

XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

Impacto nas acurácias dos valores genéticos para idade ao primeiro parto em diferentes cenários com paternidade incerta¹

Rafael Lara Tonussi^{2*}, Rafael Medeiros de Oliveira Silva³, Bianca Ferreira Olivieri², Fabieli Loise Braga Feitosa², Elisa Peripolli², Marcos Vinícius Antunes Lemos², Mariana Piatto Berton², Angélica Simone Cravo Pereira⁴, Raysildo Barbosa Lôbo⁵, Luiz Antônio F. Bezerra⁶, Cláudio de Ulhoa Magnabosco⁷, Ignácio Aguilar⁸, Fernando A. Di Croce⁹ e Fernando Baldi²

¹Fundação de Amparo à Pesquisa de São Paulo - FAPESP (processo Nº 2013/25910-0);

²Departamento de Ciência Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, São Paulo, Brasil;

³Departamento de Ciência Animal, Universidade da Geórgia, Athens, Estados Unidos;

⁴Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Ciência Animal e Engenharia de Alimentos, Pirassununga, Brasil;

⁵Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, Brasil;

⁶Departamento de Genética, Escola de Medicina de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, Brasil;

⁷Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Distrito Federal, Brasil;

⁸Departamento de Melhoramento Animal, Instituto Nacional de Pesquisa e Agricultura, Las Brujas, Uruguay;

⁹Zoetis, 333 Portage St., KZO300-210SE, Kalamazoo, MI 49007, Estados Unidos

*Autor correspondente: rafaeltonussi@yahoo.com.br

Resumo: O objetivo deste estudo foi investigar o impacto nas acurácias de predição utilizando os métodos BLUP e ssGBLUP em diferentes cenários considerando paternidade incerta utilizando dados de uma população de bovinos Nelore. Foram estudados dados de 18.526 registros de idade ao primeiro parto (IPP). Os componentes de variância foram estimados usando os métodos BLUP e ssGBLUP. A matriz de parentesco (A) foi criada com diferentes proporções de animais com pais desconhecidos (0, 25, 50, 75 e 100%). Todos os modelos incluíram grupos contemporâneos como efeitos fixos. Os valores genéticos e genômicos (EBV / GEBV) foram avaliados em cada cenário para quatro grupos: ALL = todos os animais da população, BULL = somente touros com dez ou mais progênies; GEN = animais genotipados e YOUNG = animais jovens machos e fêmeas sem fenótipos. As acurácias de predição variaram de 0,04 a 0,17 e de 0,15 a 0,29 obtidas com o método BLUP e ssGBLUP, respectivamente. A variância genética aditiva manteve-se praticamente constante à medida que a proporção de reprodutores múltiplos aumentou na população, porém as acurácias de predição diminuíram de acordo com o aumento de reprodutores múltiplos independentemente do método utilizado (BLUP e ssGBLUP). O método ssGBLUP mostrou-se acurado em situações de incerteza paternidade, especialmente para a seleção de animais jovens.

Palavras-chave: ausência de pedigree, avaliação genética, paternidade incerta.

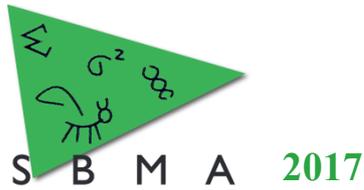
Impact on the accuracy prediction under different uncertain paternity scenarios

Abstract: The objective of this study was to investigate the impact on prediction accuracy using BLUP and ssGBLUP methods in different scenarios of uncertain paternity using data from a Nelore cattle population. Data from 18,526 records age at first calving (AFC) were studied. The variance components were estimated using BLUP and ssGBLUP methods. The relationship matrix (A) was created with different proportions of animals with unknown sires (0, 25, 50, 75, and 100%). All models included contemporary groups as fixed effects. The accuracy of the estimated breeding value (EBV/GEBV) was evaluated in each scenario with six groups of animals: ALL = all animals in the population, BULL = only bulls with ten or more progenies; GEN = genotyped animals and YOUNG = male and female young animals without phenotypes. Prediction accuracies ranged from 0.04 to 0.17 and from 0.15 to 0.29 obtained with BLUP and ssGBLUP method respectively. The additive genetic variance remained practically constant as the proportion of multiple sires increased in the population, however, the accuracies decreased according to the increase of multiple sires in the population using BLUP and ssGBLUP. The ssGBLUP method could be applied in situations of uncertainty paternity, especially for selection of young animals.

Keywords: genetic evaluation, missing pedigree, uncertain paternity

Introdução

A idade ao primeiro parto (IPP) é utilizada para avaliar precocidade e fertilidade sexual das fêmeas em programas de melhoramento de bovinos de corte, além de ser uma característica de grande importância econômica na pecuária de corte e ser de fácil obtenção. A seleção para esta característica



XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

diminui o intervalo de geração, aumenta a taxa de reposição e melhora a lucratividade, bem como o valor econômico dos animais reprodutores.

O sistema de acasalamento mais utilizado no Brasil é o de reprodutores múltiplos, o qual consiste em agrupar vacas com vários touros durante a estação de monta. Apesar desse sistema apresentar diversas vantagens, sua utilização não permite a identificação de paternidade, consequentemente, ocasiona na formação de pedigrees incompletos afetando negativamente a precisão das avaliações genéticas e o progresso genético. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi investigar a acurácia de predição utilizando os métodos BLUP (melhor preditor linear não viesado) e *single step genomic* BLUP em cenários com paternidade incerta em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

As informações fenotípicas foram provenientes de dezoito fazendas localizadas nas regiões sudeste e centro oeste do Brasil, pertencentes a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), a qual também disponibilizou informações zootécnicas e de genealogia. Assim, foram utilizados 18.526 registros para IPP com média de $35,08 \pm 4,8$ meses. Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos como fazenda, ano e estação de nascimento. Registros com valores acima ou abaixo de 3,5 desvios padrão foram excluídos bem como GC com menos de 5 animais. Foram genotipados 3809 animais usando painel de baixa densidade (Clarified Nelore 2.0), e imputados para painéis de 54 e 777k, utilizando o software Fimpute. Como população de referência para a imputação foram utilizados 940 animais genotipados com Illumina Bovine HD chip.

A avaliação genética tradicional foi feita pelo método BLUP utilizando apenas pedigree e informações fenotípicas, o qual está baixo apresentado:

$$\mathbf{Y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$$

onde \mathbf{y} é o vetor dos fenótipos, \mathbf{b} é o vetor dos efeitos fixos (GC), \mathbf{u} é o vetor dos efeitos genéticos aditivos, \mathbf{X} e \mathbf{Z} são matrizes de incidência e \mathbf{e} é o vetor dos efeitos residuais. Considerando um modelo infinitesimal, $(\mathbf{u}) = \mathbf{A}\sigma_u^2$, onde \mathbf{A} é a matriz de parentesco obtidos por informações de pedigree e σ_u^2 é o efeito de variância genética.

No método ssGBLUP proposto por Misztal et al. (2009), a inversa da matriz de parentesco (\mathbf{A}^{-1}) foi substituída pela matriz \mathbf{H}^{-1} que combina pedigree e informações genômicas. A matriz \mathbf{H}^{-1} pode ser construída como:

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

onde \mathbf{H}^{-1} é a inversa da matriz que incorpora a inversa da matriz com dados genômicos e o inverso da matriz de parentesco para animais genotipados.

A estimação dos componentes de variâncias e soluções foram obtidas pelos programas da família BLUPF90 (airemlf90 e blupf90 software). A matriz de parentesco continha 23 gerações e incluía dados de 129.369 animais, 5.257 touros e 50.542 vacas.

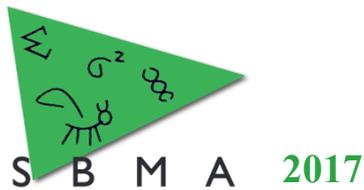
A matriz \mathbf{A} foi criada com diferentes proporções de paternidade desconhecida para animais genotipados (0, 25, 50, 75 e 100%) aleatoriamente selecionados. A acurácia de predição foi calculada para quatro grupos de animais em cada cenário: ALL = todos os animais com registros fenotípicos (18.526 animais); BULL = somente touros com pelo menos dez progênies (1.363 animais); GEN = animais genotipados (3.809 animais); YOUNG = animais jovens machos e fêmeas sem fenótipos e progênies (29.824 animais). A acurácia das previsões foi calculada de acordo com a BIF (Beef Improvement Federation), representada a seguir:

$$\text{Acc}_{\text{BIF}} = 1 - \sqrt{\frac{\text{VEP}}{\sigma_a^2}}$$

onde VEP é a variância do erro de predição e σ_a^2 é a variância genética aditiva.

Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade obtidas para IPP estão de acordo com a literatura para animais da raça Nelore (CAVANI et al., 2015). A variância genética aditiva permaneceu praticamente constante com diferente proporção de reprodutores múltiplos (RM) na população. Cantet et al. (2000), avaliaram quatro estruturas de pedigree: informações completas de pedigree, 50% de fenótipos com identidades de



XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

pais desconhecidos, 50% de fenótipos com identidades de mães desconhecidas e 50% de fenótipos com identidades pais e mães desconhecidos para diferentes herdabilidades (0,10; 0,40 e 0,70). Em todos os casos com ausência de pedigree, a herdabilidade diminuiu em comparação ao cenário com pedigree completo.

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância, herdabilidade e erro padrão para IPP utilizando AIREML tradicional e genômico com diferentes proporções de reprodutores múltiplos

RM	AIREML tradicional			AIREML genômico		
	$\sigma_a^2 \pm EP$	$\sigma_e^2 \pm EP$	h^2	$\sigma_a^2 \pm EP$	$\sigma_e^2 \pm EP$	h^2
0%	1.47±0.18	11.19±0.19	0.12	1.90±0.21	10.90±0.20	0.15
25%	1.47±0.19	11.18±0.19	0.12	1.87±0.21	10.92±0.20	0.15
IPP 50%	1.48±0.19	11.17±0.19	0.12	1.84±0.21	10.93±0.19	0.14
75%	1.49±0.19	11.17±0.19	0.12	1.82±0.21	10.94±0.19	0.14
100%	1.47±0.19	11.16±0.19	0.12	1.74±0.20	10.99±0.19	0.14

IPP=idade ao primeiro parto; RM=reprodutores múltiplos; σ_a^2 = variância genética aditiva; σ_e^2 = variância residual; h^2 = herdabilidade; EP= erro padrão

De uma forma geral as acurácias de predição diminuíram à medida que a porcentagem de RM aumentou na população para todos os cenários estudados, para a tradicional houve uma redução de 6,3; 0,0; 54,5 e 10,0% para ALL, BULL, GEN e YOUNG, respectivamente. Essa queda também ocorreu para as acurácias de predição genômicas, porém de uma forma mais intensa.

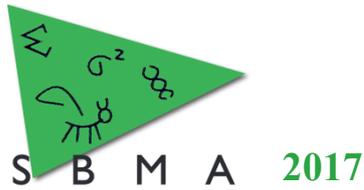
É importante destacar que a correlação entre a matriz de relação (A_{22}) e a matriz genômica (G) diminuiu quando a proporção de RM na população aumenta. Isso é esperado porque em situações de pedigree ausente a matriz A é mais esparsa em relação à matriz G . Forni et al. (2011) demonstraram que as matrizes genômicas e de pedigree devem ser em escala compatíveis, havendo com conectabilidade entre esses animais e, conseqüentemente, valores de predição mais acurados.

Tabela 2. Acurácia de predição para IPP utilizando os métodos BLUP e ssGBLUP com diferentes proporções de reprodutores múltiplos na população

		Porcentagem de reprodutores múltiplos				
		0%	25%	50%	75%	100%
ALL	BLUP	0.16	0.16	0.16	0.16	0.15
	ssGBLUP	0.26	0.25	0.24	0.24	0.22
BULL	BLUP	0.18	0.18	0.18	0.18	0.18
	ssGBLUP	0.29	0.29	0.27	0.26	0.24
GEN	BLUP	0.11	0.10	0.09	0.07	0.05
	ssGBLUP	0.30	0.27	0.25	0.22	0.18
YOUNG	BLUP	0.10	0.10	0.10	0.10	0.09
	ssGBLUP	0.22	0.22	0.20	0.19	0.17

IPP=idade ao primeiro parto; BLUP = melhor preditor linear não viesado; ssGBLUP = single step genomic BLUP; ALL = todos os animais com registros fenotípicos; BULL = somente touros com pelo menos dez progênies; GEN = animais genotipados; YOUNG = animais jovens machos e fêmeas sem fenótipos e progênies

Para todos os cenários houve ganho em acurácia com o método ssGBLUP. Recentemente, Lourenço et al. (2016) avaliaram a aplicação do ssGBLUP usando registros de características de crescimento do American Angus, e mostraram um aumento na acurácia de predição de 25% em comparação com as avaliações tradicionais. Em bovinos Nelore, Gordo et al. (2016), utilizando ssGBLUP, obteve ganho de precisão de 76,47%, 13,04% e 11,90% para a área do músculo *longissimus*, espessura de gordura e peso de carcaça quente, respectivamente, em bovinos Nelore. Além disso, vários estudos mostraram que o ssGBLUP foi mais confiável que o modelo BLUP em outras espécies, como bovinos de leite, aves e suínos.



XII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Ribeirão Preto, SP – 12 e 13 de junho de 2017

Conclusão

A variância genética aditiva e as acurácias de predição foram influenciadas pela presença de paternidade incerta no pedigree; e de uma forma geral caíram conforme aumentou proporção de RM na população.

O método ssGBLUP, embora não tenha sido desenvolvido para trabalhar com incerteza de paternidade, mostrou-se acurado, principalmente em cenários com alta porcentagem de animais com pais desconhecidos, sendo que os grupos de animais genotipados (GEN) e jovens (YOUNG) foram os que apresentaram maiores ganhos em acurácias em todos os cenários estudados.

Agradecimentos

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) por disponibilizarem o pedigree e as informações fenotípicas dos animais. À FAPESP pelo financiamento dos projetos grant #2013/25910-0.

Literatura citada

- CANTET, R. J. C.; BIRCHMEIER, A. N.; SANTOS-CRISTAL, M. G.; AVILA, V. S. Comparison of restricted maximum likelihood and method R for estimating heritability and predicting breeding value under selection. **Journal of Animal Science**, v. 78, p. 2554-2560, 2000.
- CAVANI, L.; GARCIA, D. A.; CARREÑO, L. O. D.; ONO, R. K.; PIRES, M. P.; FARAH, M. M.; VENTURA, H. T.; MILLEN, D. D.; FONSECA, R. Estimates of genetic parameters for reproductive traits in Brahman cattle breed. **Journal of Animal Science**, v. 93, p.3287-3291, 2015.
- FORNI, S.; AGUILAR, I.; MISZTAL, I. Different genomic relationship matrices for single-step analysis using phenotypic, pedigree and genomic information. **Genetics Selection Evolution**, v. 43, n. 1, p. 1-7, 2011.
- GORDO, D. G. M.; ESPIGOLAN, R.; TONUSSI, R. L.; JÚNIOR, G. A. F.; BRESOLIN, T.; MAGALHÃES, A. F. B.; FEITOSA, F. L. B.; BALDI, F.; CARVALHEIRO, R.; TONHATI, H.; OLIVEIRA, H. N.; CHARDULA, L. A. L.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameter estimates for carcass traits and visual scores including or not genomic information. **Journal of Animal Science**, v. 94, p. 1821-1826, 2016.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**, v. 92, p. 4648-4655, 2009.
- LOURENÇO, D. A. L.; TSURUTA, S.; FRAGOMENI, B. D.; MASUDA, Y.; POCRNIC, I.; AGUILAR, I.; BERTRAND, J. K.; MOSER, D. W.; MISZTAL, I. Issues in commercial application of single-step genomic BLUP for genetic evaluation in American Angus. **Journal of Animal Science**, v. 94, p. 144-145, 2016.