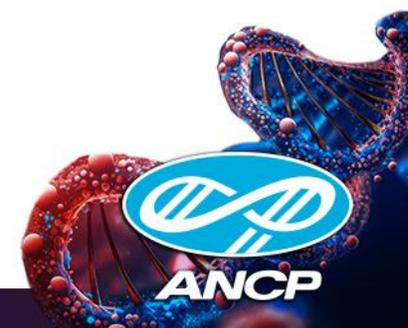


Avaliação genômica multirracial em raças zebuínas de corte

Prof. Fernando Baldi
Unesp FCAV
ANCP

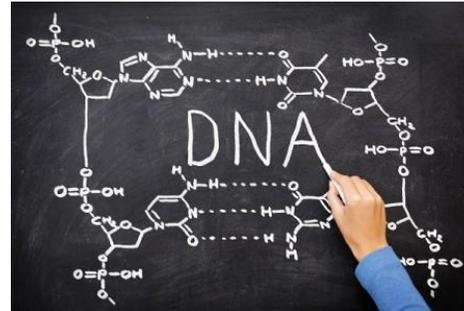
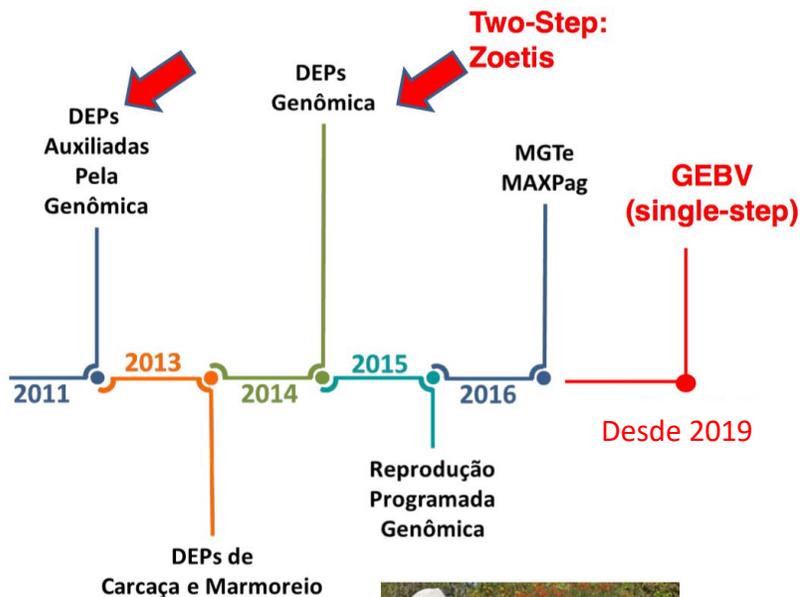
Uberaba 18 agosto 2023



Roteiro

- ✓ Evolução das avaliações genômicas na ANCP
- ✓ Impacto produtivo das avaliações genômicas
- ✓ O desafio nas raças Brahman, Guzerá e Tabapuã
- ✓ Metafundadores na avaliação genômica multirracial
- ✓ Resultados do projeto seleção genômica multirracial
- ✓ Impactos da avaliação genômica multirracial nas raças Brahman, Guzerá e Tabapuã
- ✓ Comentários Finais

Evolução das avaliações genômicas na ANCP

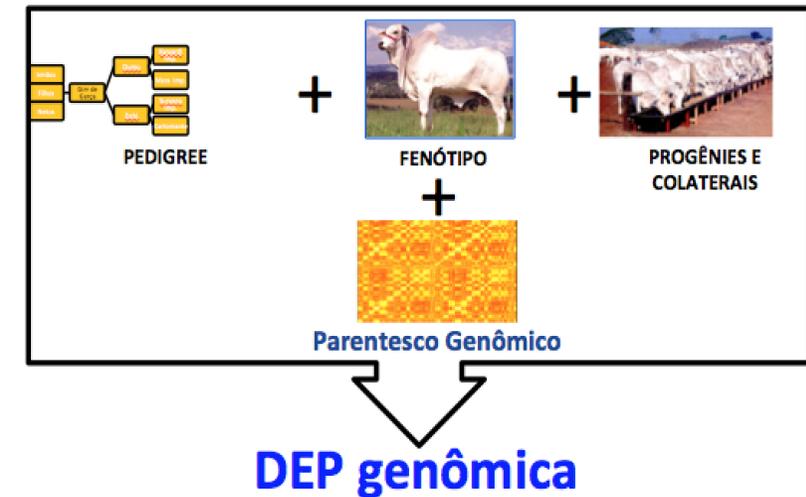


$$H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Matriz de parentesco genômica

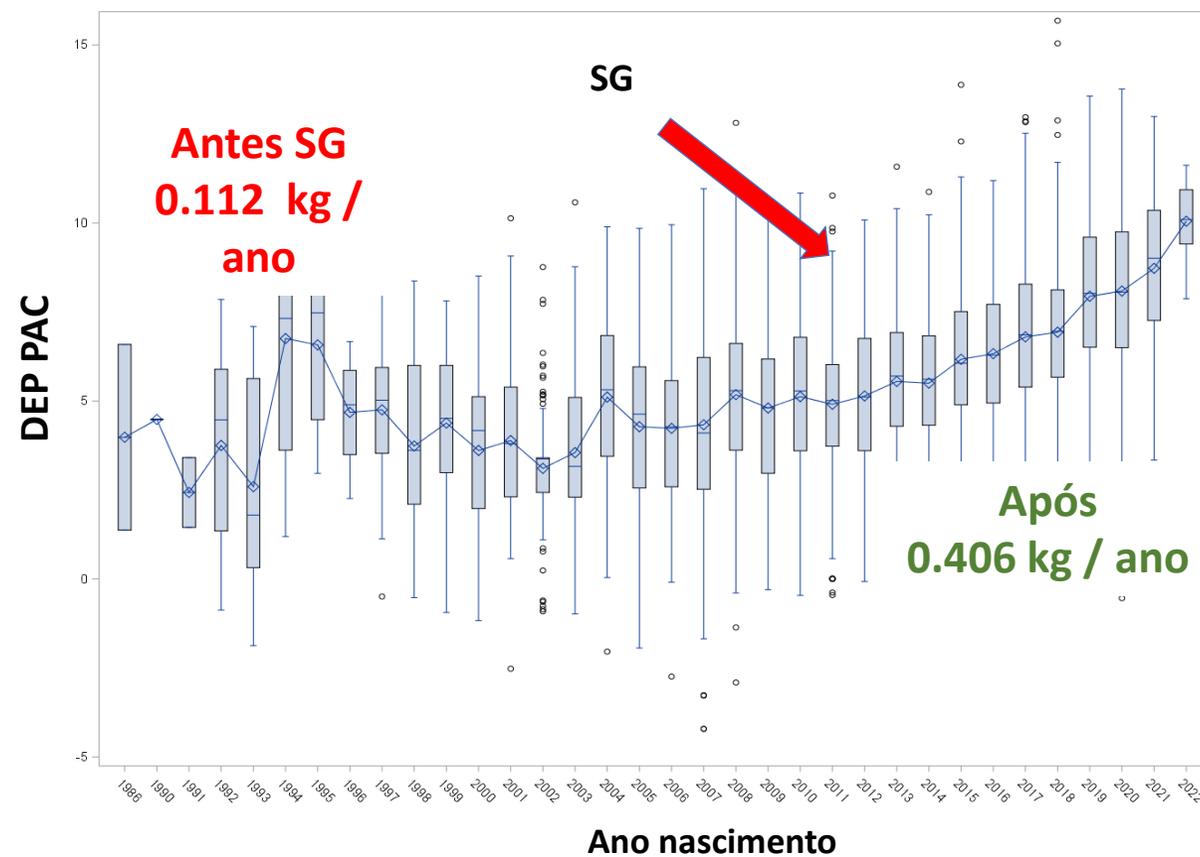
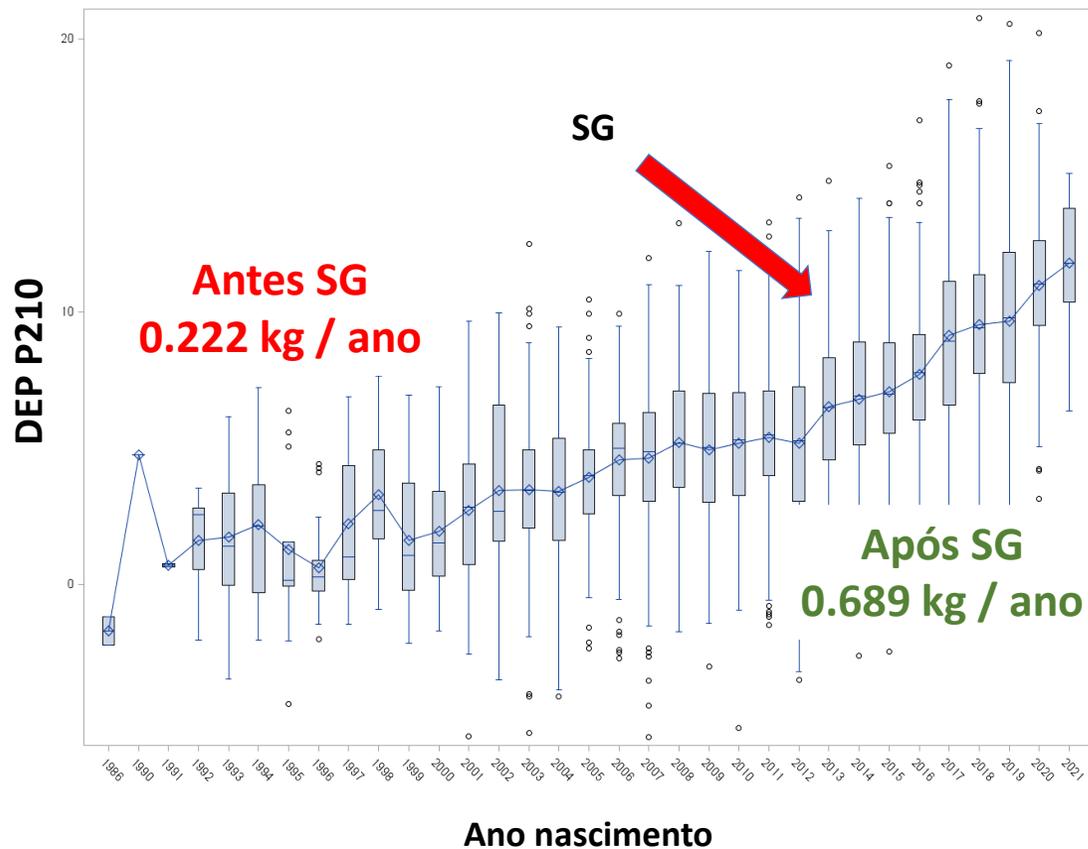
Matriz de parentesco (A^{-1}) de animais genotipados

Método de um passo (ssGBLUP):



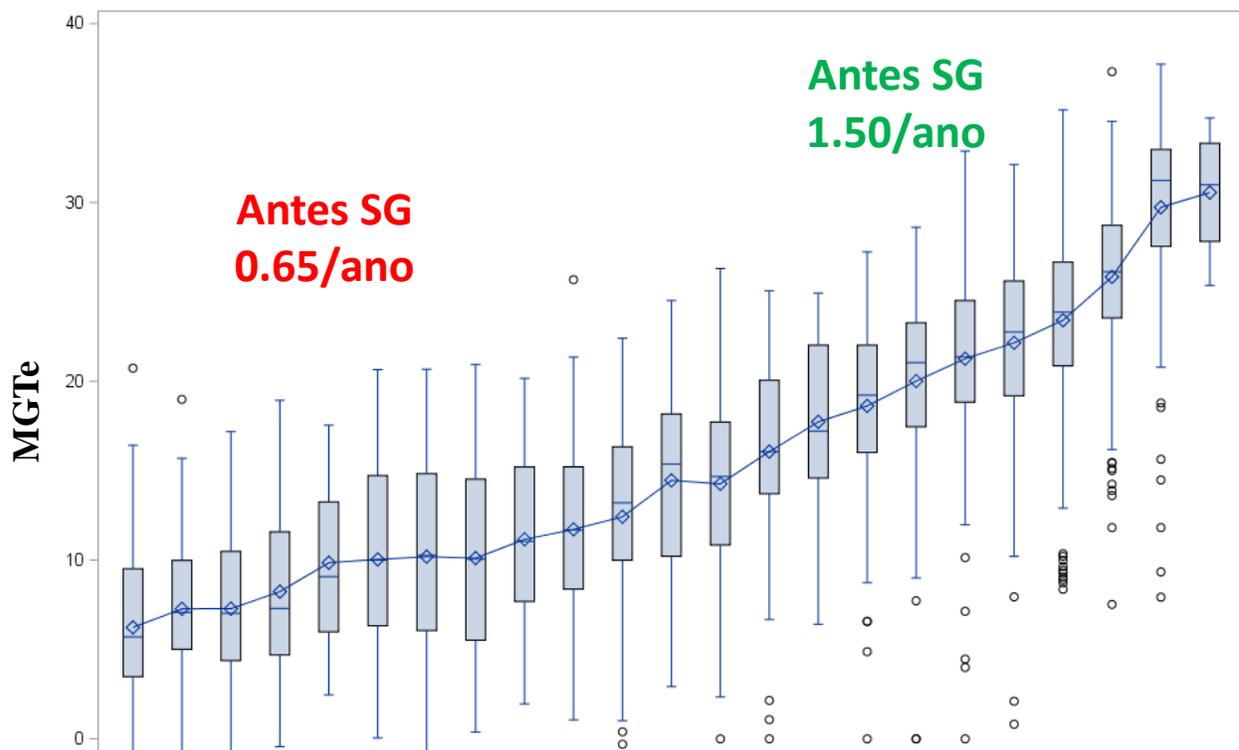
**Qual tem sido o impacto da genômica
na raça Nelore?**

Tendências genéticas para P210 e PAC:

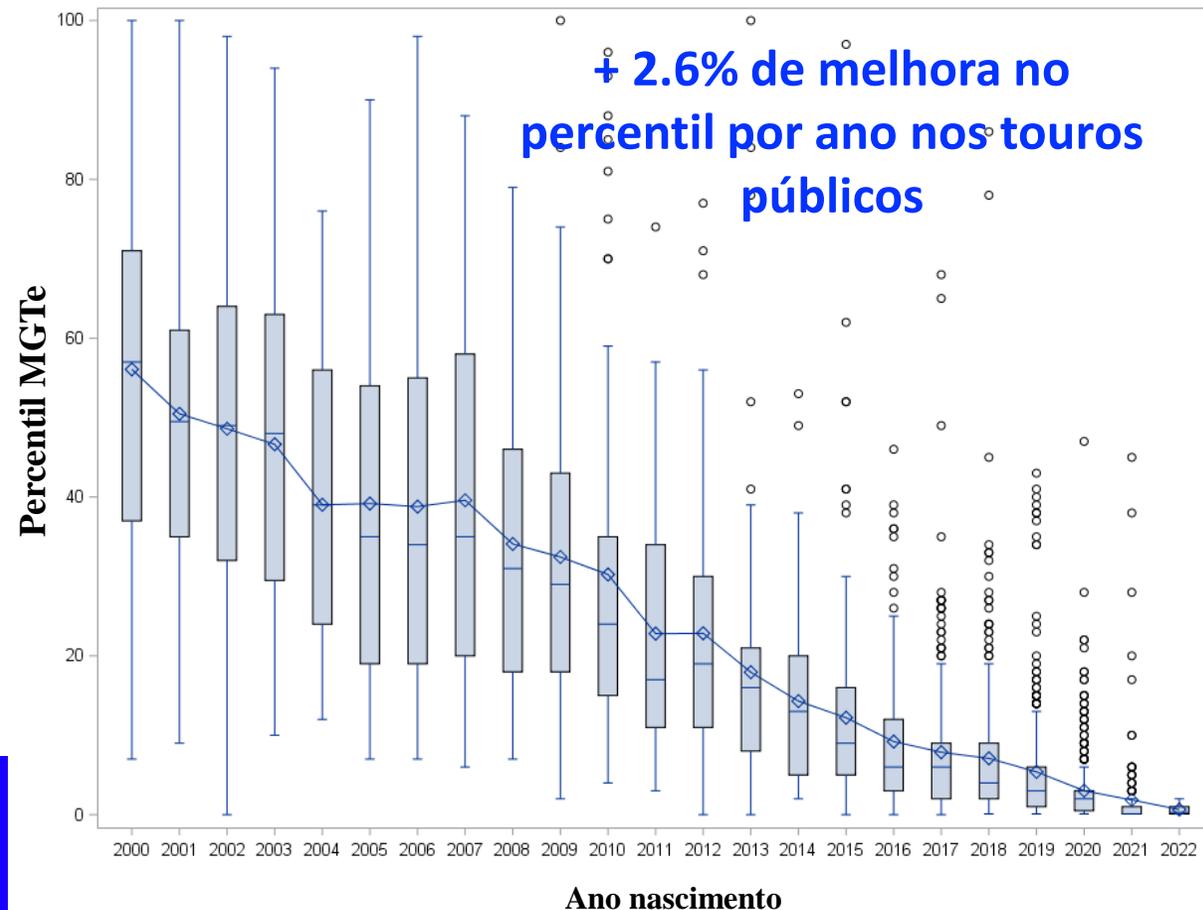


Evolução do MGTe e do percentil do MGTe touros públicos

2840 touros públicos Nelore

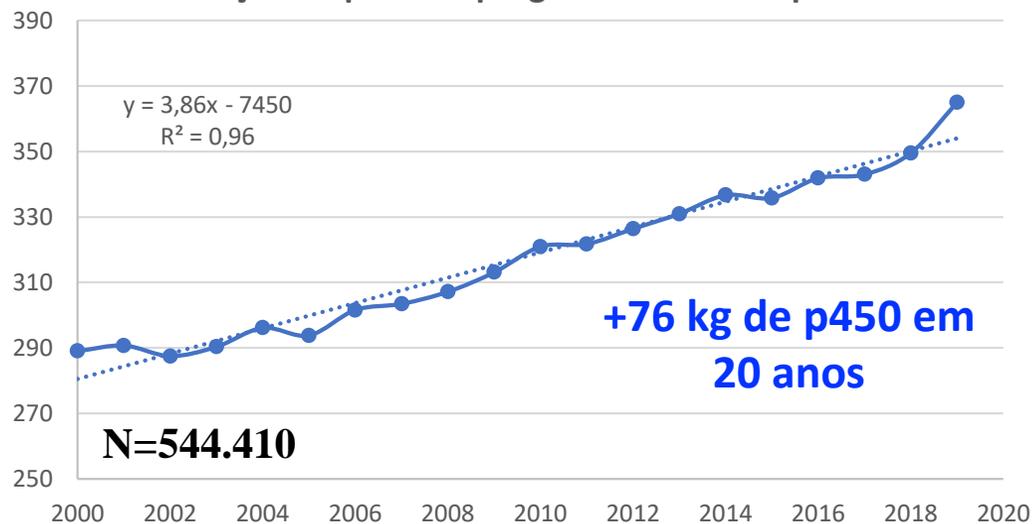


Touros jovens são em media melhor classificados

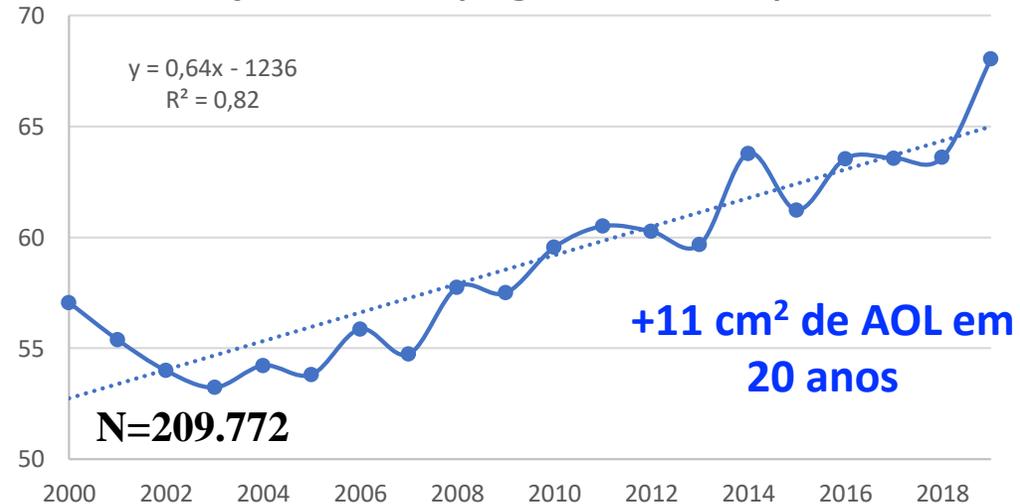


Evolução fenotípica das progênes de touros públicos

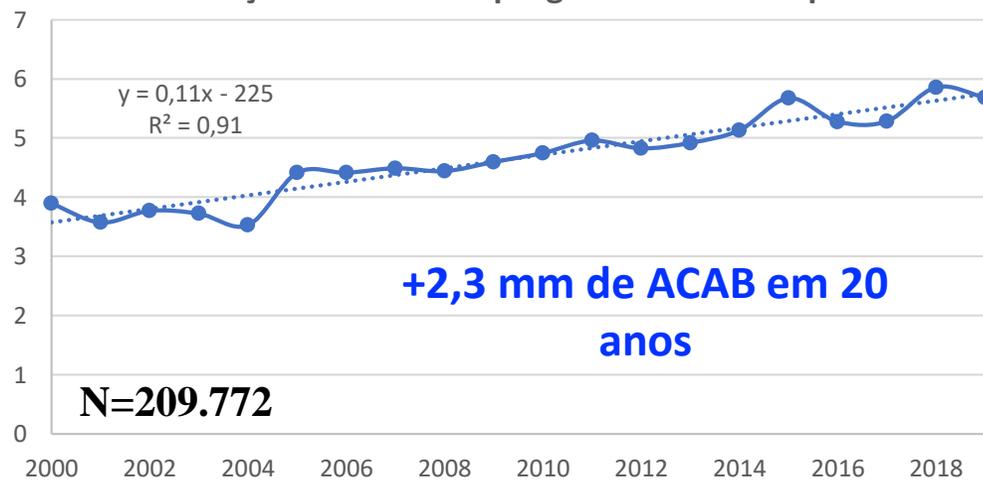
Evolução de p450 de progênes de touros publicos



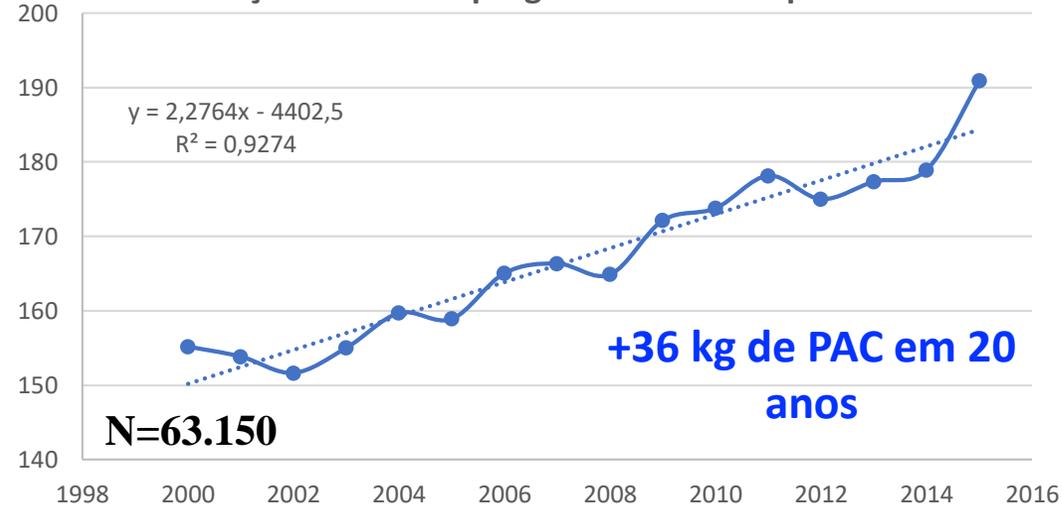
Evolução de AOL de progênes de touros publicos



Evolução de ACAB de progênes de touros publicos



Evolução de PAC de progênes de touros publicos



Capacidade preditiva do genótipo em animais jovens da raça Nelore

- Aumento no número de animais com fenótipo e genótipo (**pop. referência**)
- Aumento na **capacidade preditiva do genótipo** em animais jovens
- Maior **estabilidade na avaliação genômica** de animais jovens genotipados
- Incremento no ganho genético do MGTe dos rebanhos
 - Aprox. 0,9 unidades/ano e 3% de percentil
- **Necessidade de continuar a coleta de fenótipos** para manter a estabilidade das DEP genômicas dos animais jovens das próximas gerações
- **O sucesso depende da calibração com novos fenótipos a cada avaliação!**

**Qual tem sido o impacto da
genômica nas raças
Brahman, Tabapuã e Guzerá?**

Avaliação genômica nas raças Brahman, Guzerá e Tabapuã

- ✓ ANCP inicia avaliações genômicas nas raças Brahman, Guzera e Tabapuã em janeiro de 2019
- ✓ Brahman, Guzerá e Tabapuã: **menor base de fenótipos e genótipos**
- ✓ Menor número de touros com progênie genotipadas e fenotipadas
- ✓ **Menor tamanho da população de referência** para calibrar os marcadores para as raças Brahman, Guzera e Tabapuã
- ✓ **Menor impacto da seleção genômica nas raças Brahman, Guzera e Tabapuã:**
não capitalizamos as vantagens da genômica

Como incrementar o impacto das informações genômicas nas raças Brahman, Guzerá e Tabapuã?

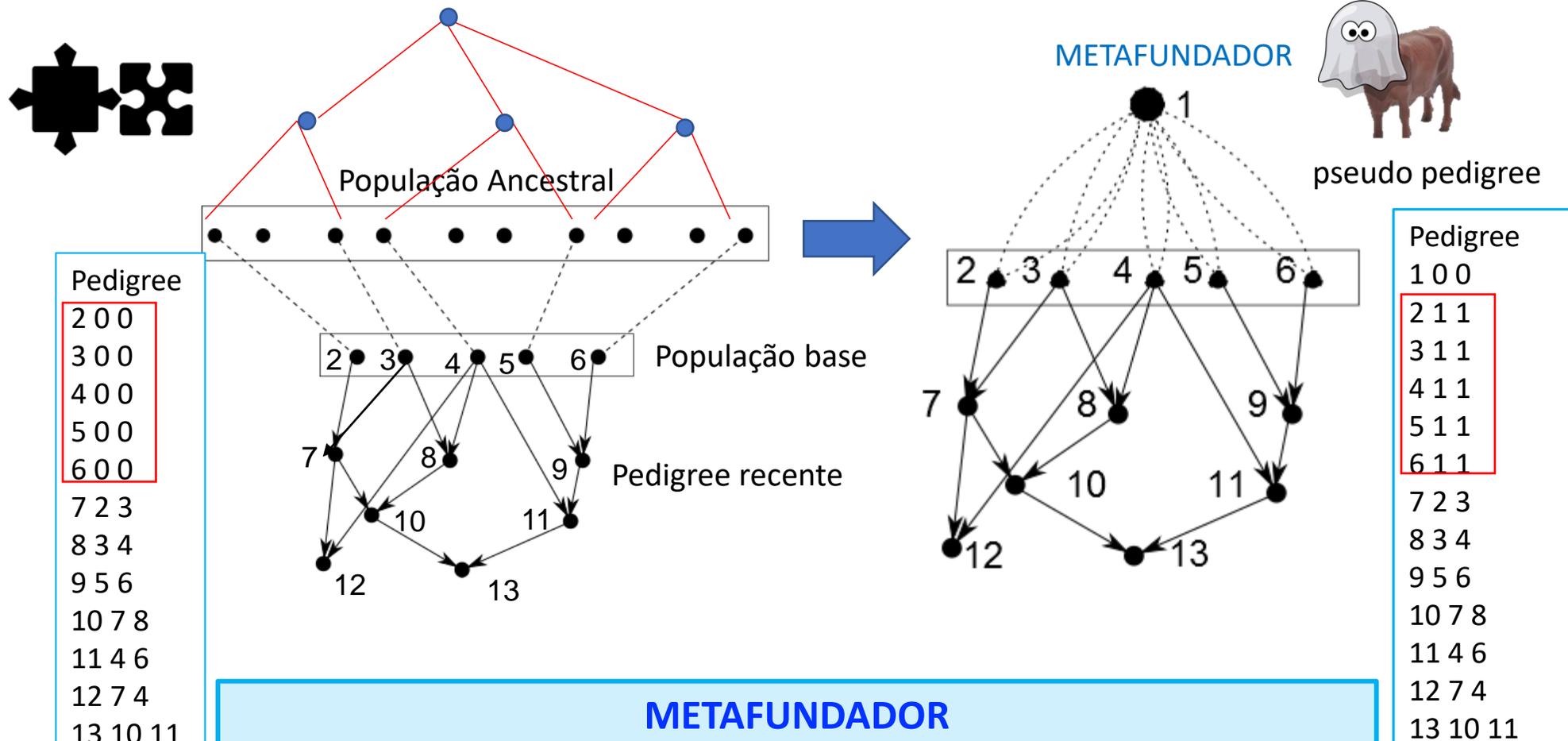
A longo prazo: aumentar a genotipagem de animais fenotipados

A curto prazo: “aproveitar” a proximidade com raça Nelore
(avaliação de multirracial)

Desafios da avaliação genômica multirracial

- ✓ Avaliação multirracial não é apenas “**juntar**” ou “**mesclar**” base de dados
- ✓ As informações de pedigree e genômicas devem ser **compatíveis entre as raças**
- ✓ É necessário que as informações de genealogia e genômica se refiram à **mesma população base**
- ✓ **Metodologia de Metafundadores: permite considerar a relação dentro e entre as populações de base**

Metodologia de Metafundadores

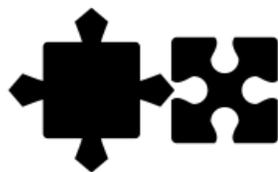


METAFOUNDADOR

- ✓ Pseudo-indivíduo considerado pai e mãe de todos os animais de base.
- ✓ Representa um conjunto de gametas ancestrais.
- ✓ Condensa as informações sobre as relações ancestrais na população.

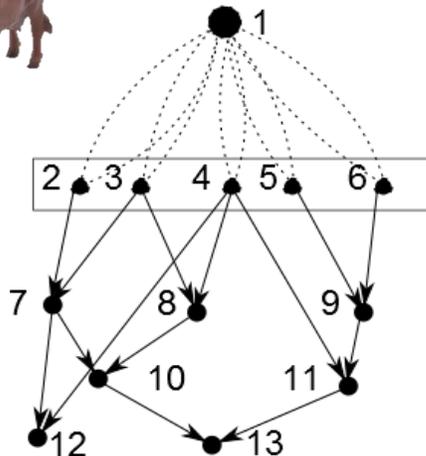
Christensen (2012)
Legarra *et al.* (2015)

Aplicação de Metafundadores Multiracial

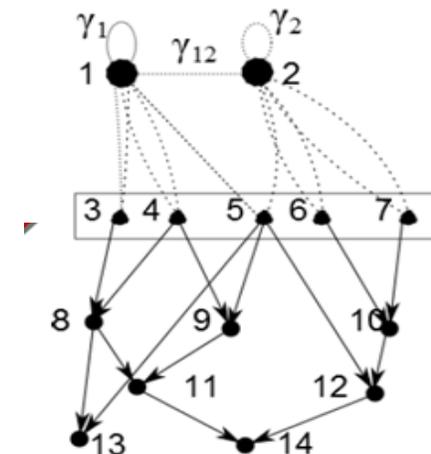
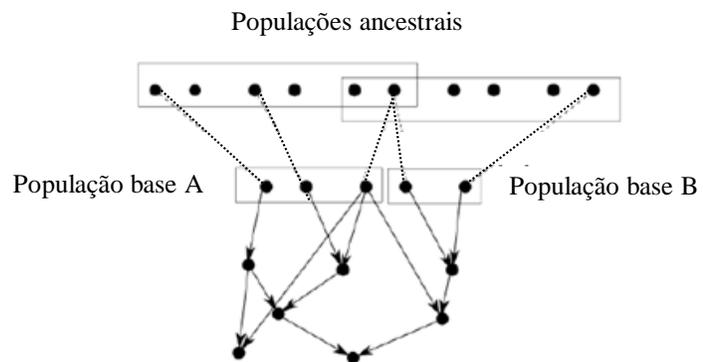


Relações

Entre os animais de base **dentro de uma população**



Entre animais base **de diferentes populações**





Metafounders May Reduce Bias in Composite Cattle Genomic Predictions

Sabrina Kluska^{1,2*}, Yutaka Masuda², José Bento Serman Ferraz², Shogo Tsuruta², Joaíir Pereira Eler², Fernando Baldi¹ and Daniela Lourenco²

¹Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Jaboticabal, Brazil; ²Department of Animal and Dairy Sciences, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brazil; ³Departamento de Medicina Veterinária, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brazil

Metafounders are pseudo-individuals that act as proxies for animals in base populations. When metafounders are used, individuals from different breeds can be related through pedigree, improving the compatibility between genomic and pedigree relationships. The aim of this study was to investigate the use of metafounders and unknown parent groups (UPGs) for the genomic evaluation of a composite beef cattle population. Phenotypes were available for scrotal circumference at 14 months of age (SC14), post weaning gain (PWG), weaning weight (WW), and birth weight (BW). The pedigree included 680,551 animals, of which 1,899 were genotyped for or imputed to around 30,000 single-nucleotide polymorphisms (SNPs). Evaluations were performed based on pedigree (BLUP), pedigree with UPGs (BLUP_UPG), pedigree with metafounders (BLUP_MF), single-step genomic BLUP (ssGBLUP), ssGBLUP with UPGs for genomic and pedigree relationship matrices (ssGBLUP_UPG) or only for the pedigree relationship matrix (ssGBLUP_UPGA), and ssGBLUP with metafounders (ssGBLUP_MF). Each evaluation considered either four or 10 groups that were assigned based on breed of founders and intermediate crosses. To evaluate model performance, we used a validation method based on linear regression statistics to obtain accuracy, stability, dispersion, and bias of (genomic) estimated breeding value [(G)EBV]. Overall, relationships within and among metafounders were stronger in the scenario with 10 metafounders. Accuracy was greater for models with genomic information than for BLUP. Also, the stability of (G)EBVs was greater when genomic information was taken into account. Overall, pedigree-based methods showed lower inflation/deflation (regression coefficients close to 1.0) for SC14, WWM, and BWD traits. The level of inflation/deflation for genomic models was small and trait-dependent. Compared with regular ssGBLUP, ssGBLUP_MF4 displayed regression coefficient closer to one SC14, PWG, WWM, and BWD. Genomic models with metafounders seemed to be slightly more stable than models with UPGs based on higher similarity of results with different numbers of groups. Further, metafounders can help to reduce bias in genomic evaluations of composite beef cattle populations without reducing the stability of GEVVs.

TABLE 6 | Biases and standard errors of (G)EBV estimated as differences between direct and maternal mean (G)EBV from reduced and complete datasets using various models with and without genetic groups.

Model	SC14	PWG	WWD	WWM	BWD	BWM
BLUP	-0.13 (0.03)	0.02 (0.09)	-1.29 (0.28)	-0.32 (0.04)	-0.07 (0.05)	-0.05 (0.00)
BLUP_UPG4	-0.15 (0.03)	-0.01 (0.09)	-1.36 (0.28)	-0.17 (0.04)	-0.09 (0.05)	-0.02 (0.00)
BLUP_UPG10	-0.49 (0.03)	-0.19 (0.09)	-1.78 (0.27)	-0.22 (0.04)	-0.09 (0.05)	-0.17 (0.01)
BLUP_MF4	-0.15 (0.03)	0.03 (0.09)	-1.50 (0.28)	-0.21 (0.04)	-0.11 (0.05)	-0.00 (0.00)
BLUP_MF10	-0.17 (0.03)	0.07 (0.08)	-1.45 (0.27)	-0.28 (0.04)	-0.10 (0.04)	-0.03 (0.00)
ssGBLUP	-0.18 (0.03)	-0.08 (0.09)	-1.53 (0.25)	-0.25 (0.04)	-0.07 (0.04)	-0.01 (0.00)
ssGBLUP_UPG4	-0.15 (0.03)	0.01 (0.09)	-1.49 (0.25)	1.92 (0.04)	-0.09 (0.04)	0.59 (0.00)
ssGBLUP_UPG10	-0.48 (0.03)	-0.29 (0.09)	-2.31 (0.25)	0.15 (0.04)	0.01 (0.04)	-0.14 (0.00)
ssGBLUP_UPGA4	0.16 (0.03)	1.16 (0.30)	3.73 (0.25)	0.51 (0.16)	-0.35 (0.05)	-0.18 (0.01)
ssGBLUP_UPGA10	-0.84 (0.04)	-5.66 (0.12)	2.65 (0.28)	-5.34 (0.02)	-0.36 (0.04)	0.00 (0.01)
ssGBLUP_MF4	-0.16 (0.03)	-0.05 (0.08)	1.40 (0.23)	-0.04 (0.03)	-0.25 (0.03)	-0.03 (0.00)
ssGBLUP_MF10	-0.48 (0.03)	-0.09 (0.07)	-2.31 (0.21)	0.36 (0.03)	0.05 (0.04)	-0.21 (0.00)

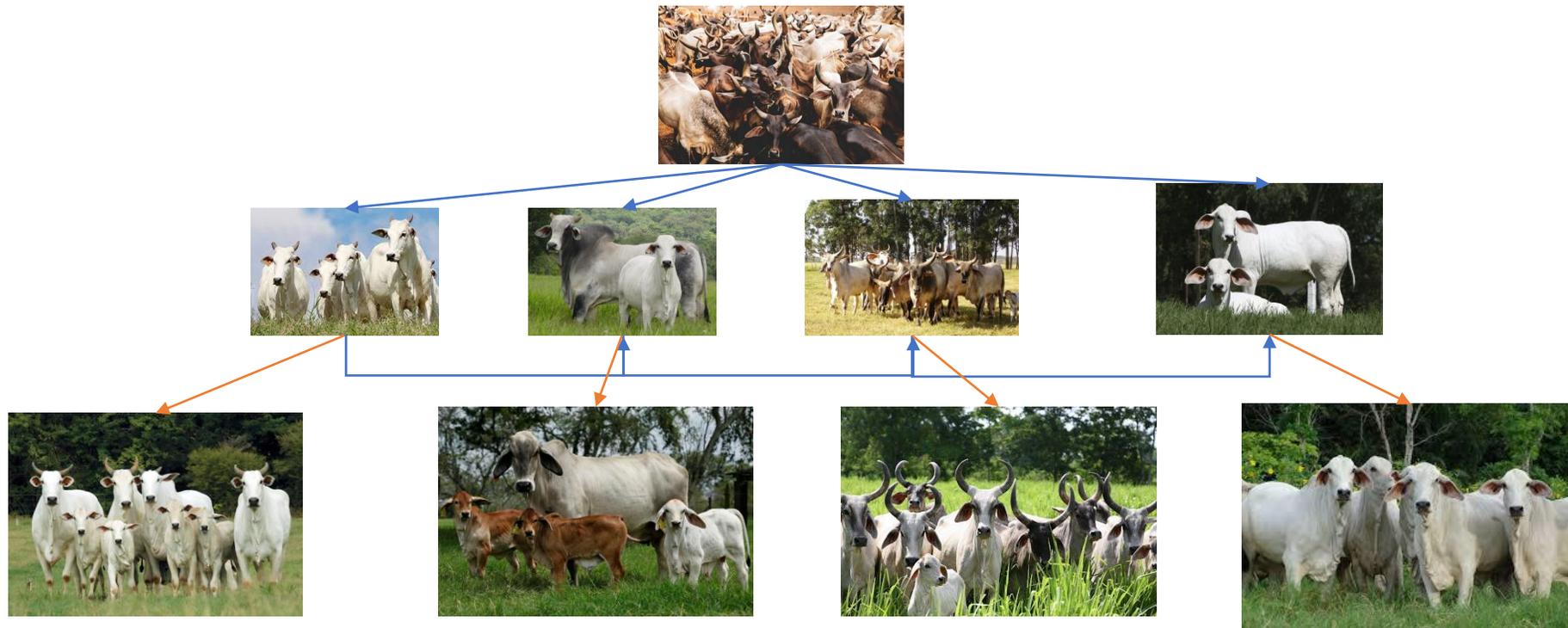
SC14, scrotal circumference at 14 months of age; PWG, post weaning gain; WWD, weaning weight direct; WWM, weaning weight maternal; BWD, birth weight direct; BWM, birth weight maternal.

- ✓ Modelos genômicos com metafundadores foram mais estáveis
- ✓ Os metafundadores reduziram a superestimação nas avaliações genômicas



Avaliação genômica multirracial com metafundadores

Identificamos relações de parentesco antigas



A informação entre as diferentes raças é conectada ou compartilhada por meio das regiões genômicas herdadas em comum, oriundas de um mesmo ancestral em comum ou ancestrais parentes

Predições genômicas para características de importância produtiva em metapopulações de raças zebuínas de corte



Suporte financeiro:



Parceiras técnico/acadêmicos:



Objetivos

Avaliar o impacto da avaliação genômica conjunta ou multirracial das raças Nelore, Brahman, Tabapuã e Guzerá, utilizando a metodologia de metafundadores para características de crescimento, reprodutivas e carcaça

Estrutura genômica da metapopulação

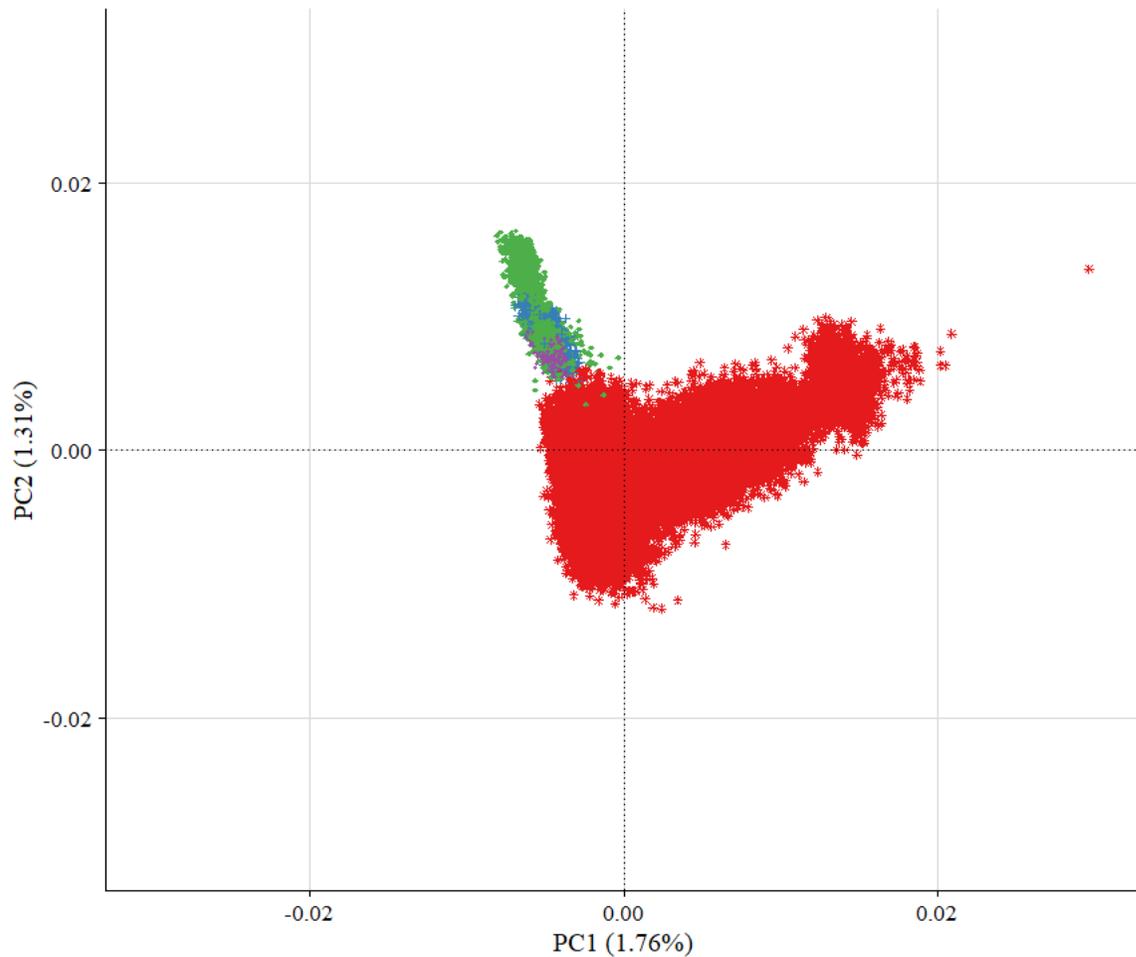


Figura 1: 1:Nelore; 2: Guzerá; 4:Brahman; 8:Tabapuã.

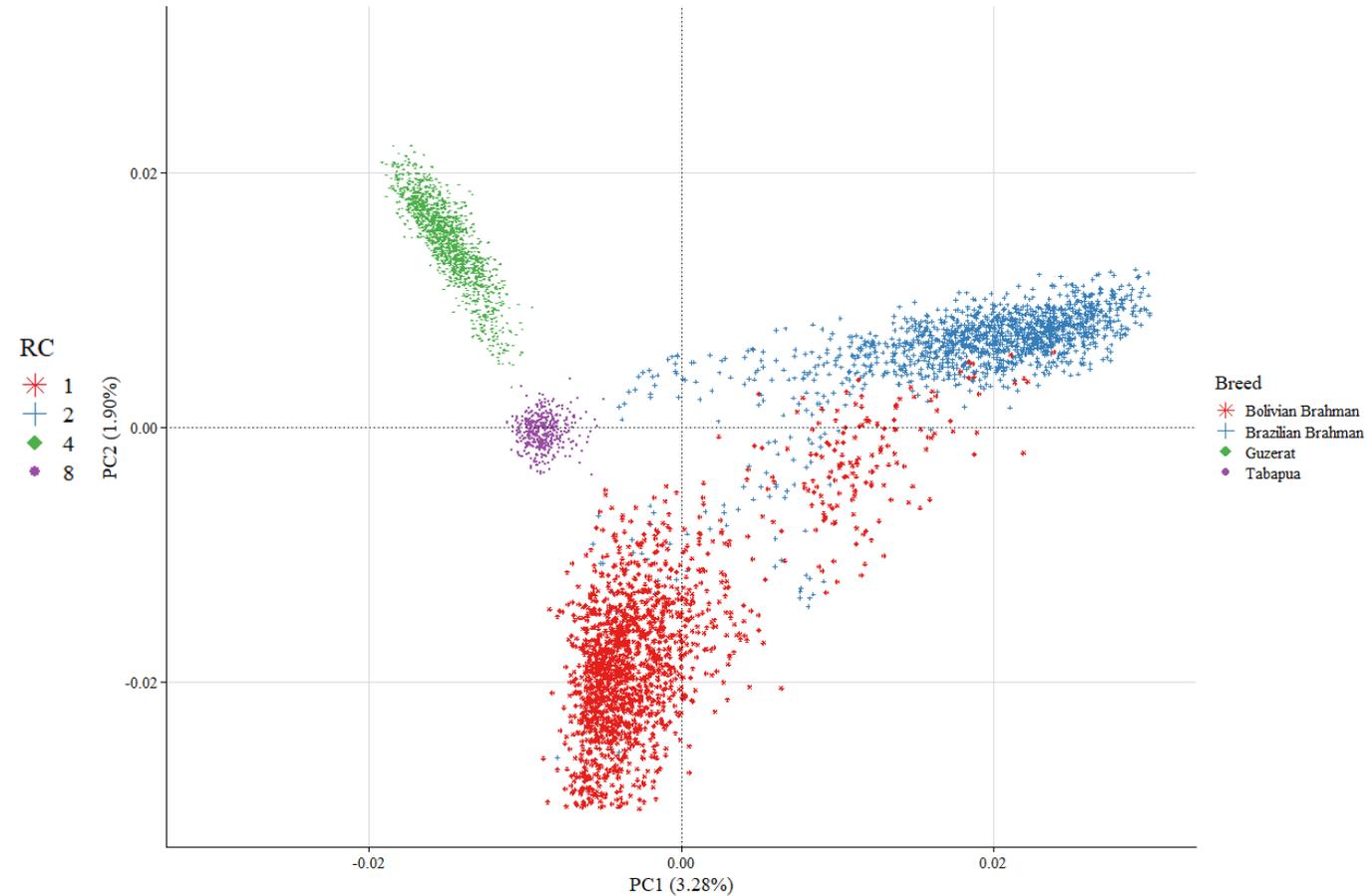


Figura 2: 2: Guzerá; 4:Brahman; 8:Tabapuã.

Número de registros fenotípicos e animais genotipados e estatística descritiva das características por raça¹

Característica	Raça	N _F	N _{GF}	N _G	Média	Desvio	Min	Max
AOL	Brahman	3816	168	3102	58.5	13.9	22.2	116.1
	Guzera	4759	463	1389	60.2	11.5	29.1	125.1
	Nelore	121023	50223	51471	59.5	11.8	18.5	121.2
	Tabapua	1497	108	427	55.4	10.9	28.8	97.1
ACAB	Brahman	3863	166	3102	4.07	2.27	0.15	28.2
	Guzera	4757	462	1389	4.82	2.5	0.90	23.37
	Nelore	120677	50140	51387	5.03	2.62	0.40	27.18
	Tabapua	1492	108	427	3.10	1.22	0.76	11.18
IPP	Brahman	33930	1308	3102	36.3	4.6	21.0	49.0
	Guzera	12153	397	1389	37.3	6.0	21.0	49.0
	Nelore	175829	42902	45155	32.8	6.6	21.0	49.0
	Tabapua	7681	68	427	37.5	5.8	21.0	49.0
PE365	Brahman	16536	423	3102	20.2	2.6	10.0	32.8
	Guzera	7164	342	1389	21.0	2.5	10.7	33.0
	Nelore	100513	25224	26703	22.4	2.7	10.0	34.6
	Tabapua	2168	102	427	21.7	2.4	15.8	34.2
P210	Brahman	88099	2327	3102	182.9	31.3	73.0	373.0
	Guzera	26632	1026	1389	188.7	36.5	69.0	414.0
	Nelore	204019	57448	58574	204.8	31.4	77.0	339.0
	Tabapua	9998	99	427	191.2	32.2	86.0	340.0
P450	Brahman	40923	1686	3102	271.2	56.6	77.0	633.0
	Guzera	21797	984	1389	290.9	65.3	107.0	683.0
	Nelore	150384	44435	46162	319.2	58.2	118.0	646.0
	Tabapua	6699	166	427	289.6	60.2	135.0	609.0

¹N_F:Número de animais com fenótipo; N_G: Número de animais com genótipo; N_{GF}: Número de animais com fenótipo e genótipo

Impacto na capacidade preditiva do genótipo
(DEP genômica): Animais jovens

Capacidade preditiva do genótipo: Animais jovens

Habilidade de predição (viés, dispersão e acurácia) dos modelos uniracial e multirracial utilizando os metafundadores nas raças Nelore, Brahman e Guzerá¹

Característica	Modelo	Brahman			Guzera			Tabapua			Nelore		
		Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés	Habilidade de predição	inflação	viés
AOL	Uniracial	0,19	0,89	0,12	0,18	0,71	0,33	0,16	1,01	0,13	0,65	1,19	0,04
	Multirracial	0,51	0,96	0,02	0,55	0,98	0,01	0,50	1,03	0,04	0,57	1,13	0,03
ACAB	Uniracial	0,33	1,01	0,05	0,44	1,23	0,00	0,17	1,17	0,03	0,99	0,96	0,02
	Multirracial	0,71	0,87	0,05	0,65	0,93	0,02	0,63	0,78	-0,03	0,99	0,96	0,02
P210	Uniracial	0,47	1,05	0,06	0,48	0,98	0,00	0,05	-0,05	0,07	0,76	1,02	0,79
	Multirracial	0,69	0,95	0,08	0,68	0,91	-0,04	0,58	1,00	0,09	0,75	0,96	0,14
P450	Uniracial	0,62	1,16	0,10	0,80	1,12	0,06	0,37	0,95	0,02	0,99	0,99	0,03
	Multirracial	0,91	0,99	0,09	0,99	0,97	-0,01	0,76	0,79	-0,13	0,99	0,99	0,03
IPP	Uniracial	0,54	0,94	0,10	0,53	1,06	-0,05	0,31	1,37	-0,05	0,56	0,95	0,01
	Multirracial	0,60	0,93	0,05	0,63	1,02	-0,003	0,45	1,37	-0,03	0,54	0,95	0,001
PE365	Uniracial	0,50	1,20	0,09	0,19	1,68	0,38	0,23	0,74	0,02	0,99	1,00	0,05
	Multirracial	0,60	0,94	0,13	0,50	0,73	0,03	0,56	0,99	-0,07	0,99	1,00	0,05

¹Uniracial: Modelo ssGBLUP específico para cada raça ou uniracial; Multirracial: Modelo ssGBLUP multirracial incluindo metafundadores (1 metafundador para cada raça);

Maior impacto em raças com populações de referencia menores

Amplitude da DEP genômica: Animais jovens

Estatística descritivas das DEPs genômicas em animais jovens sem fenotipo e com genótipo obtidas pelos modelos uniracial e multirracial utilizando os metafundadores nas raças Nelore, Brahman e Guzera¹

Característica	Modelo	Brahman				Guzera				Tabapua				Nelore			
		Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude	Média	Min	Max	Amplitude
AOL	Uniracial	1.05	-0.75	2.90	3.66	1.42	-0.62	4.16	4.78	0.91	-0.41	2.23	2.64	0.96	-5.87	7.40	13.27
	Multirracial	0.74	-3.94	4.86	8.80	1.66	-4.12	7.74	11.85	0.73	-2.38	5.32	7.71	0.87	-5.17	6.90	12.07
ACAB	Uniracial	0.21	-0.26	1.03	1.29	0.18	-0.56	1.28	1.84	0.09	-0.17	0.27	0.44	0.25	-2.39	2.72	5.10
	Multirracial	0.25	-1.78	1.61	3.39	0.07	-1.53	1.73	3.25	0.08	-1.45	1.42	2.87	0.23	-2.42	2.72	5.14
P210	Uniracial	8.73	-4.03	22.06	26.08	10.03	-3.95	22.23	26.18	6.98	2.31	12.34	10.03	5.96	-20.77	35.06	55.83
	Multirracial	9.71	-12.78	29.24	42.01	8.03	-8.52	28.44	36.96	5.47	-7.06	20.29	27.35	5.57	-22.16	35.60	57.76
P450	Uniracial	10.73	-14.34	22.47	36.81	10.28	-6.48	27.61	34.09	8.51	1.53	19.53	18.00	7.98	-29.64	49.04	78.67
	Multirracial	7.23	-18.54	33.35	51.90	6.48	-20.61	31.61	52.22	7.26	-13.57	25.83	39.40	6.98	-30.47	46.64	77.11
IPP	Uniracial	0.03	-2.12	1.24	3.36	-0.47	-2.05	1.19	3.24	-0.31	-1.01	0.42	1.43	-0.13	-2.12	1.99	4.11
	Multirracial	1.14	-1.32	2.93	4.25	0.43	-1.66	2.73	4.39	0.35	-0.86	1.87	2.73	-0.05	-2.03	1.81	3.84
PE365	Uniracial	0.32	-0.88	1.68	2.57	0.04	-0.35	0.55	0.90	-0.00	-0.90	0.92	1.81	2.10	-1.98	5.25	7.24
	Multirracial	1.78	0.12	3.67	3.55	1.66	-0.05	3.32	3.37	1.31	-0.43	3.01	3.44	1.91	-2.14	4.99	7.13

¹Uniracial: Modelo ssGBLUP específico para cada raça ou uniracial; Multirracial: Modelo ssGBLUP multirracial incluindo metafundadores (1 metafundador para cada raça);

Maior amplitude nas DEPs de animais jovens, em raças com pequenas populações de referência

Acurácia da DEP genômica: Animais jovens

Estatística descritivas das acurácias genômicas em animais jovens sem fenotipo e com genótipo obtidas pelos modelos uniracial e multirracial utilizando os metafundadores nas raças Nelore, Brahman e Guzera¹

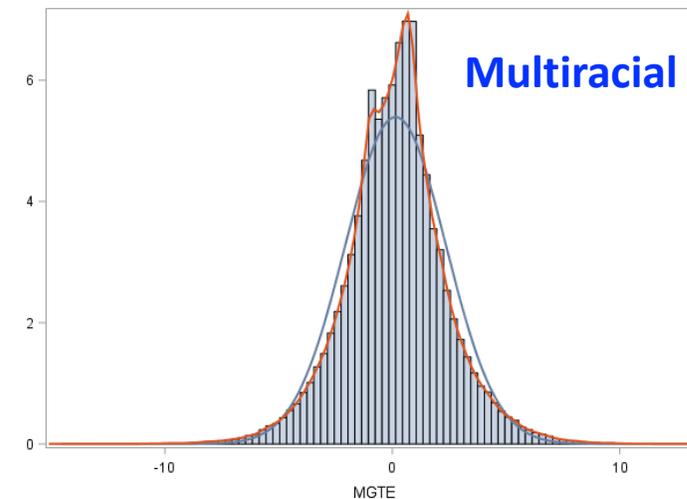
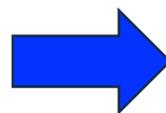
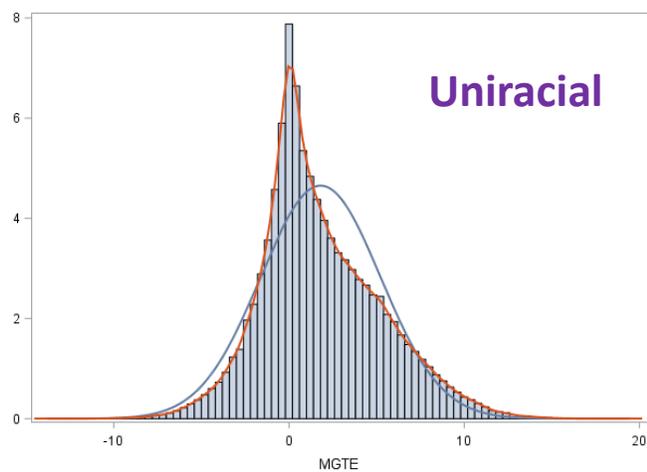
Característica	Modelo	Brahman			Guzera			Tabapua			Nelore		
		Média	Min	Max	Média	Min	Max	Média	Min	Max	Média	Min	Max
AOL	Uniracial	0.20	0.11	0.58	0.13	0.03	0.24	0.05	0.02	0.13	0.70	0.57	0.75
	Multirracial	0.62	0.50	0.69	0.58	0.50	0.63	0.56	0.52	0.63	0.76	0.66	0.79
ACAB	Uniracial	0.18	0.11	0.55	0.12	0.02	0.24	0.05	0.02	0.12	0.68	0.54	0.73
	Multirracial	0.59	0.47	0.67	0.54	0.46	0.60	0.53	0.49	0.60	0.74	0.63	0.78
P210	Uniracial	0.18	0.03	0.56	0.14	0.03	0.38	0.05	0.02	0.10	0.63	0.44	0.69
	Multirracial	0.56	0.48	0.68	0.55	0.44	0.60	0.55	0.51	0.58	0.70	0.54	0.75
P450	Uniracial	0.13	0.02	0.44	0.10	0.02	0.26	0.05	0.01	0.13	0.50	0.32	0.58
	Multirracial	0.41	0.25	0.55	0.38	0.29	0.47	0.37	0.32	0.44	0.58	0.42	0.65
IPP	Uniracial	0.10	0.00	0.22	0.08	0.01	0.20	0.07	0.02	0.15	0.43	0.25	0.51
	Multirracial	0.34	0.24	0.44	0.31	0.26	0.41	0.31	0.27	0.36	0.51	0.35	0.59
PE365	Uniracial	0.22	0.07	0.68	0.11	0.02	0.22	0.08	0.03	0.16	0.66	0.52	0.72
	Multirracial	0.59	0.49	0.75	0.55	0.47	0.60	0.54	0.50	0.60	0.73	0.62	0.78

¹Uniracial: Modelo ssGBLUP específico para cada raça ou uniracial; Multirracial: Modelo ssGBLUP multirracial incluindo metafundadores (1 metafundador para cada raça);

Maior acurácia nas DEPs de animais jovens em raças com pequenas populações de referência

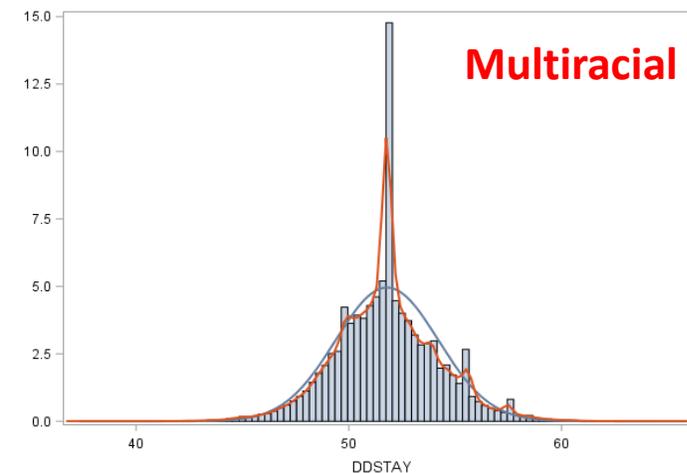
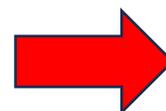
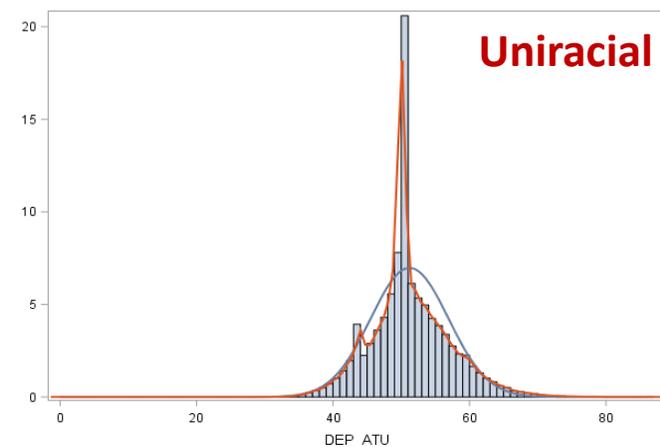
Impacto na avaliação genética das raças:
Touros públicos nas raças Brahman,
Guzera e Tabapuã

**Distribuição:
DEP MGTe
Brahman**



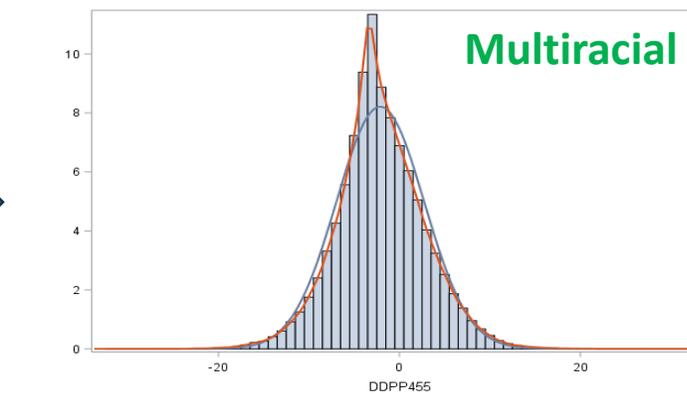
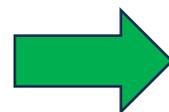
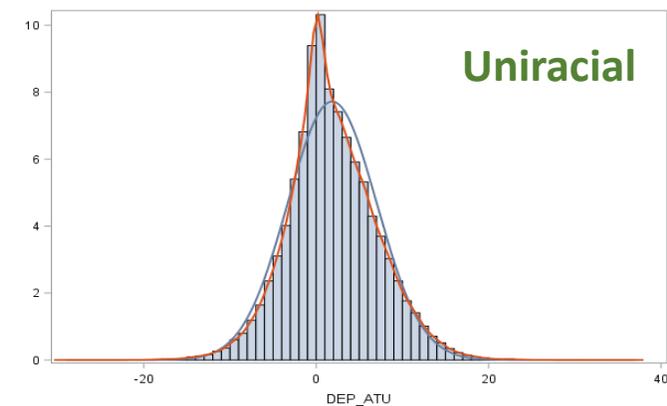
**Touros públicos rank:
0.86
(uni vs. multi)
+30% aumento em Acc**

**Distribuição:
DEP STAY
Brahman**



**Touros públicos rank:
0.84
(uni vs. multi)
+62% aumento em Acc**

**Distribuição:
DEP P450
Brahman**



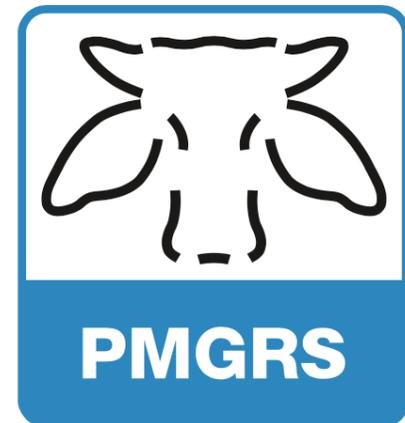
**Touros públicos rank:
0.93
(uni vs. multi)
+22% aumento em Acc**

Avaliação genômica multirracial para Brahman, Guzerá e Tabapuã

- ✓ **A avaliação da raça Nelore continuará separada**
 - Janeiro de 2024 avaliação genômica multirracial
- ✓ **Utilizamos os genótipos informativos e toda a base de fenótipos do Nelore para auxiliar nas avaliações das outras raças**
 - 125.000 genótipos da raça Nelore e 6.000 genótipos das outras raças
- ✓ **A classificação pelo percentil continuará separado para cada raça**
 - Idem como fazemos com PO e CL no Nelore
- ✓ **Elevado impacto técnico e comercial da avaliação genômica multirracial**
 - Atrativo para ingresso de novos criadores

Próximos passos: inclusão de novas raças

- ✓ **Aprovação de Aditivo na Fapesp para genotipar aprox. 400 animais Sindi**
Programa de Melhoramento da Raça Red Sindi da ANCP
- ✓ **Definição da população de treinamento na raça Red Sindi**
 - ✓ Priorizamos animais com fenotipo e progênie
- ✓ **Execução das análises multirracial e avaliação dos resultados**
- ✓ **Sumário da raça Red Sindi (2024).**



Comentários Finais

- As avaliações genéticas multirraciais zebuínas (metafundadores) **aumentaram a amplitude e acurácia das DEPs genômicas** nas raças Brahman, Tabapuã e Guzerá (***Robustez***).
- **Aumento da capacidade preditiva do genótipo** e estabilidade da DEP genômica em animais jovens genotipados nas raças Brahman, Tabapuã e Guzerá (***Maior contribuição do genótipo***).
- As raças Brahman, Tabapuã e Guzerá “**usufruem**” das relações genéticas com a raça Nelore e do maior banco de dados da mesma.
- Incremento do **ganho ou progresso genético** nas raças Brahman, Tabapuã e Guzerá, com a metodologia de metafundadores, quando **aplicadas as ferramentas da ANCP**.

Comentários Finais

- Possibilidade de incluir novas raças na avaliação (Red Sindi)
- As avaliações da raça Nelore não são influenciadas (***Sem prejuízos***)
- As DEPs geradas serão comparáveis entre raças mas a classificação pelo percentil será realizada dentro de cada raça (***Cruzamentos***)
- Os metafundadores podem ajudar a **reduzir o viés nas avaliações genômicas** de populações compostas de bovinos de corte.
- Esta ferramenta é uma opção para futuras avaliações genéticas **em características e raças** com poucos dados, como Brahman, Guzerá e Tabapuã

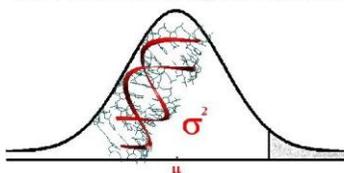
Agradecimentos



Muito obrigado
pela atenção!



Universidade de São Paulo
Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos



Núcleo de Apoio à Pesquisa
Melhoramento Animal, Biotecnologia e Transgenia



GENÉTICA DE EXCELÊNCIA PARA A LUCRATIVIDADE

fbaldi@fcav.unesp.br

