

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

Estabilidade dos valores genéticos genômicos para ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos e grupos de pais desconhecidos em bovinos Nelore

Alisson Stefany Acero Valderrama^{1*}, Bárbara da Conceição Abreu Silva¹, Fernando de Oliveira Bussiman², Rafael Espigolan¹, Caroline Assis Almeida¹, Fernanda Schneberger dos Santos¹, Felipe Eguti Carvalho¹, Elisângela Chicaroni Mattos¹, José Bento Sterman Ferraz¹, Joanir Pereira Eler¹

¹Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (ZMV-FZEA/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

²Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade de São Paulo (VNP-FMVZ/USP), Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: alisson.s.acero@gmail.com

Resumo: O objetivo desse estudo foi avaliar a estabilidade dos valores genéticos genômicos para ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos (RM) e grupos de pais desconhecidos (*unknown parent groups*, UPG) em bovinos Nelore. No total, foram utilizadas 16.773 informações para ganho de peso da desmama ao sobreano, ajustado aos 550 dias de idade (WWG). As avaliações genéticas (genômicas) foram realizadas utilizando os métodos: BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) e ssGBLUP (*single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction*). Os UPG foram definidos com informação de ano de nascimento (UPGY, ssUGPY), ano de nascimento e sexo (UPGS, ssUPGS), os UPGs foram adicionados somente na matriz de parentesco baseada nas informações de pedigree (**A**) ou na matriz de parentesco (**H**), o mesmo foi aplicado para os RM (RM, ssRM). Os coeficientes de correlação de *rank* (Spearman) variaram entre 0,99 (RM com ssRM) e -0,46 (UPGY, ssUPGY_A). Os valores mais baixos foram entre ssUPGY_A e ssUPGS_A com todos os outros, indicando mudanças no *ranking*. A correlação de *rank*, bem como o coeficiente de correlação de Pearson foram altos entre UP com RM (0,83 e 0,84, respectivamente) e, entre ssUP com ssRM (0,84 e 0,82, respectivamente). Adicionar informações dos RM ao modelo quando não se tem as informações dos pais ajuda a aumentar a estabilidade dos GEBV em comparação com os UPG, nesta população, pois as correlações de *rank* foram maiores.

Palavras-chave: BLUP, correlação de *Rank*, paternidade desconhecida, Pearson, single-step, UPG.

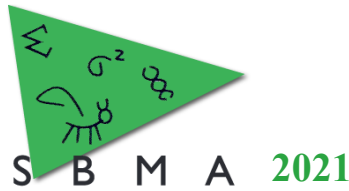
Stability of genomic breeding values for post-weaning weight gain using multiple sires and unknown parent groups in Nellore cattle

Abstract: The aim of this study was to assess the breeding values stability for post-weaning weight gain adjusted for 550 days (WWG), using multiple sires (RM) and unknown parent groups (UPG) in Nellore cattle. There were 16,773 records for WWG, using BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) and ssGBLUP (single-step Genomic Best Linear Unbiased Prediction) methods. The UPG were defined by the information of birth year (UPGY, ssUGPY), and combination of the birth year with sex (UPGS, ssUPGS). The UPG were added, either only in the relationship matrix from pedigree (**A**) or only in the genomic relationship matrix (**H**), as well as for the RM (RM, ssRM). The rank correlation coefficients (Spearman) range between 0,99 (RM with ssRM) and -0,46 (UPGY with ssUPGY_A), lowest values were among ssUPGY_A and ssUPGS_A with all others, showing changes on ranking. The rank correlation coefficient and Pearson's correlation was high between UP with RM (0.83 and 0.84, respectively), and ssUP with ssRM (0.84 and 0.82, respectively). Including RM information to the model when parent information is not available helps to increase GEBV stability compared to UPG in this population, as rank correlations were high.

Keywords: BLUP, Rank correlation, unknown paternity, Pearson's correlation, single-step, UPG.

Introdução

A utilização de reprodutores múltiplos (RM), na qual vários reprodutores são mantidos no mesmo piquete para se reproduzir com vacas durante a época de acasalamento (Tonussi et al., 2017), é muito comum na produção extensiva de bovinos de corte. Nos rebanhos comerciais brasileiros, a porcentagem de progênes provenientes de RM pode alcançar até 40%, e em muitas propriedades os touros são usados



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

somente em uma estação de monta e, posteriormente, descartados, dificultando a seleção dos animais geneticamente superiores para as características de interesse econômico (Cardoso et al., 2003). No entanto, é importante ressaltar que, na formação dos grupos de RM nos programas de melhoramento brasileiros, são utilizados touros avaliados geneticamente, que em sua maioria estão compostos por animais com alto valor genético em características de interesse econômico (Eler, 2019).

Apesar das vantagens dos RM, eles não permitem a identificação da paternidade da progênie o que aumenta a perda de informação no pedigree. Nesse sentido, métodos têm sido sugeridos para o aumento da acurácia na avaliação genética, como a utilização de grupos de pais desconhecidos (UPG) nos modelos estatísticos. Os UPG podem ser estruturados baseados em critérios como ano de nascimento, geração, raça, sexo ou a combinação deles (Quaas, 1988; Tonussi et al., 2017). Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a estabilidade dos valores genéticos genômicos para o ganho de peso da desmama ao sobreano com o uso de reprodutores múltiplos e grupos de pais desconhecidos em bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Os dados utilizados são pertencentes à CFM Agro-Pecuária, provenientes de diversas fazendas localizadas na região sudoeste e centro-oeste do Brasil e que participam do programa de avaliação genética realizado pelo Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP). Foram utilizadas 16.773 informações de ganho de peso da desmama ao sobreano, ajustado aos 550 dias (WWG) e genótipos de 3.021 animais (densidade de 44.128 marcadores do tipo SNP). O pedigree possuía informações de 33.318 animais, dos quais, aproximadamente 50%, não possuíam paternidade definida, apenas a informação dos RM. Os modelos testados neste estudo envolveram análises, sem genômica, por meio do BLUP tradicional com pais desconhecidos (UP), com grupo de reprodutores múltiplos (RM), grupos de pais desconhecidos formados pelo ano de nascimento (UPGY) e por sexo e ano (UPGS). Com genômica, as análises utilizaram o procedimento de passo único (*single-step*), com a estrutura de pais desconhecidos (ssUP), reprodutores múltiplos (ssRM), grupos de pais desconhecidos formados pelo ano de nascimento, inclusos na matriz A ou na matriz H (ssUPGY_A e ssUPGY_H) e grupos de pais desconhecidos formados por sexo e ano de nascimento inclusos na matriz A ou na matriz H (ssUPGS_A e ssUPGS_H). As comparações foram realizadas por meio do coeficiente de correlação de *rank* (Spearman), bem como, correlação de Pearson entre os valores genéticos genômicos estimados (GEBV) para cada modelo.

Resultados e Discussão

Os coeficientes de correlação de *rank* (Spearman) variaram entre 0,99 (RM com ssRM) e -0,46 (UPGY, ssUPGY_A). Os valores mais baixos foram entre ssUPGY_A e ssUPGS_A com todos os outros (variando de: -0,46 a 0,30), indicando mudanças maiores no ranking quando a seleção é praticada com esses métodos (Figura 1). Nos modelos sem informação genômica, a correlação de *rank* foi de 0,83 (UP com RM), 0,40 (UP com UPGY) e 0,39 para (UP com UPGS). Nos modelos com informação genômica a correlação de *rank* foi de 0,42 (ssUP com ssUPGY_H) e 0,43 (ssUP com ssUPGS_H), mas foi maior entre ssUP e ssRM (0,82). De maneira similar à correlação de *rank*, o coeficiente de correlação de Pearson foi alto (0,84), para as análises com e sem genômica, envolvendo UP e RM, o que pode ser justificado pela estrutura de formação dos reprodutores múltiplos neste programa de seleção, pela qual são utilizados touros avaliados geneticamente, que em sua maioria estão compostos por animais com alto valor genético em características de interesse econômico (Eler, 2019).

Em modelos com UPG, o coeficiente de Pearson foi de 0,40 (UP com UPGY) e 0,35 (UP com UPGS), e de 0,42 (ssUP com ssUPGY_H) e 0,38 (ssUP com ssUPGS_H), mostrando que a pressuposição de assumir que os pais “fantasmas” são não-correlacionados e não endógamos (Quaas, 1988) pode apontar para uma incorreta classificação dos animais e uma decisão de seleção subestimada.

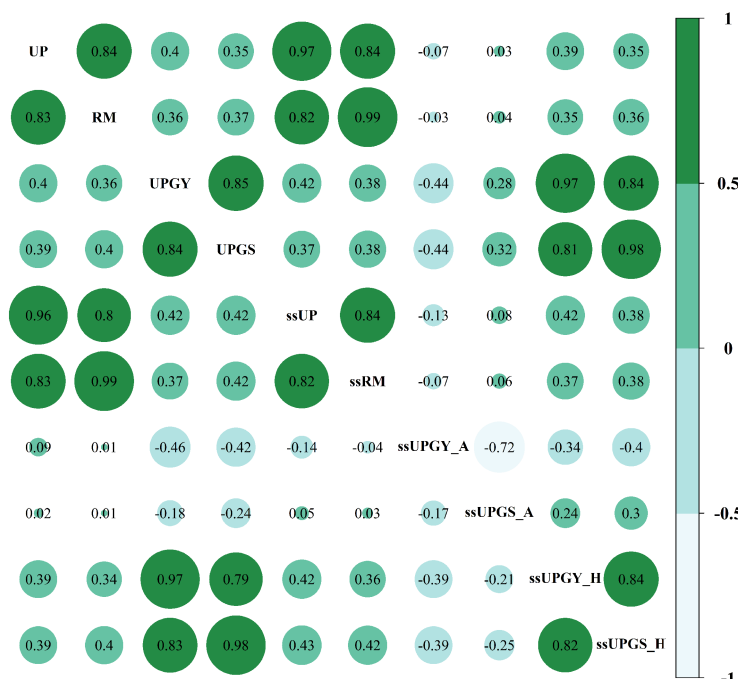


Figura 1. Correlação de *rank* (embaixo da diagonal) e correlação de Pearson (acima da diagonal) dos valores genéticos para o ganho de peso da desmama ao sobreano nas diferentes análises.

Conclusão

Adicionar informações dos reprodutores múltiplos ao modelo quando não se tem as informações dos pais, ajuda a aumentar a estabilidade dos valores genéticos genômicos em comparação com a utilização dos UPG, nesta população, pois as correlações de *rank* foram maiores.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP), pelo fornecimento do banco de dados.

Literatura citada

Cardoso V., Roso V. M., Severo J. L.P., De Queiroz S.A., & Fries, L.A. 2003. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 32, 834–842.

Eler J.P. 2019. **Informações pessoais preliminares sobre a avaliação genética do rebanho Nelore pertencente à Agropecuária**. CFM.

Quaas R.L. 1988. Additive Genetic Model with Groups and Relationships. **Journal of Dairy Science**, 71, 91–98.

Tonussi R., Silva R. do, Magalhães A., Espigolan R., Peripolli E., Olivieri B., ... & Baldi F. 2017. Application of single step genomic BLUP under different uncertain paternity scenarios using simulated data. **PLoS one**, 12, p.e.0181752.