

# PREDICCIONES GENÓMICAS PARA RASGOS PRODUCTIVOS Y DE VALOR AMBIENTAL EN OVINOS MERINO AUSTRALIANO

Vera Brenda,<sup>1</sup> Navajas Elly,<sup>1</sup> De Barbieri Ignacio,<sup>2</sup> van Lier Elize,<sup>3</sup> Ciappesoni Gabriel<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Las Brujas, Uruguay. <sup>2</sup>INIA, Tacuarembó, Uruguay. <sup>3</sup>Dpto. de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. [bvera@inia.org.uy](mailto:bvera@inia.org.uy)

## 1 Introducción

Las predicciones indirectas (PI) proveen los méritos genéticos de animales jóvenes sin dato fenotípico o que no son parte de la evaluación genética población, a partir de:

- sus genotipos.
- estimaciones de los efectos de los SNP, en base a una población de referencia.

Las precisiones de las PI mejoran con mayores poblaciones de referencia y número de SNP utilizados (1).

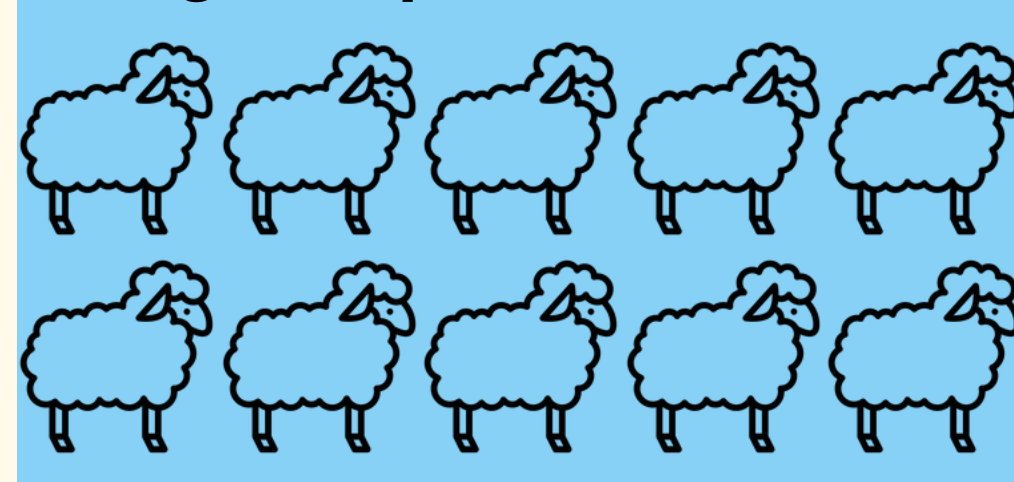
## 2 Objetivo

Evaluar las PI y sus precisiones para rasgos productivos y de valor ambiental con base en la población de referencia actual.

## 3 Métodos

### Población de referencia

animales con fenotipos y genotipos conocidos



Obtener valores de cría genómicos (GEBV) mediante ssGBLUP

HPG->modelo univariado  
CH4, FI, RFI, PVS->modelo multivariado  
 $y=Xb+Zu+e$

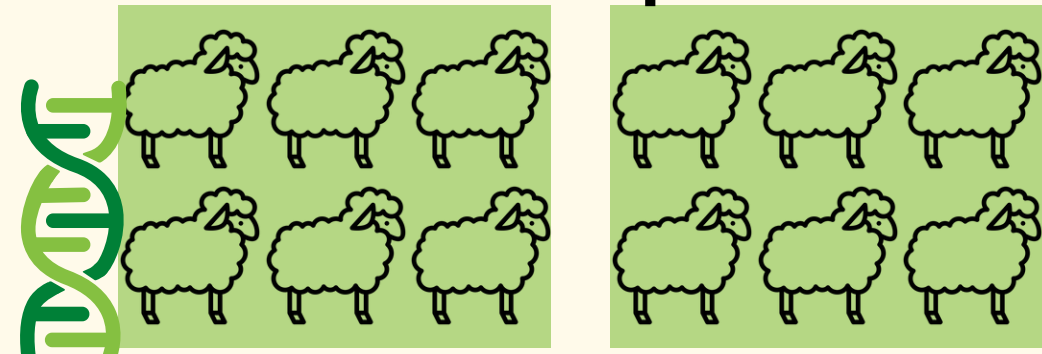
Estimar los efectos de los SNP (w) a partir de GEBV

POSTGSF90 software

cada SNP es representado por la variable X, que toma los siguientes valores: 0 [AA], 1 [AB], 2 [BB]

### Poblaciones para predecir

animales con genotipo pero sin fenotipo



Ecuación de predicción GEBV=  
 $w_1X_1 + w_2X_2 + w_3X_3...$

PI

PREDF90 software

+ Precisiones

(García et al., 2022)

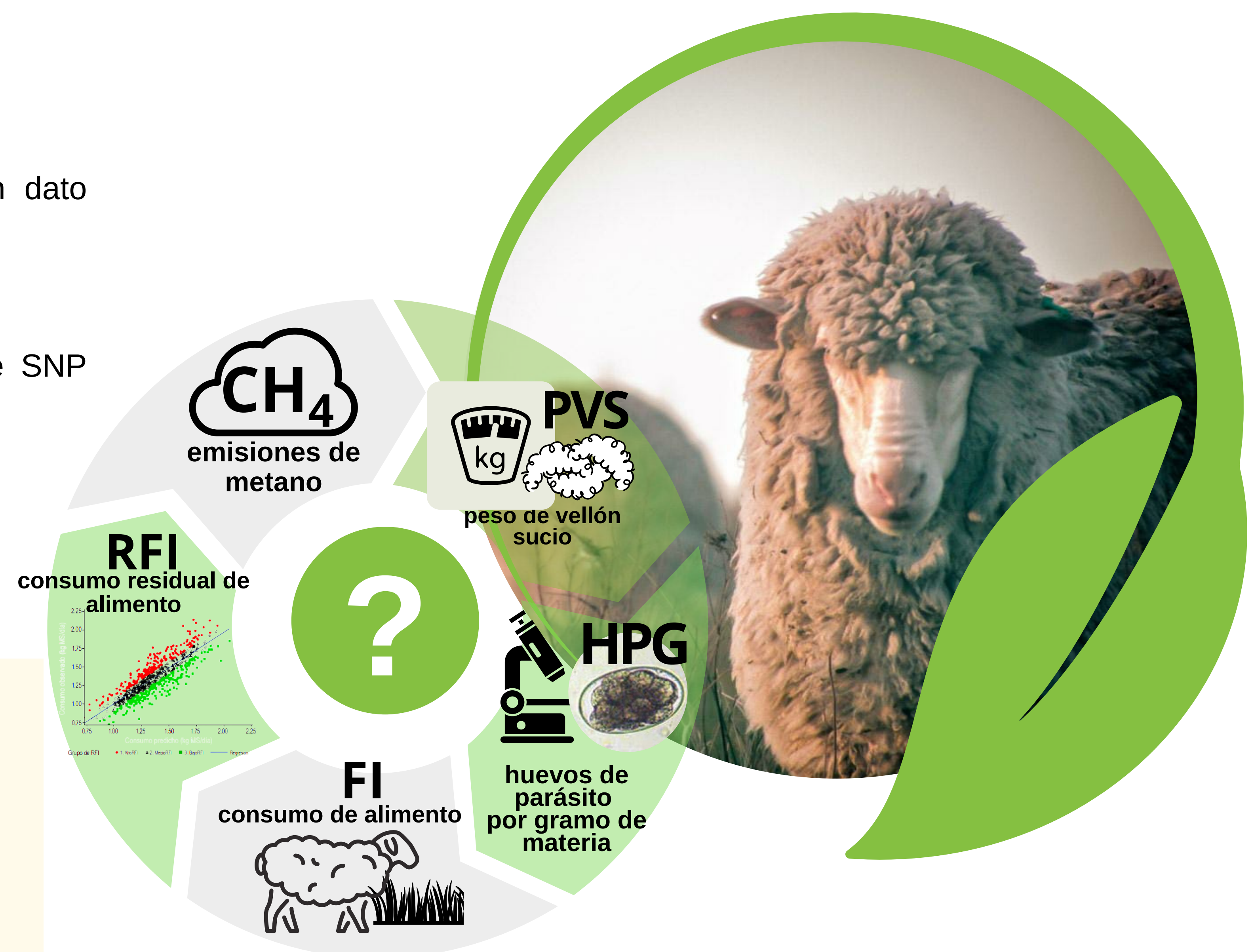


Tabla 1. Promedio de las PI y los GEBV para las majadas comerciales y núcleos experimentales y sus precisiones promedio (en paréntesis).

Población	CH4 (g/día)	FI (kgMS/día)	RFI (kgMS/día)	PVS (kg)	HPG (LnHPG)
Pob. Tot. <sup>1</sup> (n=36854)	0.065 (0.13)	0.003 (0.15)	0.0006 (0.12)	0.022 (0.64)	0.035 (0.53)
NUG <sup>1</sup> (n=6029)	0.063 (0.35)	0.0003 (0.37)	-0.0001 (0.33)	-0.04 (0.73)	0.037 (0.63)
EEFAS_gen <sup>1</sup> (n=141)	0.631 (0.25)	0.033 (0.27)	0.001 (0.23)	0.242 (0.69)	-0.140 (0.65)
EEFAS_nogen <sup>1</sup> (n=514)	0.278 (0.15)	0.011 (0.16)	-0.002 (0.14)	0.063 (0.59)	-0.129 (0.52)
Comercial 1 <sup>2</sup> (n=20)	0.426 (0.24)	0.026 (0.25)	0.003 (0.22)	0.211 (0.43)	-0.05 (0.38)
Comercial 2 <sup>2</sup> (n=20)	0.939 (0.23)	0.048 (0.24)	0.014 (0.22)	0.140 (0.42)	-0.08 (0.37)

Los valores reportados corresponden al promedio de GEBV<sup>1</sup> y PI<sup>2</sup>.

## 4 Resultados y discusión

- Las precisiones de los GEBV para PVS y HPG fueron altas (>0.5, Tabla 1), notándose un incremento en los animales genotipados de la EEFAS (n=141, EEFAS\_gen) de 19 y 25%, respectivamente, en comparación con la población no genotipada (n=514, EEFAS\_nogen). La mayor precisión para PVS vs HPG puede ser debida a la mayor heredabilidad (0.41 vs 0.19).
- Para HPG y PVS las precisiones promedio de las PI en los establecimientos comerciales fueron menores que en NUG y EEFAS, posiblemente debido a la ausencia de información genealógica y fenotipo.
- En tanto, las precisiones de las PI para los rasgos con menor número de fenotipos, CH4, FI y RFI fueron bajas (<0.40) en todas las poblaciones. Sin embargo, la precisión promedio para los animales del NUG con fenotipo y genotipo fue de 0.67.
- Se ha reportado que el número y la elección de animales genotipados tiene un impacto en las PI (1), por lo que las PI aquí reportadas podrían ser más confiables si se aumentara la densidad de marcadores y la población de referencia.

La herramienta de PI permitiría a los productores conocer la genética promedio de su majada al compararse con núcleos de selección y cabañas y, de esta manera, tomar decisiones de selección más informadas.

## 5 Conclusiones

Es posible predecir, si bien aún con baja precisión, las PI de ovinos de predios comerciales a partir de los efectos de los SNP con la población de referencia actual.

## 6 Agradecimientos

Este trabajo fue parcialmente financiado por los proyectos SMARTER (772787), RUMIAR, GrassToGas, CSIC I+D-2018-287.



## 7 Referencias

- García Andre L.S. (2020). Indirect predictions with a large number of genotyped animals using the algorithm for proven and young, JAS 98(6): 1-9.
- Ciappesoni, G., et al. (2013). Estimates of Genetic Parameters for Worm Resistance, Wool and Growth Traits in Merino Sheep of Uruguay. LS 157 (1): 65-74.
- Marques, C. B., et al. (2022). Genetic parameters for feed efficiency, gas emissions, oxygen consumption and wool traits in Australian Merino. En: Proceedings of the 12th WCGALP, Rotterdam, The Netherlands, 3-8 July 2022.
- Wang H., et al. (2012). Genome-wide association mapping including phenotypes from relatives without genotypes. Genet Res (Camb). 2012;94:73-83.
- García, A., Aguilar, I., Legarra, A. et al. (2022). Theoretical accuracy for indirect predictions based on SNP effects from single-step GBLUP. Genet Sel Evol 54, 66.