

Impacto da utilização de pseudo-fenótipos na predição dos valores genéticos de características de eficiência alimentar e reprodutivas em bovinos da raça Nelore

Caroline Assis Almeida^{1*}, Fernando de Oliveira Bussiman², Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Rachel Santos Bueno Carvalho³, Elisângela Chicaroni de Mattos¹, Joanir Pereira Eler¹, Miguel Henrique de Almeida Santana⁴, Tamires Miranda Neto⁵, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

³Departamento de Ciências Básicas, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁴Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

⁵Agro-pecuária CFM Ltda., São José do Rio Preto, SP, Brasil.

*Autor correspondente: caroline.assis.almeida@usp.br

Resumo: o objetivo deste estudo foi investigar o impacto da utilização de diferentes pseudo-fenótipos na predição do valor genético de características reprodutivas e de eficiência alimentar. Os parâmetros genéticos utilizados foram estimados via inferência Bayesiana sob modelo limiar- linear multicaracterística. As características avaliadas foram probabilidade de prenhez aos 14 meses, produtividade anual média da vaca e consumo e ganho residual. A fim de avaliar o impacto das metodologias, a estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos e a correlação de Spearman foram determinadas, considerando os cenários de fenótipo original, valor genético tradicional, valor genético tradicional desregredido e o desvio de rendimento das filhas como pseudo-fenótipos. Os coeficientes de correlação entre os cenários mostraram-se de alta magnitude dentro de cada característica, com exceção da característica de eficiência alimentar. Os melhores cenários para a predição dos valores genéticos foram valor genético tradicional e valor genético tradicional desregredido.

Palavras-chave: acurácia de seleção, análise genética, característica limitada ao sexo, correlação de Spearman, desregressão

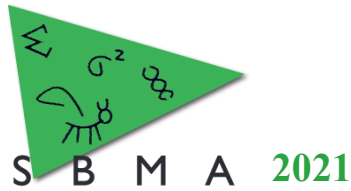
Impact of the use of pseudo-phenotypes in predicting the genetic values of feed efficiency and reproductive traits in Nelore cattle

Resumo: The aim of this study was to investigate the impact of different pseudo-phenotypes on breeding value prediction of reproductive traits and feed efficiency. The genetic parameters used were estimated via Bayesian inference under a linear-threshold multitrait model. The traits evaluated were probability of pregnancy at 14 months, cumulative annual productivity and residual intake and gain. To assess the impact of the methodologies, the estimate of the Pearson's correlation coefficient between breeding values and Spearman's correlation were examined, considering the scenarios of original phenotype, estimated breeding value, deregressed estimated breeding values and daughter yield deviations as pseudo-phenotypes. The correlation coefficients between the scenarios showed to be of high magnitude within each trait, except for the feed efficiency trait. Exposing that the best scenarios for predicting breeding values were estimated breeding value and deregressed estimated breeding values.

Keywords: accuracy of selection, deregression, genetic analysis, sex-limited trait, Spearman correlation

Introdução

O uso de pseudo-fenótipos é fundamental em caso de animais que possuam fenótipos pouco explicativos ou animais genotipados que não possuam fenótipos, fenótipos mensurados tardiamente ou para aqueles limitados a um dos sexos, como no caso de características reprodutivas. Dado que, o uso de pseudo-fenótipos expande de maneira significativa o tamanho amostral, uma vez que se realiza um pré-processamento dos dados fenotípicos de maneira que uma pontuação fenotípica é produzida para cada um dos indivíduos genotipados (Garrick et al., 2009; Neves et al., 2014), conseqüentemente há uma melhora na acurácia de predição. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi investigar o impacto da utilização de diferentes variáveis respostas na predição do valor genético de características reprodutivas e de eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore.



Material e Métodos

Os bancos de dados utilizados neste trabalho são provenientes de rebanhos comerciais de bovinos da raça Nelore, e estão sob responsabilidade do Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA) da Universidade de São Paulo (USP). O banco de registros fenotípicos continha informações de 194.063 animais, mensurados para características de eficiência alimentar e reprodutivas, e o banco de genealogia continha informações de 802.057 animais. As características avaliadas foram: probabilidade de prenhez aos 14 meses (PP14); *stayability* ou habilidade de permanência no rebanho (STAY); produtividade anual média da vaca (PRODAM); consumo alimentar residual (CAR); ganho de peso residual (GPR); e consumo e ganho residual (CGR).

A estimação dos componentes de (co)variâncias e dos parâmetros genéticos foi realizada por meio de inferência Bayesiana sob modelo limiar-linear multicaracterística, com auxílio do software THRGIBBS1F90 (Misztal et al., 2002). Foi gerada uma única cadeia contendo 1.000.000 amostras, considerando um período de *burn in* de 500.000 amostras e um intervalo de salvamento a cada 100 amostras; todas as inferências foram feitas com base nas 5.000 amostras restantes da distribuição à *posteriori*.

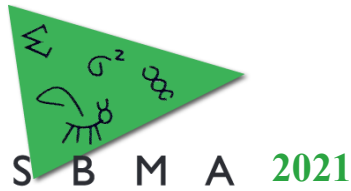
Para o cálculo dos pseudo-fenótipos foram selecionadas apenas uma característica de eficiência alimentar (CGR) e duas de eficiência reprodutiva (PP14 e PRODAM), uma vez que o consumo e ganho residuais (CGR), relaciona o CAR e o GPR para gerar um parâmetro que apresenta uma correlação mais favorável com o consumo e o ganho de peso (Berry & Crowley, 2012). As características reprodutivas foram decididas devido a importância econômica, sendo que, PP14 é uma característica indicativa de precocidade sexual, na qual se mede a probabilidade da novilha ficar prenha quando são expostas ao touro entre os 12 e 16 meses de idade e a PRODAM é uma característica que estima a produção média anual de cada vaca, em kg de bezerros desmamados (Eler et al., 2002).

Os valores genéticos tradicionais desregredidos (dEBV) foram calculados usando o valor genético tradicional (EBV) e suas respectivas acurácias conforme a abordagem proposta por Garrick et al. (2009). Os desvios de rendimento das filhas (DYD) também foram calculados usando o EBV tradicional, conforme descrito por VanRaden & Wiggans (1991). O modelo utilizado para determinar as soluções das variáveis respostas, pode ser descrito, em notação escalar, como: $y_i = \mu + u_j + e_i$, em que y_i representa as observações (EBV, dEBV ou DYD) para as características estudadas; μ é o intercepto (média geral); u_j representa o efeito do aleatório genético aditivo direto do i -ésimo animal e e_i representa o termo residual aleatório e foi utilizado em todas as metodologias um fator de ponderação específico de desregressão.

A estimativa do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genéticos obtidos pelas diferentes metodologias aplicadas foi calculada considerando os cenários: Y - valores genéticos obtidos por meio da análise tradicional multicaracterística, EBV - valores genéticos obtidos com a utilização do EBV como pseudo-fenótipo, dEBV - valores genéticos obtidos com a utilização do dEBV como pseudo-fenótipo, e DYD - valores genéticos obtidos com a utilização do DYD como pseudo-fenótipo. A partir das abordagens estudadas foi calculada a correlação de ranque (correlação de Spearman) para verificar as possíveis alterações no ranqueamento dos animais.

Resultados e Discussão

O coeficiente correlação de Pearson entre o EBV predito por meio do fenótipo original (Y) e as variáveis respostas das características, foi de alta magnitude e positivo, exceto quando comparamos a variável DYD da característica de eficiência alimentar, que possui magnitude moderada e negativa (Y – DYD: -0,39; EBV – DYD: -0,46; dEBV – DYD: -0,42). O coeficiente de correlação variou de 0,89 a 0,98 para PP14, 0,74 a 0,97 para PRODAM e -0,46 a 0,98 para CGR. Entre as características reprodutivas considerando todos os cenários, os valores encontrados foram de moderada magnitude, variando de 0,58 a 0,76. Entre CGR e PP14 as correlações foram negativas e de moderada magnitude, variando -0,47 a -0,37, exceto quando comparamos os DYD das características (0,41). Entre CGR e PRODAM as correlações são positivas e baixa magnitude, variando 0,06 a 0,08, exceto quando comparamos os DYD das características (0,25).



XIV Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Santa Catarina, Brasil –18 a 19 de Outubro de 2021

Como o DYD é a medida do desvio real do desempenho das filhas sendo, portanto, uma variável dependente diretamente do número de filhas e da herdabilidade da característica, os baixos coeficientes de correlação encontrados no CGR podem ser em parte explicados pelo número amostral inferior e um baixo número de progênes dos animais avaliados para essa característica.

As correlações de Spearman foram favoráveis e de moderada a alta magnitudes, com exceção do método DYD na característica de eficiência alimentar. As maiores associações (0,94; 0,90 e 0,88 para CGR, PP14 e PRODAM, respectivamente) são entre o fenótipo original e o método de desregressão (dEBV), o que sugere alta associação linear entre os ranques dos animais para as características avaliadas, implicando na manutenção de posição da classificação dos animais, quando se comparam o Y e dEBV.

Conclusões

Os melhores cenários para a predição dos valores genéticos foram EBV e dEBV para todas as características, pois não houve significativa alteração no ranqueamento dos animais. O método DYD não foi indicado para a característica de eficiência alimentar apresentada nesse estudo.

Agradecimentos

A Agro-Pecuária CFM Ltda. e a Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos por fornecer o banco de dados. Ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da USP/FZEA. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Literatura citada

Berry, D.P.; Crowley, J.J. 2012. Residual intake and body weight gain: A new measure of efficiency in growing cattle. **Journal of Animal Science**, v. 90, n. 1, p. 109–115.

Eler, J.P.; Silva, J.A. II V.; Ferraz, J.B.S.; Dias, F., Oliveira, H.N.; Evans, J.L.; Golden, B.L. 2002. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers. **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 4, p. 951–954.

Garrick, D.J.; Taylor, J.F.; Fernando, R.L. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, n. 1, p. 55.

Misztal, I.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; Lee, D.H. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proceedings... In: World congress on genetics applied to livestock production, 2002, Montpellier.

Neves, H.H.R.; Carvalheiro, R.; O'Brien, A.M.P.; Utsunomiya, Y.T.; Carmo, A.S.; Schenkel, F.S.; Sölkner, J.; McEwan, J.C.; Van Tassell, C.P.; Cole, J.B.; Silva, M.V.G.B.; Queiroz, S.A.; Sonstegard, T.S.; Garcia, J.F. 2014. Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nellore) cattle. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, p. 13.

VanRaden, P.M.; Wiggans, G.R. 1991. Derivation, Calculation, and Use of National Animal Model Information. **Journal of Dairy Science**, v. 74, n. 8, p. 2737–2746.