

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

Ganhos em acurácia com a utilização de informações genômicas na avaliação genética de suínos¹

Diogo Anastácio Garcia², Jader Silva Lopes³, Michel Marques Farah⁴, Antônio Roberto Otaviano⁵,
Maurício Egídio Cantão⁶, Mônica Corrêa Ledur⁷

¹Trabalho financiado pela EMBRAPA

²BRF/SA, Curitiba. email: diogo.garcia@brf-br.com

³BRF/SA, Faxinal dos Guedes. email: jader.lopes@brf-br.com

⁴BRF/SA, Curitiba. email: michel.farah@brf-br.com

⁵BRF/SA, Mineiros. email: antonio.otaviano@brf-br.com

⁶EMBRAPA Suínos e Aves, Concórdia. email: mauricio.cantao@embrapa.com

⁷EMBRAPA Suínos e Aves, Concórdia. email: monica.ledur@embrapa.com

Resumo: Objetivou-se avaliar o impacto da inclusão de informações genômicas nos ganhos em acurácia no momento da seleção e a associação dos valores genéticos na seleção com futuras predições de alta acurácia (rEBV). As características idade para atingir 110 kg (ID110), conversão alimentar (CA) e número de leitões viáveis ao quinto dia (LV5) foram estudadas nas raças Landrace (LA) e Large White (LW). As análises foram realizadas reproduzindo um período de avaliação genética semanal em que tanto o valor genético tradicional (EBV) quanto o valor genético genômico (GEBV) dos animais genotipados estivessem disponíveis. Ganhos em acurácia e correlação entre EBV e GEBV foram avaliados. Além disso, foram mensuradas as associações entre EBVs e GEBVs com os valores genéticos preditos 3 gerações após a seleção do último grupo de animais genotipados. Na LA, os ganhos em acurácia foram de 5,11%, 3,64% e 22,17%, respectivamente, para ID110, CA e LV5. Para LW, estes foram de 6,79%, 11,59% e 24,53% para ID110, CA e LV5, respectivamente. A correlação entre EBVs e GEBVs foi de moderada a alta para ID110 e CA e de menor magnitude para LV5. As correlações entre GEBV-rEBV foram superiores as observadas para EBV-rEBV, exceto para LV5 na LA. A utilização de informações genômicas na avaliação genética acarretou ganhos em acurácia no momento da seleção e maiores associações com futuras predições de alta acurácia.

Palavras-chave: seleção genômica, single-step, Large White, Landrace.

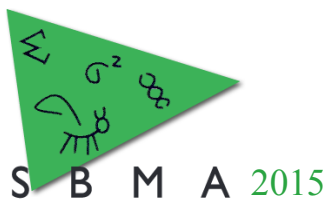
Gain in accuracy using genomic information in swine genetic evaluation

Abstract: The aim of this study was to evaluate gain in accuracy and association between breeding values at selection and future accurate predictions when genomic information is available to perform genetic evaluations. The traits age at 110 kg (A110), feed conversion ratio (FCR), and number of piglets alive at 5th day after birth (NP5) were evaluated in Landrace and Large White breeds. The analyses were performed in a scenario of weekly genetic evaluation in which the estimated breeding value (EBV) and genomic estimated breeding value (GEBV) would be available at selection. Gain in accuracy and correlation between EBV and GEBV were calculated. Moreover, associations between EBVs and GEBVs at selection with breeding values predicted 3 generations after the last genotyped animals (aEBV) were performed, considering only animals with high accurate aEBVs. Gains in accuracy observed in LA were 5.11%, 3.64% and 22.17%, respectively, for A110, FCR and NP5. In LW, these gains were 6.79%, 11.59%, and 24.53% for A110, FCR, and NP5, respectively. The correlation between EBVs and GEBVs were moderate to high for A110 and FCR and it showed lower magnitude for NP5. The associations between GEBV-aEBV were higher than those observed for EBV-aEBV, except for NP5 in LA. The inclusion of genomic information in the genetic evaluations allowed gains in accuracy at selection and higher associations with future accurate predictions.

Keywords: genomic selection, single-step, Large White, Landrace.

Introdução

Uma alternativa para intensificar o progresso genético em programas de melhoramento é prever os valores genéticos com menor incerteza no momento da seleção. Para tanto, marcadores moleculares podem ser utilizados e os avanços nas tecnologias de sequenciamento e genotipagem permitiram a identificação de milhares de polimorfismos de base única (SNP), que fomentaram a utilização de painéis densos de marcadores nas predições de valores genéticos.



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

Diversas metodologias para a inclusão das informações dos SNPs nas avaliações genéticas foram propostas e desempenho preditivo similar destas abordagens, em aplicações com dados reais, vem sendo observadas (de los Campos et al., 2013). Dentre estas metodologias, pode-se destacar o single-step GBLUP (Misztal et al., 2009), o qual utiliza registros de pedigree e fenótipos de animais não genotipados em conjunto com informações dos animais genotipados. Além disso, esta metodologia pode ser facilmente aplicada em análises multivariadas, tornando-se uma alternativa de fácil implementação em programas de melhoramento.

Logo, objetivou-se com este estudo avaliar o impacto da inclusão de informações genômicas nos ganhos em acurácia no momento da seleção e a associação dos valores genéticos na seleção com futuras predições de alta acurácia.

Material e Métodos

O banco de dados utilizados neste estudo é proveniente do Programa de Melhoramento Genético de Suínos da empresa BRF. Informações fenotípicas de 85.625 e 254.102 animais das raças Large White (LW) e Landrace (LA) foram utilizadas nas análises. Tecidos de 2.378 animais foram utilizados para extração de DNA e posterior genotipagem utilizando o Illumina PorcineSNP60 BeadChip Versões 1 e 2, os quais possuem 61.177 SNPs em comum.

O controle de qualidade seguiu os seguintes critérios: i) SNPs com Call Rate $\geq 98\%$, MAF $\geq 0,03$ e HWE p-value $\leq 10^{-6}$ foram mantidos para análise; ii) Amostras com Call Rate $< 0,90$, heterozigosidade fora do intervalo de confiança de 95%, IBD $> 0,9$ e paternidade inconsistente foram removidas do banco de dados. Ao final, 1.094 e 1.168 amostras e 36.456 e 41.042 SNPs atenderam os critérios de controle de qualidade para as linhas Landrace e Large White, respectivamente.

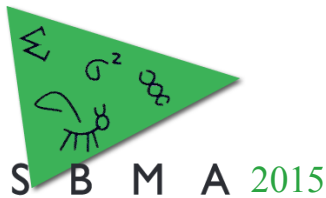
As características avaliadas foram a idade para atingir 110 kg (ID110), conversão alimentar (CA) e número de leitões viáveis ao quinto dia (LV5). O efeito de grupo de contemporâneos (GC) foi considerado nas análises e estes foram definidos da seguinte forma: i) ID110 e CA: combinação de sexo, ano e semana de fim de teste de desempenho; ii) LV5: ano e semana de parição. Um modelo de múltiplas características foi empregado para ID110 e CA considerando GC como efeito fixo e, como aleatórios, os efeitos de animal e resíduo. Para LV5, um modelo de repetibilidade foi ajustado sendo considerados os efeitos de GC, genético aditivo, ambiente permanente e residual. As predições dos valores genéticos (EBV) foram realizadas utilizando-se o modelo animal tradicional e os valores genéticos genômicos (GEBV) foram inferidos a partir da metodologia single-step GBLUP (Misztal et al., 2009). Para tanto, o programa REMLF90 foi utilizado (Misztal et al., 2002).

As análises foram realizadas visando reproduzir um período de avaliação genética semanal em que tanto o EBV quanto o GEBV dos animais genotipados estivessem disponíveis quando estes eram candidatos à seleção. Com isso, ganhos em acurácia e correlações entre EBVs e GEBVs foram computados. Além disso, foram mensuradas as associações entre EBVs e GEBVs com os valores genéticos preditos 3 gerações após a seleção do último grupo de animais genotipados (rEBV), utilizando somente animais com EBVs de acurácia acima de 0,90 (ID110 e CA) e 0,7 (LV5).

Resultados e Discussão

Valores genéticos mais acurados, para todas as características nas duas linhas avaliadas, foram preditos com a incorporação das informações dos SNPs na avaliação genética (Tabela 1). Na raça Landrace, os ganhos em acurácia foram de 5,11%, 3,64% e 22,17%, respectivamente, para ID110, CA e LV5. Por outro lado, ganhos superiores foram obtidos na linha Large White, sendo estes de 6,79%, 11,59% e 24,53% para ID110, CA e LV5, respectivamente. As correlações dos valores genéticos tradicionais e genômicos foram de moderada a alta para ID110 e CA e de menor magnitude para LV5, nas duas linhagens (Tabela 1). Logo, a diminuição da incerteza nas predições genômicas de LV5 acarretou uma menor associação com os valores genéticos tradicionais preditos no momento da seleção.

A correlação dos GEBVs, no momento da seleção, com os rEBV, de animais de alta acurácia, foram superiores às observadas para EBV-rEBV, exceto para LV5 na raça Landrace (Tabela 1). Assim, mesmo em uma situação em que pedigree e banco de dados são bem estruturados e, um número reduzido de animais genotipados está disponível, observou-se incremento na associação dos valores genéticos preditos no momento da seleção com os rEBVs de alta acurácia, preditos posteriormente.



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

Os programas de melhoramento genético de suínos são caracterizados por uma extensiva coleta de informações fenotípicas, avaliação genética, alta intensidade de seleção e intervalos de gerações reduzidos para maximizar o progresso genético das linhas puras. Contudo, a seleção genômica torna-se uma opção tecnológica para alavancar os ganhos genéticos realizados, como descritos em trabalhos de simulação (Tribout et al., 2012; Pessoa, 2014) e os obtidos no presente estudo. Além disso, poderá auxiliar em estratégias de avaliação genética de características de carcaça, qualidade de carne e resistência a doenças (VanEenennaam et al., 2014). Entretanto, a adoção desta tecnologia pelos programas de melhoramento requer uma avaliação técnica e econômica minuciosa.

Tabela 1. Ganho médio em acurácia e correlação entre os valores genéticos tradicionais e valores genéticos genômicos preditos no momento da seleção e na avaliação genética após três gerações

Linha	Característica	Ganho (%)	Cor(EBV,GEBV)	Cor(EBV,rEBV)	Cor(GEBV,rEBV)
LA	ID110	5,11	0,9077	0,5959	0,6453
	CA	3,64	0,8472	0,4381	0,4406
	LV5	22,17	0,5598	0,4854	0,4575
LW	ID110	6,79	0,9156	0,5428	0,5500
	CA	11,59	0,8551	0,4476	0,4650
	LV5	24,53	0,7621	0,3107	0,3270

ID110: idade para atingir 110kg; CA: conversão alimentar; LV5: leitões viáveis ao quinto dia;

Cor(EBV,GEBV): correlação entre os valores genéticos tradicionais e genômicos no momento da seleção;

Cor(EBV,rEBV): correlação entre os valores genéticos tradicionais no momento da seleção e da avaliação após três gerações;

Cor(GEBV,rEBV): correlação entre os valores genéticos genômicos no momento da seleção e os valores genéticos tradicionais da avaliação após três gerações.

Conclusões

A utilização de informações genômicas na avaliação genética acarretou ganhos em acurácia no momento da seleção e maiores associações com futuras predições de alta acurácia para características de desempenho e reprodutiva.

Agradecimentos

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) pelo financiamento do projeto (02.09.70.600.01) e a Alexandre L. Tessmann pela assistência técnica.

Literatura citada

- DE LOS CAMPOS, G.; HICKEY, J. M.; WONG-PONG, R. 2013. Whole genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. *Genetics*, v.193, p.327-245.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T. et al. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Montpellier, França.
- MISZTAL, I.; LEGARRA, A; AGUILAR, I. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree and genomic information. *Journal of Dairy Science*, v.92, p.4648-4655.
- PESSOA, M. C. 2015. Sistema de simulação para avaliar a eficiência da seleção genômica em populações de suínos. Tese (D.Sc.). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.
- TRIBOUT, T.; LARZUL, C.; PHOCAS, F. 2012. Efficiency of genomic selection in a purebred pig male line *Journal of Animal Science*, v.90, p.4164.
- VANEENENNAAM, A. L.; WEIGEL, K. A.; YOUNG, A. E. et al. 2014. *Annual Review of Animal Bioscience*, v.2, p.105-139.