

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

### Acurácia da seleção genômica para idade ao primeiro parto de fêmeas da raça Nelore<sup>1</sup>

Natalia Irano<sup>2</sup>, Raphael Bernal Costa<sup>3</sup>, Ana Paula Nascimento Terakado<sup>4</sup>, Roberto Carvalheiro<sup>5</sup>,  
Fernando Baldi<sup>6</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>7</sup>

<sup>1</sup>Parte da tese de doutorado do primeiro autor, financiada pela Fapesp processo 2009/16118-5 e pelo CNPq.

<sup>2</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal-SP. Bolsista da Fapesp processo 2013/00848-0. e-mail: nattirano@hotmail.com

<sup>3</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal-SP. Bolsista da Fapesp. e-mail: raphaelbcosta@gmail.com

<sup>4</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal-SP. Bolsista da Capes. e-mail: ana\_pnt@hotmail.com

<sup>5</sup>Pesquisador do Departamento de Zootecnia - UNESP/Jaboticabal-SP. e-mail: rcar@fcav.unesp.br

<sup>6</sup>Professor Assistente Doutor - Departamento de Zootecnia - UNESP/Jaboticabal-SP. e-mail: fbaldi@fcav.unesp.br

<sup>7</sup>Professora Titular - Departamento de Zootecnia - UNESP/Jaboticabal-SP. Bolsista do CNPq. e-mail: lgalb@fcav.unesp.br. Pesquisadora do CNPq e INCT-CA

**Resumo:** Objetivou-se com este trabalho avaliar a acurácia das predições dos valores genômicos, por meio do método GBLUP, visando seleção genômica para a característica idade ao primeiro parto de fêmeas da raça Nelore. A genotipagem de 1.472 fêmeas da raça Nelore foi realizada utilizando-se o painel de alta densidade Illumina BovineHD (777.962 SNPs). As análises genômicas foram conduzidas repetidas vezes utilizando a técnica de validação cruzada e os valores genéticos preditos (EBVs), obtidos em análise prévia, como pseudo-fenótipos. A acurácia da seleção genômica foi avaliada pela correlação (CORR) entre os EBVs e os valores genômicos diretos (DGVs) preditos para as fêmeas do grupo de validação. O coeficiente de regressão do EBV sobre o DGV ( $b_1$ ) foi calculado para avaliar o grau de inflação/deflação das predições genômicas. Os resultados observados indicaram baixa acurácia de predição da seleção genômica (CORR = 0,20) e obtenção de DGVs deflacionados ( $b_1 = 1,34$ ), isto é, em escala reduzida quando comparada à escala dos EBVs. Os resultados sugerem a necessidade de mais estudos com a utilização de outros métodos e (pseudo) fenótipos nas análises genômicas e, possivelmente, a necessidade de um maior número de animais genotipados para a obtenção de predições genômicas mais acuradas.

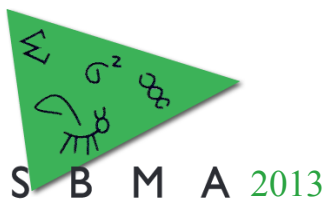
**Palavras-chave:** acurácia, seleção genômica, valor genômico

### Accuracy of genomic selection for age at the first calving of Nelore heifers

**Abstract:** The objective of this study was to evaluate the accuracy of prediction of genomic breeding values, by applying the GBLUP method, aiming genomic selection for age at first calving in Nelore heifers. The genotyping of 1,472 Nelore heifers was performed using Illumina BovineHD1 (777,962 SNPs). The genomic analysis were conducted repeatedly using the technique of cross-validation and the estimated breeding values (EBVs), obtained in previous analysis, as pseudo-phenotypes. The accuracy of genomic selection was evaluated by the correlation (CORR) between EBVs and the predict direct genomic values (DGVs) for heifer of the group validation. The regression coefficient of the EBV over the DGV ( $b_1$ ) was calculated to evaluate the degree of inflation/deflation of genomic predictions. The results indicated low accuracies of genomic selection predictions (CORR = 0.20), obtaining DGVs deflated ( $b_1 = 1.34$ ), that is, on a reduced scale compared to the EBVs. The results suggest the need for further studies using other methods and (pseudo) phenotypes in genomic analysis and possibly the need for a larger number of genotyped animals for obtaining more accurate genomic predictions.

**Keywords:** accuracy, genomic breeding value, genomic selection

### Introdução



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

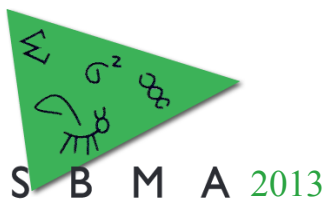
As características reprodutivas são determinantes para a eficiência econômica do sistema de produção de bovinos de corte e devem, portanto, ser consideradas como objetivo de seleção em programas de melhoramento animal. No melhoramento genético tradicional, a estimação do valor genético vem sendo realizada utilizando apenas as observações fenotípicas de cada animal e o pedigree, sem nenhum conhecimento da arquitetura genética das características selecionadas. A seleção genômica foi então proposta por Meuwissen et al. (2001), sendo que este tipo de seleção baseia-se no uso de um conjunto denso de marcadores SNP (*single-nucleotide polymorphisms*), que cobre todo o genoma, para estimação do valor genômico e, conseqüentemente, seleção. A seleção genômica comparada à tradicional, baseada nas informações fenotípicas e de pedigree, fornece maior acurácia para as predições dos valores genéticos, principalmente para as características que se expressam em um único sexo e/ou que sejam de baixa herdabilidade, como é o caso da característica idade ao primeiro parto (IPP). Objetivou-se com este trabalho avaliar a acurácia das predições dos valores genômicos, com a aplicação do método GBLUP, visando seleção genômica para a característica IPP de fêmeas da raça Nelore.

### Material e Métodos

Foram utilizados dados de 1.472 fêmeas da raça Nelore, todas genotipadas e com informações de desempenho e genealogia disponíveis, pertencentes à Agropecuária Jacarezinho LTDA, nascidas nas fazendas Jacarezinho (Valparaíso – SP) e Jacarezinho Nova Terra (Cotegipe – BA). A característica estudada foi a idade ao primeiro parto (IPP). Foram utilizados como pseudo-fenótipos nas análises genômicas os valores genéticos preditos (EBVs) fornecidos pelo programa de avaliação genética da Conexão Delta G. O DNA foi extraído de folículos pilosos da vassoura da cauda dos animais e a genotipagem foi realizada utilizando-se o painel de alta densidade Illumina BovineHD (777.962 SNPs), segundo o protocolo da Illumina - Infinium® II Assay Multi-Sample, com o aparelho HiScan™SQ System. Os arquivos com as informações de cada SNP para cada animal foram gerados através do programa GenomeStudio e a consistência dos dados genômicos foi realizada utilizando o software R. O controle de qualidade dos genótipos foi realizado em um processo iterativo, utilizando os seguintes critérios de exclusão dos SNPs: frequência do alelo menor (MAF) < 2%, eficiência da genotipagem de cada SNP (Call Rate) < 98%, p-value para o teste de equilíbrio de Hardy-Weinberg > 10<sup>-5</sup>. Amostras com call rate < 90% foram excluídas da análise. Após o controle de qualidade, 1.445 amostras de fêmeas e 296.037 SNPs foram utilizados para a seleção genômica. As análises genômicas foram conduzidas repetidas vezes utilizando a técnica de validação cruzada, sendo que os dados foram subdivididos de forma aleatória em 8 grupos com, aproximadamente, 181 animais cada, definindo-se de forma intercalada 7 grupos de treinamento e 1 de validação, sendo que após 8 repetições das análises cada um dos grupos foi considerado uma vez como grupo de validação e os demais como treinamento. As análises genômicas foram realizadas com o programa GEBV (Sargolzaei et al., 2009), utilizando o método GBLUP e os EBVs de IPP como pseudo-fenótipos. Em cada uma das 8 repetições, as informações dos animais do grupo de validação não fizeram parte da análise de estimação (“treinamento”) dos efeitos dos marcadores. A acurácia da seleção genômica foi avaliada pela correlação (CORR) entre os EBVs e os valores genômicos diretos (DGVs) preditos para as fêmeas do grupo de validação. O valor de CORR foi comparado com o valor de acurácia esperada, obtida aplicando a fórmula determinística proposta por Daetwyler et al. (2010), e com o valor de acurácia dos DGVs (ACCd), obtido a partir dos elementos da inversa da matriz de coeficientes do método GBLUP. O coeficiente de regressão do EBV sobre o DGV (b<sub>1</sub>) foi calculado para avaliar o grau de inflação/deflação das predições genômicas.

### Resultados e Discussão

O resumo das principais estatísticas das análises de seleção genômica é apresentado na Tabela 1. Os valores são apresentados para cada uma das análises da validação cruzada e para a média das 8 repetições. Observa-se que, em média, 1.264 fêmeas fizeram parte do grupo de treinamento e 181 da validação. A acurácia dos EBVs das fêmeas de ambos os grupos foi baixa (0,39) em decorrência da baixa estimativa de herdabilidade (0,15) obtida na análise prévia que gerou os EBVs. A baixa acurácia dos EBVs e o número de animais no treinamento fizeram com que as análises genômicas apresentassem baixa acurácia de predição (CORR = 0,20). As acurácias dos DGVs (ACCd) foram mais constantes ao longo das repetições, variando de 0,35 a 0,36, e mais próximas da acurácia esperada (0,40).



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Valor médio maior do que 1 foi encontrado para o coeficiente de regressão dos EBVs sobre os DGVs ( $b_1$ ), indicando deflação dos DGVs, isto é, que eles foram preditos em escala reduzida quando comparados com a escala dos EBVs. Novas análises serão conduzidas utilizando outros pseudo-fenótipos (ex.: EBVs desregredidos e fenótipos ajustados) objetivando reduzir a deflação dos DGVs.

Tabela 1. Resumo das estatísticas<sup>a</sup> da predição genômica para a característica idade ao primeiro parto.

Repetição	Ntrein	acc trein	Nval	acc val	CORR	ACCd	$b_1$
1	1.251	0,39	194	0,39	0,23	0,36	1,69
2	1.258	0,39	187	0,39	0,21	0,35	1,38
3	1.261	0,39	184	0,39	0,08	0,35	0,55
4	1.256	0,39	189	0,39	0,28	0,35	1,90
5	1.254	0,39	191	0,39	0,23	0,35	1,29
6	1.273	0,39	172	0,39	0,17	0,35	1,15
7	1.293	0,39	152	0,39	0,32	0,35	2,05
8	1.269	0,39	176	0,39	0,11	0,35	0,68
Média	1.264	0,39	181	0,39	0,20	0,35	1,34

<sup>a</sup>Ntrein (Nval): número de animais no conjunto de treinamento (validação); acc trein (acc val): acurácia média dos valores genéticos (EBV) no conjunto de treinamento (validação); CORR: correlação de Pearson entre os EBVs e os valores genômicos (DGVs); ACCd: acurácia dos DGVs obtida a partir dos elementos da inversa da matriz de coeficientes do método GBLUP;  $b_1$ : declive da regressão dos EBVs sobre os DGVs.

Saatchi et al. (2011), utilizando o método BayesC, estudaram a ACCd para 16 características de importância econômica para gado de corte na raça Angus, obtida por meio de validação cruzada. Estes autores encontraram valores de ACCd variando de 0,38 a 0,85 para todas as características, onde o menor valor foi encontrado para a característica reprodutiva taxa de prenhez de novilhas, sendo próximo do valor encontrado no presente estudo.

Comparando vários métodos para seleção genômica da característica taxa de concepção, para gado da raça Holandês, Colombani et al. (2013) relataram valores de CORR maiores que o apresentado neste trabalho, sendo de 0,35, 0,34 e 0,34 quando utilizaram os métodos GBLUP, LASSO e BayesC $\pi$ , respectivamente.

### Conclusões

Os resultados sugerem a necessidade de mais estudos com a utilização de outros métodos e (pseudo) fenótipos nas análises genômicas e, possivelmente, a necessidade de um maior número de animais genotipados para a obtenção de predições genômicas mais acuradas.

### Literatura citada

- COLOMBANI, C.; LEGARRA, A.; FRITZ, S. et al. Application of Bayesian least absolute shrinkage and selection operator (LASSO) and BayesC $\pi$  methods for genomic selection in French Holstein and Montbéliarde breeds. **Journal of Dairy Science**, v.96, p.575-591, 2013.
- DAETWYLER, H.D.; PONG-WONG, R.; VILLANUEVA, B. et al. The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. **Genetics**, v.185, p.1021-1031, 2010.
- 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.
- SAATCHI, M.; MCCLURE, M.C.; MCKAY, S.D. et al. Accuracies of genomic breeding values in American Angus beef cattle using k-means clustering for cross-validation. **Genetics Selection Evolution**, v.43, p.40-56, 2011.
- SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F.S.; VANRADEN, P.M. **Gebv: Genomic breeding value estimator for livestock**. In *Technical report to the Dairy Cattle Breeding and Genetics Committee*. University of Guelph; 2009.