

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Estimação genômica da variância de dominância para características reprodutivas em suínos¹

Edson Vinicius Costa², Paulo Sávio Lopes⁴, Marcos Deon Vilela de Resende³, Simone Eliza Facioni Guimarães⁴, Fabyano Fonseca e Silva⁵, Camila Ferreira Azevedo⁶

¹Trabalho financiado pela FAPEMIG

²Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – UFV, Viçosa. Bolsista do CNPq. e-mail: edson.costa@ufv.br

³Embrapa Florestas/Departamento de Estatística – UFV, Viçosa. e-mail: marcos.deon@gmail.com

⁴Departamento de Zootecnia – UFV, Viçosa. e-mail: plopes@ufv.br, sfacioniguima@gmail.com

⁵Departamento de Estatística – UFV, Viçosa. e-mail: fabyanofonseca@ufv.br

⁶Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria – UFV, Viçosa. e-mail: camila.azevedo1504@gmail.com

Resumo: Objetivou-se no presente estudo estimar, via análise genômica, a variância de dominância para características reprodutivas em suínos, analisando características como número total de leitões nascidos (TLN) e número de leitões desmamados aos 21 dias (TLD) de uma população F2 composta de 345 suínos provenientes do cruzamento de dois varrões da raça naturalizada brasileira *Piau*, com 18 fêmeas de linhagem desenvolvida na UFV, pelo acasalamento de animais de linha comercial (*Landrace* × *Large White* × *Pietrain*), utilizando genotipagem realizada via tecnologia Golden Gate/Vera Code R e marcadores SNPs. Constatou-se que a variância genética aditiva foi maior que a variância da dominância para ambas as características estudadas. A variância de dominância para TLN representou cerca de 67% da variância genética aditiva enquanto que a variância da dominância para TLD representou 99,7% da variância genética aditiva. Os resultados indicam que os efeitos de dominância podem ser importantes para as características reprodutivas em suínos, sendo fundamentais para a avaliação genética. Portanto deve-se considerar os efeitos de dominância para essas características reprodutivas na avaliação genética de suínos.

Palavras-chave: características reprodutivas, dominância, parâmetros genéticos, seleção genômica, suínos

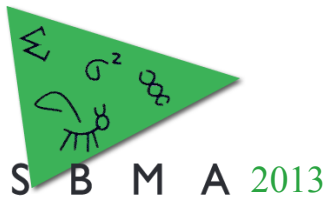
Genomic estimation of dominance variance for reproductive traits in pigs

Abstract: The aim of this study was to estimate, via genomic analysis, the dominance variance for reproductive traits in pigs, analyzing traits such as number of piglet born in total (TLN) and number of piglet weaned at 21 days from a F2 population consisting of 345 pigs from the crossing of two boars of the naturalized Brazilian *Piau* bred, with 18 females of line developed at UFV, by mating animals of commercial line (*Landrace* × *Large White* × *Pietrain*), using genotyping performed by technology Golden Gate technology / Vera Code R and SNP markers. It was found that the additive genetic variance was greater than the variance of dominance for both traits. The dominance variance for TLN represented around 67% of the additive genetic variance while the dominance variance for TLD represented 99,7% of the additive genetic variance. The results indicate that dominance effects may be important to reproductive traits in pigs, being essential for the genetic evaluation. Therefore, it should be the dominance effects for reproductive traits in the genetic evaluation in pigs.

Keywords: reproductive traits, dominance, genetic parameters, genomic selection, pigs

Introdução

Atualmente metodologias de modelos mistos para avaliação genética em suínos tem utilizado modelo genético puramente aditivo, o que segundo Falconer and Mackay (1996) gera substancial redução da acurácia. Fuerst (1996) afirmou que a curto prazo a seleção atingiria respostas mais rápidas no âmbito do modelo aditivo enquanto a longo prazo, maiores ganhos genéticos poderiam ser alcançados com a inclusão de efeitos genéticos não-aditivos.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Segundo Henderson (1989) a predição simultânea do efeito genético aditivo e de dominância deve permitir uma predição mais precisa do mérito genético total. O modelo de dominância parece ser bem adequado na avaliação genética de suínos, visto que é uma espécie que produz várias crias em um único parto, gerando dois tipos de parentesco (meios irmãos e irmãos completos) no conjunto de dados, possibilitando a estimação da magnitude de efeitos de dominância em características reprodutivas. Poucos são os trabalhos que tratam da estimação da variância de dominância em suínos empregando apenas dados fenotípicos (Angkurasanee, 2010). A estimação genômica dessa variância é ainda mais rara. Logo, objetivou-se com o presente estudo estimar a variância de dominância para características reprodutivas em suínos, empregando simultaneamente dados fenotípicos e de marcadores moleculares do tipo SNP.

Material e Métodos

Os dados utilizados no presente estudo são provenientes da Granja de Melhoramento de Suínos (GMS) do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais, no período de novembro de 1998 a julho de 2001. Neste experimento, a população F2 foi composta de 345 suínos provenientes do cruzamento de dois varrões da raça naturalizada brasileira *Piau*, com 18 fêmeas de linhagem desenvolvida na UFV, pelo acasalamento de animais de linha comercial (*Landrace* × *Large White* × *Pietrain*).

A genotipagem foi realizada via tecnologia Golden Gate/Vera Code R, no Laboratório de Genética Animal (LGA), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), Brasília, DF. Os marcadores SNPs estão distribuídos da seguinte forma nos cromossomos de *Sus scrofa*: SSC1 (56), SSC4 (54), SSC7 (59), SSC8 (31), SSC17 (25), totalizando assim 237 marcadores. As características analisadas foram número total de leitões nascidos (TLN) e número de leitões desmamados aos 21 dias (TND).

A estimação genômica via o método G-BLUP incluindo os efeitos fixos (b), aditivos (g) e de dominância (d) foi realizada segundo o modelo $y = Xb + Zg + Zd + e$, em que a estrutura de variâncias é

dada por $g \sim (0, G\sigma_g^2)$; $d \sim (0, G_d\sigma_d^2)$; $e \sim (0, I\sigma_e^2)$. X e Z são matrizes de incidência, G e G_d são

matrizes genômicas de parentesco aditivo e de dominância, respectivamente. As análises foram feitas por meio do software GS3 (Legarra et al., 2011).

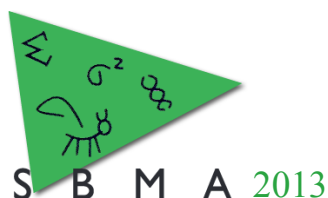
Resultados e Discussão

A variância genética aditiva foi maior que a variância da dominância para ambas as características estudadas. A variância de dominância para TLN representou cerca de 67% da variância genética aditiva enquanto que a variância da dominância para TLD representou 99,7% da variância genética aditiva. Esses resultados apontam para um grau médio de dominância alto, típico de ação gênica de dominância completa.

Em um estudo de suínos da raça *Landrace* por Norris et al. (2006) a variância da dominância para número de leitões nascidos vivos foi responsável por 66% da variância genética aditiva, resultado próximo ao obtido neste trabalho. Angkurasanee (2010) trabalhando com suínos da raça *Duroc* encontrou uma relação entre variância da dominância e variância genética aditiva de 12,63%, resultado muito inferior ao estimado neste estudo.

Os resultados indicam que os efeitos de dominância podem ser importantes para as características de reprodução em suínos. Portanto, os sistemas de acasalamento específicos podem permitir, via seleção, o aproveitamento dos efeitos de dominância para essas características e, conseqüentemente, aumentar o desempenho fenotípico nos sistemas de produção suína.

Tabela 1. Estimativas dos componentes de variância aditiva, de dominância, fenotípica e residual para total de leitões nascidos e desmamados.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

	σ_g^2	σ_d^2	σ_p^2	σ_e^2
Características				
TLN	1,625	1,088	5,297	2,584
TLD	1,709	1,704	5,830	2,417

σ_g^2 = Variância genética aditiva; σ_d^2 = Variância do efeito de dominância; σ_p^2 = Variância fenotípica;
 σ_e^2 = Variância residual

Conclusões

Os efeitos de dominância apresentam altas magnitudes em características reprodutivas de suínos e devem ser considerados na avaliação genética.

Agradecimentos

Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro.

Literatura citada

- ANGKURASERANEE, T. Estimation of additive and dominance variance for reproductive traits from different models in Duroc purebred. **Songklanakarin Journal Science Technology**. v.32, p.115-117, 2010.
- FALCONER, D.F. AND MACKAY, T.F.C. Variance. In Introduction and Quantitative Genetic. Longman 4 th edition, **Malaysia**. p.122-143, 1996.
- FUERST, C. Impact of dominance and epistasis on the genetic makeup of simulated populations. **Journal Dairy Science**. v.79, 1996.
- HENDERSON, C. R. Prediction of merits of potential matings from sire-maternal grandsire models with nonadditive genetic effects. **Journal Dairy Science** v.72, p.2592-2605, 1989.
- LEGARRA, A.; ROBERT-GRANIÉ, C.; CROISEAU, P.; GUILLAUME, F.; FRITZ, S. Improved Lasso for genomic selection. **Genetics Research, Cambridge**, v. 93, n. 1, p. 77-87, 2011.
- NORRIS, D., VARONA, L., VISSER, D.P., THERON, H.E., VOORDEWIND, S.F., NESAMVUNI, E.A. Estimation of the additive and dominance variances in South African Landrace pigs. **South African Journal of Animal Science**. v.36, p.261–268, 2006.