

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

### Eficiência da seleção genômica para idade à puberdade em uma linhagem de suínos

Matilde da Conceição Pessoa<sup>1</sup>, Robledo de Almeida Torres<sup>2</sup>, Ricardo da Fonseca<sup>3</sup>, Marcelo de Freitas<sup>4</sup>,  
Mônica Corrêa Ledur<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV, Viçosa. e-mail: matilde.pessoa@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia – UFV, Viçosa. e-mail: robledoatorres@gmail.com

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia – UNESP, Dracena. e-mail: ricardo@dracena.unesp.br

<sup>4</sup>BRF, Curitiba. e-mail: marfreitas@hotmail.com

<sup>5</sup>Embrapa Aves e suínos, Concórdia. e-mail: mledur@cnpa.embrapa.br

**Resumo:** O objetivo deste trabalho foi avaliar, via simulação, tendências genéticas em três diferentes estratégias de seleção para idade à puberdade em suínos. Foram comparadas seleção tradicional (ESTR1), seleção genômica considerando apenas informações genômicas de machos (ESTR2) e seleção genômica considerando informações genômicas de machos e fêmeas (ESTR3). Melhores tendências genéticas foram observadas em estratégias onde se adotou seleção genômica. ESTR3 foi superior a ESTR2 em 8,15% nos machos e 5% nas fêmeas, indicando que a seleção genômica incrementa os ganhos genéticos já obtidos pelo programa de seleção, ainda que, o número de animais genotipados seja reduzido.

**Palavras-chave:** precocidade sexual, seleção, single step, valores genéticos genômicos

### Efficiency of genomic selection for age to puberty in a pig line

**Abstract:** The aim of this study was to evaluate, using simulation, genetic trends of three different strategies of selection for age to puberty in pigs. Traditional selection (ESTR1), genomic selection using only genomic information of males (ESTR2) and genomic selection using genomic information of males and females (ESTR3) were evaluated. Better genetic trends were observed at strategies where genomic selection was used. ESTR3 was higher than ESTR2 in 8.15% in males and 5% in females. This results indicate that genomic selection increases genetic gains achieved at breeding program for age to puberty, even if, the number of genotyped animals will be decreased.

**Keywords:** genomic breeding values, selection, sexual precocity, single step

### Introdução

O melhoramento genético para características reprodutivas em suínos tem sido limitado pela dificuldade em se obter registros fenotípicos. Uma alternativa capaz de viabilizar o melhoramento destas características é a inclusão de informações de marcadores genéticos nas avaliações genéticas dos animais.

Aumento em acurácia de seleção e maiores ganhos genéticos com as gerações têm sido indicada quando a seleção genômica é utilizada (Lillehammer, et al., 2011; Cleveland et & Hickey, 2013). Entretanto, a eficiência da seleção genômica pode variar de acordo com particularidades inerentes a cada programa de seleção, tais como, controle endogâmico, intensidade de seleção e número de animais genotipados, o que gera a necessidade de realizar um estudo singular que mimetize o real cenário do programa de seleção onde se pretende adotar essa nova ferramenta na seleção de reprodutores.

O objetivo deste trabalho foi avaliar, via simulação, as tendências genéticas para a característica idade a puberdade em uma linhagem de suínos, considerando três diferentes estratégias de seleção.

### Material e Métodos

Um simulador foi desenvolvido em linguagem de programação C++ para mimetizar um programa de melhoramento de suínos estabelecido no estado de Santa Catarina e comparar os esquemas de seleção.

O genoma simulado continha 18 pares de cromossomos autossômicos com 18000 SNPs e aproximadamente 250 loci (Quantitative Trait Loci - QTL). A taxa de recombinação utilizada foi de 0,01.

Valores genéticos verdadeiros foram gerados pela soma dos efeitos de QTLs amostrados de uma distribuição Gama com parâmetros de forma e escala iguais a 0,4 e 1,66 (Hayes and Goddard, 2001), respectivamente. O resíduo foi amostrado de uma distribuição normal com variância fixada em valores que proporcionaram herdabilidade igual a 0,15. Fenótipos foram obtidos pela soma entre a média da característica, um valor fictício para correção de sexo, o valor genético verdadeiro e o desvio residual.

O desequilíbrio de ligação (LD) foi gerado através de acasalamentos entre animais de maior valor fenotípico para uma característica fictícia não correlacionada com a característica de interesse nas três primeiras gerações. Adotou-se um LD médio de 0,20.

Inicialmente cinco gerações contínuas de seleção tradicional foram simuladas. Cada geração continha 11 meses e avaliações genéticas foram realizadas mensalmente. O modelo animal uni característica incluindo sexo como efeito fixo foi adotado. Duas restrições para controle endogâmico foram aplicadas: I) na seleção de machos e fêmeas: todos os irmãos completos e meio irmãos dos machos de maior valor genético e todas as irmãs completas de fêmeas de maior valor genético foram eliminados, sendo mantidas apenas as 50 meio-irmãs de fêmeas com maior valor genético. II) no acasalamento: adotou-se um coeficiente de parentesco máximo de 0,11 entre macho e fêmea. O número de crias por fêmea foi amostrado por uma distribuição Binomial com probabilidade de sucesso igual a 0,6 e média de 12,8 leitões. A relação macho:fêmea foi 1:10. Machos foram avaliados como reprodutores no máximo duas vezes e fêmeas tiveram no máximo quatro partos.

Os esquemas de seleção tradicional (ESTR1), seleção genômica incluindo informações genômicas apenas de machos (ESTR2) e seleção genômica incluindo informações genômicas de machos e fêmeas (ESTR3) foram implementados separadamente por mais cinco gerações contínuas seguindo as mesmas especificações da seleção tradicional. Na ESTR2 e ESTR3, entretanto, foi utilizada a abordagem Single-step (Miszta et al., 2009) na predição de valores genéticos genômicos.

Utilizou-se o programa BLUPF90 (Miszta, 2002) para prever valores genéticos. Acurácias foram calculadas através da correlação de Pearson entre o valor genético verdadeiro e o valor genético estimado. Tendências genéticas foram calculadas pela regressão dos valores genéticos médios estimados. A figura 1 fornece uma visão geral de todo o processo simulado. Foram realizadas dez réplicas.

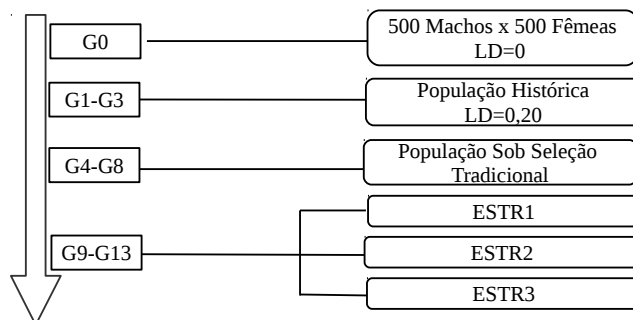


Figura 1. Visão geral do sistema simulado onde G representa as gerações

### Resultados e Discussão

Acurácias médias nas ESTR2 e ESTR3 foram, nesta ordem, superiores a ESTR1 em 8,9% e 12% nos machos e 7,6% e 11,3% nas fêmeas. Observou-se uma superioridade em acurácia da ESTR3 em relação à ESTR2, sendo respectivamente, 2,7% para machos e 3,5% para fêmeas.

Tendências genéticas indicaram menor número de dias para atingir a idade à puberdade nas estratégias onde se utilizou seleção genômica tanto em machos como em fêmeas (figura 2). ESTR2 foi 19,5% superior a ESTR1 nos machos e 20,85% nas fêmeas. Já ESTR3 foi 29% mais eficiente que a ESTR1 nos machos e 27,8% nas fêmeas. Estes resultados indicam quão vantajoso seria, para o programa de seleção, incluir informações genômicas ao modelo de avaliação para características de difícil mensuração e baixa herdabilidade como a idade à puberdade.

Nas estratégias onde seleção genômica foi utilizada, observou-se melhor tendência genética na ESTR3, sendo respectivamente, -3,28 dias/geração e -2,91 dias/geração para os machos e -3,17 dias/geração e -2,93 dias/geração nas fêmeas para ESTR3 e ESTR2. As proporções de superioridade da ESTR3 sobre a ESTR2 foram de 8,15% nos machos e 5% nas fêmeas.

Embora a tendência genética na ESTR2 não tenha sido tão eficiente quanto na ESTR3, podemos perceber que uma pequena perda em incremento genético por geração quando se reduz o número de animais genotipados poderia viabilizar a implementação da seleção genômica pela redução de altos

investimentos com genotipagem de um grande número de animais. Concordando com Lillehammer et al. (2011), Cleveland et & Hickey (2013) e Badke et al. (2014), estratégias de implementação de seleção genômica devem ser consideradas como forma de reduzir gastos adicionais com genotipagem, uma vez que, este tem sido o principal limitante para implementar a seleção genômica em programas de melhoramento de suínos, principalmente pelas altas taxas de substituição adotadas.

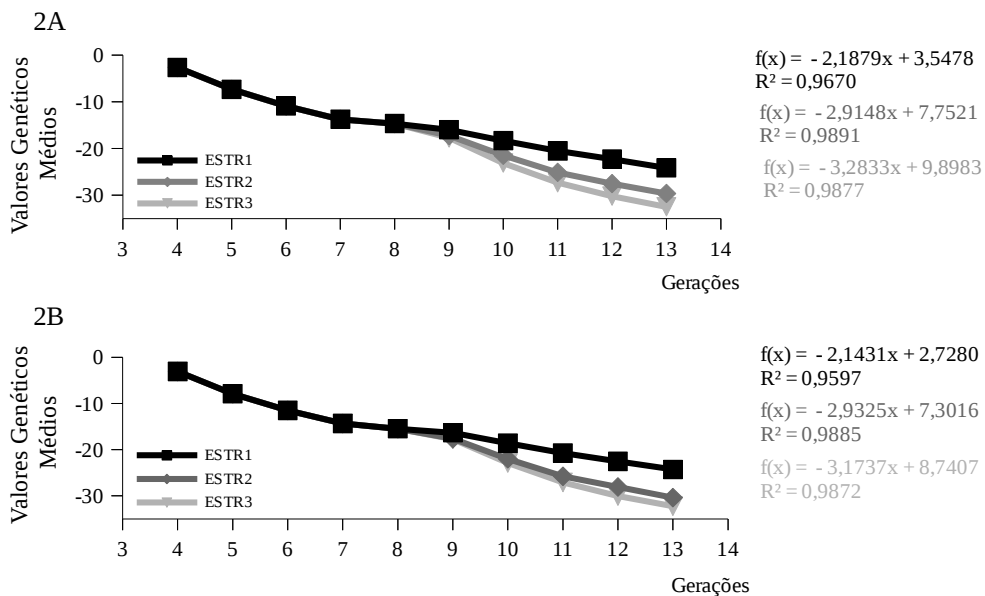


Figura 2. Tendências genéticas para machos (2A) e fêmeas (2B) nas estratégias ESTR1, ESTR2 e ESTR3 para idade à puberdade.

### Conclusões

A seleção genômica incrementa os ganhos genéticos já obtidos pelo programa de seleção para a característica idade à puberdade, mesmo quando gastos adicionais com a genotipagem de um grande número de animais torna-se um fator limitante para sua implementação. Ainda assim, uma avaliação de custos adicionais com genotipagem em relação aos benefícios gerados pela seleção genômica deve ser considerada antes de qualquer decisão.

### Literatura citada

- BADKE, Y. M.; BATES, R. O.; ERNST, C. W.; FIX, J.; STEIBEL, J.P. Accuracy of Estimation of Genomic Breeding Values in Pigs Using Low-Density Genotypes and Imputation. **G3 Genes, Genomes Genetic**, v.4 p.623-631, 2014.
- CLEVELAND, M. A.; HICKEY J. M. Practical implementation of cost-effective genomic selection in commercial pig breeding using imputation. *Journal of Animal Science*, v.91, p. 3583 – 3592, 2013.
- HAYES, B. & GODDARD, M. E. 2001. The distribution of the effects of genes affecting quantitative traits in livestock. **Genetic Selection Evolution**, v.33, p.209-229.
- LILLEHAMMER, M.; MEUWISSEN, T. H. E.; SONESSON, A. K. Genomic selection for maternal traits in pigs. **Journal of Animal Science**, v.89, p.3908–3916, 2001.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). World congress on genetics applied to livestock production, 8., 2002, Montpellier, França. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A.; AGUILAR, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree and genomic information. **Journal Dairy Science**, v.92, p.4648–4655.