



Incorporación de información genómica en la estimación del mérito genético de consumo residual de alimento

Pravia, M.I.^{1*}, Navajas, E.A.¹, Aguilar, I.¹, Ravagnolo, O.¹

¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones (Uruguay).

*mpravia@inia.org.uy

Introducción

El consumo residual de alimento (RFI, *residual feed intake*), es la diferencia entre el consumo actual y el consumo predicho basado en requerimientos de mantenimiento y producción (Koch et al., 1963). Su incorporación en los programas de mejora ha sido lenta por su difícil medición y alto costo. En consecuencia, el número de animales evaluados para esta característica es bajo. La incorporación de información genómica permitiría mejorar las precisiones de los valores de cría, y contando con una población de referencia conectada, obtener predicciones genómicas precisas para candidatos a la selección que no cuenten con el fenotipo (Ravagnolo et al., 2018). El objetivo de este trabajo es el estudio del efecto de la incorporación de información genómica sobre las predicciones del mérito genético para RFI.

Materiales y métodos

La base de datos consta de registros de 780 toros Hereford evaluados en pruebas de eficiencia en el postdestete, recolectados a partir del proyecto RTS_1_2012_1_3489 financiado por ANII. Estas se basaron en protocolos de registración internacional y consistieron en 70 días de evaluación donde se registró el consumo de alimento individual con un sistema automatizado (Growsafe). En cada prueba se obtuvo información individual de consumo de alimento diario promedio (CMD, kgMS/día), ganancia diaria durante la prueba calculada por regresión (GD, kg/día), peso metabólico como peso a mitad de prueba^{0.75} (PMT), espesor de grasa dorsal medido por ultrasonografía (EGS, mm), para el cálculo del RFI como:

$$\text{CMD} = \text{CG} + b_1 \text{GD} + b_2 \text{PMT} + b_3 \text{EGS} + e$$

donde CG es el grupo contemporáneo al cual pertenece el animal (año, prueba, corral), CMD, GD, PMT, EGS fueron definidos previamente, y b_1 , b_2 y b_3 los coeficientes de regresión de cada característica sobre el consumo. El residuo representa el RFI.

El modelo para la predicción de los méritos genéticos de RFI es:

$$Y = Xb + Zu + e \quad [1]$$

donde Y son las observaciones de RFI, b los efectos fijos del modelo, u es el vector del efecto genético del animal para RFI, X es la matriz que relaciona las observaciones con los efectos fijos (edad del animal a inicio de la prueba, y edad de la madre), y Z con los efectos aleatorios (efecto animal). Se asume que $u \sim N(0, A\sigma_{uRFI}^2)$, siendo A la matriz de parentesco aditivo entre los animales, σ_{uRFI}^2 la varianza genética aditiva de RFI (0.08 obtenida en Pravia et al., 2021) y $e \sim N(0, I\sigma_{eRFI}^2)$.

Para la predicción de los valores de cría genómicos se reemplaza la matriz A por la matriz de parentesco H, que combina el parentesco genealógico y el parentesco basado en información molecular (Aguilar et al., 2010), permitiendo incorporar información genómica en la predicción de los méritos genéticos. Las soluciones para las predicciones del mérito genético fueron obtenidas utilizando BLUP y GBLUP implementadas en BLUPF90 (Misztal et al., 2016). Las precisiones (acc) de las estimaciones fueron obtenidas a través de la varianza del error de la predicción (PEV) como $1 - \text{PEV} / (1 + F)\sigma_g^2$. Para ambos análisis, se consideraron los fenotipos mencionados, 19.009 animales extraídos del pedigree para el modelo aditivo, y 26.572 animales extraídos del pedigree y 5439 animales con genotipados imputados al panel de 50k SNP (BovineSNP50, Illumina San Diego, CA) para el modelo genómico.

Resultados y discusión

Las predicciones de los valores de cría genómicos (Gebv_rfi) estuvieron altamente correlacionadas ($r=0,95$) con las predicciones considerando el parentesco aditivo (Ebv_rfi), tanto para aquellos animales que cuentan con fenotipo (Figura 1), así como para el total de la población ($r=0,90$). El reemplazar la matriz A por la matriz H aumentan las precisiones (Figura 2), pasando de 0,305 (Acc_rfi) a 0,334 (Gacc_rfi) en los animales con fenotipo. También se observaron incrementos en las presiones de animales parientes de aquellos con dato, como padres (con o sin genotipo) y animales contemporáneos que no cuentan con fenotipo de RFI, pero sí con genotipo (Cuadro 1). Estas mejoras se deben a una mejor estimación del parentesco real entre los animales genotipados considerados en la matriz H (Aguilar et al., 2010), la que consecuentemente es trasladada a todos los demás animales vinculados en el pedigree por parentesco aditivo.

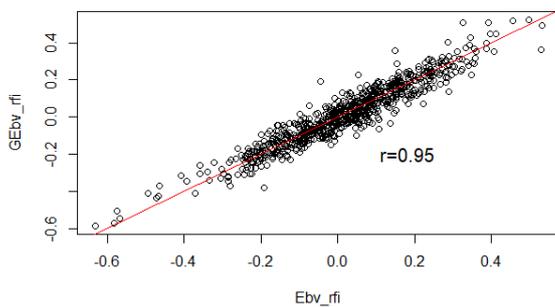


Fig. 1. Comparación de las predicciones de mérito genético considerando parentesco aditivo (Ebv_rfi) vs con la inclusión de genómica (Gebv_rfi).

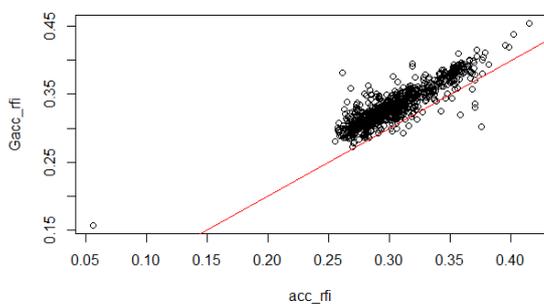


Fig. 2. Comparación de las precisiones de las predicciones con parentesco aditivo (acc_rfi) vs con la inclusión de genómica (Gacc_rfi).



Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal
14-15 de Diciembre de 2021
Congreso virtual

Cuadro 1. Impacto de la inclusión de información genómica sobre las predicciones del mérito genético (Ebv_rfi, vs Gebv_rfi) y sobre sus precisiones (Acc_rfi vs Gacc_rfi).

Grupo evaluado	Num	SIN GENÓMICA		CON GENÓMICA	
		Ebv_rfi	Acc_rfi	GEbv_rfi	Gacc_rfi
Animal con dato	778	0,018	0,305	0,014	0,334
Padre de dato 1 hijo y sin genotipo	113	0,009	0,139	0,008	0,151
Padre de dato con más de 1 hijo y con genotipo	87	0,003	0,215	0,001	0,262
Animal sin fenotipo y con genotipo	133	0,037	0,095	0,031	0,152

Conclusión

La incorporación de información genómica a través del reemplazo de la matriz de parentesco A por la matriz H, implica mejoras en las predicciones de los valores de cría para RFI. Esto es de especial importancia para aquellas características de difícil medición en las cuales se cuenta con escasa información fenotípica. Estos resultados serán complementados con estudios de la capacidad predictiva del modelo a través de validaciones.

Palabras Claves: RFI, GBLUP, precisiones.

Literatura citada

- Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta, and T. J. Lawlor. 2010. J. Dairy Sci. 93 :743–752
- Misztal, I., S. Tsuruta, D. Lourenco, I. Aguilar, A. Legarra, and Z. Vitezica. 2016. Available at: http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all2.pdf
- Pravia, M.I, Navajas, E., Aguilar, I., Ravagnolo, O. 2021. Enviado a Animal Production Science, Manuscript AN21420, en revision.
- Ravagnolo, O., Aguilar, I., Crowley, J.J., Pravia, M.I., Lema, M., Macedo, F.L., Scott, S., Navajas, E.A. 2018. Proc. WCGALP 11:723.
- Koch, R.M, L.A.Swiger, D.Chambes and K.E. Gregory. 1963. J. Anim. Sci. 22:486-494.