

## XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

### Acurácia da seleção genômica para características de crescimento e escores visuais ao sobreano em bovinos Hereford e Braford

Gabriel Soares Campos<sup>1</sup>, Arione Augusti Boligon<sup>2</sup>, Marcos Jun-Iti Yokoo<sup>3</sup>, Bruna Pena Sollero<sup>4</sup>, José Braccini Neto<sup>5</sup>, Fernando Flores Cardoso<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFPEL, Pelotas. Bolsista CAPES. E-mail: [gabrielsoarescampos@hotmail.com](mailto:gabrielsoarescampos@hotmail.com)

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia – UFPEL, Pelotas. Professora Adjunta. E-mail: [arioneboligon@yahoo.com.br](mailto:arioneboligon@yahoo.com.br)

<sup>3</sup>Pesquisador A – Embrapa Pecuária Sul, Bagé. E-mail: [marcos.yokoo@embrapa.br](mailto:marcos.yokoo@embrapa.br)

<sup>4</sup>Pesquisador A – Embrapa Pecuária Sul, Bagé. E-mail: [bruna.sollero@embrapa.br](mailto:bruna.sollero@embrapa.br)

<sup>5</sup>Departamento de Zootecnia – UFRGS, Porto Alegre. Professor Associado. E-mail: [jose.braccini@ufrgs.br](mailto:jose.braccini@ufrgs.br)

<sup>6</sup>Pesquisador A – Embrapa Pecuária Sul, Bagé. E-mail: [fernando.cardoso@embrapa.br](mailto:fernando.cardoso@embrapa.br)

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar a acurácia das predições genômicas, utilizando os métodos GBLUP e ssGBLUP, para características de crescimento e escores visuais ao sobreano em animais das raças Hereford e Braford. Foram utilizados dados de 126.290 animais pertencentes ao programa de melhoramento Conexão Delta G, e um conjunto de 3.545 animais genotipados com o chip de 50K e 131 touros pais com o de 777K. Os caracteres estudados foram o peso ao sobreano ajustado para 550 dias (PS550), ganho de peso pós-desmama ajustado para os 345 dias (GPD345) e os escores visuais de conformação (CS), precocidade (PS), musculatura (MS), tamanho (TS) e umbigo (US) ao sobreano. Os fenótipos foram ajustados por um modelo animal, o qual foi usado para predizer os valores genéticos e, posteriormente, estes foram usados para calcular os valores genéticos desregredidos. Os animais genotipados para as características estudadas foram divididos em quatro grupos, por duas estratégias de validação cruzada, K-médias e aleatoriamente. A acurácia média foi de 0,54 entre todas as características, variando de 0,19 a 0,83, indicando que predições genômicas podem ser utilizadas como uma ferramenta para aumentar a eficiência de seleção para as características de crescimento e escores visuais em bovinos Hereford e Braford.

**Palavras-chave:** acurácia de predição, bovinos de corte, conformação, peso

#### Accuracy of genomic selection for growth traits and visual scores at yearling in Braford and Hereford cattle

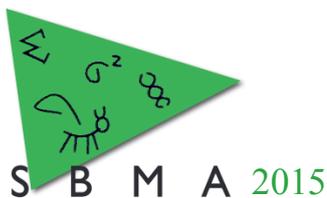
**Abstract:** The aim of this study was to evaluate the accuracy of genomic predictions using the GBLUP and ssGBLUP methods for yearling growth traits and visual scores in Hereford and Braford cattle. Data of 126,290 animals belonging Delta Connection G breeding program and a set of 3,545 animals genotyped with the 50K chip and 131 sires with the 777K were used. The studied traits were yearling weight adjusted to 550 days (YW550), post-weaning weight gain adjusted for 345 days (PWW345) and yearling visual scores of conformation (YC), precocity (YP), muscling (YM) body size (YS) and navel size (YN). The phenotypes were adjusted by an animal model, which was used to predict breeding values and after that, they were used to calculate the deregressed genetic values. The genotyped and phenotyped animals for each trait were divided into four groups by two cross validation strategy, K-means and random clustering. The mean accuracy value was 0.54 across traits, ranging from 0.19 to 0.83, and indicating that genomic predictions could be used as a tool to increase the efficiency of selection for growth traits and visual scores in Hereford and Braford cattle.

**Keywords:** accuracy of prediction, beef cattle, conformation, weight

#### Introdução

O melhoramento genético de características de importância econômica, tradicionalmente, tem sido realizado com base na metodologia dos modelos mistos, incorporando dados de genealogia e do fenótipo do animal e de seus parentes para obtenção dos valores genéticos dos indivíduos através do BLUP (Best Linear Unbiased Prediction).

Com os avanços tecnológicos que vem ocorrendo na área molecular, tornou-se possível o desenvolvimento de novos métodos de avaliação genética que podem incorporar informações genômicas aos métodos tradicionais. A inclusão de dados fornecidos pelos marcadores moleculares cobrindo todo o genoma no processo de predição do mérito genético, além dos dados de desempenho e de pedigree, é



## XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

denominado seleção genômica (Meuwissen et al., 2001). Através dela, obtém-se maiores ganhos genéticos devido a maior acurácia de seleção e ao menor intervalo de gerações. O objetivo deste trabalho foi avaliar a acurácia das predições genômicas, utilizando os métodos GBLUP e ssGBLUP, para características de crescimento e escores visuais ao sobreano em animais das raças Hereford e Braford.

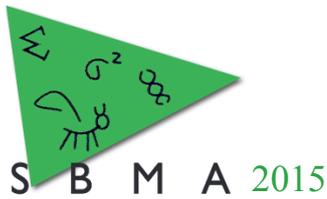
### Material e Métodos

Foram utilizados registros fenotípicos de 126.290 animais das raças Hereford e Braford nascidos entre os anos de 1991 a 2012, pertencentes ao programa de melhoramento Conexão Delta G, localizados no estado do Rio Grande do Sul, Brasil. Um conjunto de 3.545 animais genotipados com o chip de 50K e 131 touros pais com o chip de alta densidade (777K) foi utilizado no estudo. Os caracteres estudados foram o peso ao sobreano ajustado para 550 dias (PS550), ganho de peso pós-desmama ajustado para os 345 dias (GPD345), e os escores visuais de conformação (CS), precocidade (PS), musculatura (MS), tamanho (TS) e umbigo (US) ao sobreano. Posteriormente a consistência dos dados, o número de animais com fenótipos para cada característica foi de 53.505 para PS550, 53.470 para GPD345, 52.927 para CS, 53.144 para PS, 53.113 para MS, 47.150 para TS e 35.006 para US e após o controle de qualidade dos marcadores, 41.045 SNPs foram utilizados nas análises. O número de animais com genótipo e fenótipo variou de acordo com a característica analisada. Primeiramente, foram estimados os componentes de (co)variâncias, herdabilidades e valores genéticos utilizando um modelo animal, considerando os efeitos fixos de grupos contemporâneos (GC – mesma fazenda, sexo, ano e estação de nascimento, grupo de manejo e data do sobreano) e classes de idade da vaca; o coeficiente linear de proporção de Nelore e heterozigotidade; os coeficientes linear e quadrático da idade do animal, e os efeitos aleatório aditivo e residual. A abordagem proposta por Garrick et al. (2009) foi usada para calcular os valores genéticos desregredidos (DEBV) e correspondentes ponderadores, os quais foram usados para estimar os efeitos dos marcadores para a metodologia Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP). O método de passo único (ssGBLUP) de Misztal et al. (2009), combinando simultaneamente as informações dos SNPs, fenótipo e o pedigree, também foi utilizado.

Os animais genotipados para as características estudadas foram divididos em quatro grupos, por duas estratégias de validação cruzada: agrupamento em função do parentesco, pelo método K-médias, e de forma aleatória, com a finalidade de formar grupos de treinamento e validação independentes. A validação cruzada foi realizada no grupo não usado no treinamento. As acurácias de predição foram derivadas a partir da correlação genética entre o fenótipo ajustado para os efeitos fixos e o valor genômico direto (DGV) ou o valor genético genômico (GEBV), estimadas em um modelo animal bicaráter usando uma matriz de parentesco, conforme Saatchi et al. (2013). O coeficiente de regressão do valor genético tradicional (EBV) sobre o DGV/GEBV foi calculado para avaliar o grau de inflação/deflação das predições genômicas.

### Resultados e Discussão

As correlações genéticas entre o fenótipo ajustado e as predições genômicas para as características de crescimento foram de baixa a média magnitude, entre 0,19 a 0,57 para o agrupamento K-médias, e de magnitude mediana para o agrupamento de forma aleatória, com os valores variando de 0,44 a 0,58 (Tabela 1). Os valores divergem devido ao método K-médias representar populações mais distantes, e no aleatório, a validação é realizada dentro da mesma população. Para os escores visuais, os valores de acurácia foram de médios a altos, tanto para o método K-médias de 0,27 a 0,60, como para o agrupamento aleatório, de 0,51 a 0,83. Saatchi et al. (2013), trabalhando com animais da raça Hereford e usando modelos de regressão bayesiana (Bayes B e Bayes C) para estimação dos efeitos dos marcadores, encontraram valores de acurácias para a característica de peso ao sobreano menores do que o presente trabalho, variando de 0,16 a 0,27 para o agrupamento K-médias, e de 0,43 a 0,37 usado o método de validação aleatório. Os valores de acurácia para os escores visuais do presente estudo, foram semelhantes aos relatados por Neves et al. (2014), trabalhando com animais da raça Nelore e utilizando as metodologias GBLUP, Bayes C e Bayes Lasso, variando de 0,29 a 0,74, dependendo do método utilizado. Os diferentes valores de acurácia nestes trabalhos, podem ser atribuídos a diferenças de herdabilidades entre as características estudadas, tamanho efetivo da população e o tipo de metodologia empregada para estimar os efeitos dos SNPs.



XI Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal  
Santa Maria, RS – 07 e 08 de setembro de 2015

Tabela 1. Correlações genéticas entre o fenótipo ajustado para os efeitos fixos e predições dos valores genômicos diretos (DGV) ou valor genético genômico (GEBV) pelo método de agrupamento K-médias ou aleatório para as características estudadas.

Características <sup>1</sup>	K-médias			Aleatório		
	BLUP	GBLUP	ssGBLUP	BLUP	GBLUP	ssGBLUP
PS550	0,37±0,13	0,45±0,16	0,57±0,16	0,40±0,13	0,44±0,13	0,58±0,13
GPD345	0,14±0,09	0,19±0,12	0,22±0,14	0,31±0,19	0,50±0,22	0,54±0,22
CS	0,33±0,14	0,41±0,15	0,45±0,15	0,47±0,25	0,65±0,21	0,67±0,22
PS	0,29±0,21	0,45±0,26	0,56±0,21	0,51±0,26	0,76±0,17	0,82±0,19
MS	0,22±0,05	0,27±0,05	0,30±0,05	0,40±0,15	0,51±0,19	0,57±0,17
TS	0,29±0,07	0,43±0,07	0,50±0,08	0,57±0,27	0,77±0,17	0,83±0,17
US	0,25±0,05	0,60±0,07	0,62±0,11	0,40±0,10	0,74±0,09	0,77±0,13

<sup>1</sup>PS550: peso ao sobreano ajustado para 550 dias, GPD345: ganho de peso pós-desmama ajustado para os 345 dias, CS: conformação ao sobreano, PS: precocidade ao sobreano, MS: musculatura ao sobreano, TS: tamanho ao sobreano, US: umbigo ao sobreano.

Para todas as características, os métodos genômicos foram superiores ao BLUP Tradicional, com destaque para a metodologia de passo único (ssGBLUP), que combina informações genômicas e de parentesco, com incrementos variando de 54% e 57% usando o agrupamento K-médias e de 45% a 74% para o método aleatório, para as características PS550 e GPD345, respectivamente. Para os escores visuais, os menores ganhos foram para MS (34% para o agrupamento K-médias e 42,5% para o aleatório) e os maiores para US (148% para o método K-médias e 92,5% para o aleatório).

Os coeficientes de regressão dos EBV/DEBV sobre as predições genômicas foram estimados como indicadores do viés de predição (dados não mostrados), e variaram para o método GBLUP de 0,30 a 0,83. Para a metodologia ssGBLUP os resultados foram de 0,57 a 0,66. Os dois métodos apresentaram superestimação das predições genômicas, com valores dos coeficientes abaixo da unidade (1), indicando um viés de predição nas metodologias usadas. Uma alternativa para reduzir o viés, é testar a utilização de métodos bayesianos, considerando diferentes pressuposições sobre os efeitos dos marcadores, o que poderá produzir predições genômicas mais acuradas.

### Conclusões

Valores de acurácia de baixos a médios para o método K-médias, e de médios a altos para o aleatório, obtidos no presente trabalho, indicam que predições genômicas podem ser utilizadas como uma ferramenta para aumentar a eficiência de seleção para as características de crescimento e escores visuais em bovinos Hereford e Braford.

A metodologia de passo único ssGBLUP foi a que proporcionou maiores incrementos em acurácia. No entanto, são necessários outros estudos, com metodologias diferentes para tentar corrigir o viés de predição.

### Literatura citada

- Garrick, D.J.; Taylor, J.F.; Fernando, R.L. 2009. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genetic Selection Evolution* 41-55.
- Meuwissen, T.H.E.; Hayes, B.J.; Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819-1829.
- Misztal, I.; Legarra, A.; Aguilar, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal Dairy Science* 92:4648-4655.
- Neves, H.H., Carvalheiro, R., O'Brien, A.M., Utsunomiya, Y.T., Do Carmo, A.S., Schenkel, F.S., Sölkner, J., McEwan, J.C., Van Tassell, C.P., Cole, J.B., Da Silva, M.V., Queiroz, S.A., Sonstegard, T.S., Garcia, J.F. 2014. Accuracy of genomic predictions in *Bos indicus* (Nelore) cattle. *Genetic Selection Evolution* 46:17.
- Saatchi, M.; Ward, J.; Garrick, D.J. 2013. Accuracies of direct genomic breeding values in Hereford beef cattle using national or international training populations. *Journal of Animal Science* 91:1538-1551.