominância pode ser resultado de uma inabilidade do modelo em captar esse efeito.

### Referências

- [1] Misztal. *Manual for BLUPF90 family of programs*. Estados Unidos: University of Georgia, 2018. 142 p.
- [2] Pereira, C. P.; Milk nutritional composition and its role in human health. *Nutrition*, v. 30, 619-627, 2014.
- [3] Sun, C.; Vanraden, P.M.; Cole, J.B. et al. Improvement of prediction ability for genomic selection of dairy cattle by including dominance effects. *PLoS One*, 9 (8): e103934, p. 1-18, 2014.
- [4] Wittenburg, D.; Melzer, N.; Reinsch, N. Genomic additive and dominance variance of milk performance traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 132, p. 3-8, 2015.