

Diferentes matrizes de parentesco para predição de valores genéticos em dados simulados

Primeiro autor: Gustavo Garcia Santiago

Demais autores: Santiago, G. G.^{1}; Siqueira, F.²; Cardoso, F. F.³; Silva, L. O. C.²; Faria, F. J. C.⁴*

Resumo

Programas de melhoramento genético de bovinos de corte utilizam informações de desempenho e parentesco na predição de valores genéticos. Portanto, erros no pedigree interferem nos resultados da avaliação genética e, conseqüentemente, na taxa anual de ganho genético. Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) possibilitam a incorporação de coeficientes genômicos na matriz de parentesco, promovendo incremento em acurácia na predição de valores genéticos, combinando informações fenotípicas, genômicas e de pedigree. Neste contexto, objetivou-se comparar a utilização de diferentes matrizes de parentesco na predição de valores genéticos. Para tanto, foi simulada uma população com 6.030 indivíduos mimetizando o histórico populacional da raça Nelore utilizando o software QMSim. O genoma simulado apresentou 290.000 SNPs segregando com frequência alélica mínima de 0,1 em 29 cromossomos. As estimativas dos componentes de (co)variância e coeficientes de herdabilidade foram realizadas por meio da máxima verossimilhança restrita, incluindo os efeitos genéticos aditivos diretos e efeitos fixos de grupo contemporâneo. Valores genéticos foram

(1) Doutorando do curso de Ciência Animal na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, gustavo_garciasantiago@hotmail.com. (2) Pesquisador(a) da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisador da Embrapa Pecuária Sul. (4) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.