

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

Acurácia dos métodos de seleção genômica em bubalinos¹

Rusbel Raul Aspilcueta-Borquis², Francisco R. Araujo Neto³, Daniel Jordan Santos de Abreu², Fernando Baldi⁴, Humberto Tonhati⁴.

¹ Trabalho financiado pela FAPESP.

² Program da Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal – FCAV, Jaboticabal email: raul_rusbel@yahoo.es

³ Departamento de Zootecnia- IFG, Campus de Rio Verde. Email: netozoo@hotmail.com

⁴ Departamento de Zootecnia - FCAV, Jaboticabal e-mail: tonhati@fcav.unesp.br

Resumo: A utilização de informações de marcadores distribuídos ao longo do genoma pode aumentar a acurácia associada aos valores genéticos preditos de animais jovens candidatos à seleção. O objetivo deste estudo foi comparar diferentes metodologias (Bayes $C\pi$, GBLUP, LASSO Bayesiano) para avaliar o impacto na acurácia das predições dos valores genéticos para as características produtivas e qualidade de leite nas búfalas. No presente estudo foram utilizados 2835 registros de primeiras lactações completas de búfalas filhas de 112 touros, das quais foram genotipadas 384 búfalas utilizando o chip Illumina Infinium® bovineHD BeadChip. Os resultados mostraram que ao incluir as informações do SNP nas análises, estas apresentam maior acurácia, indicando que as estimativas dos valores genéticos são mais confiáveis. As correlações de Pearson, em relação aos valores genéticos e valores genômicos aplicando diferentes metodologias, foram acima de 55 %, indicando que existe evidência de conflitos na classificação dos touros quando utilizamos o BLUP. Dados os conflitos de seleção dos touros observados para todas as características em estudo, indica-se que a seleção dos animais seja realizada com base nos valores genômicos estimados, uma vez que esses apresentam estimativas mais acuradas do que os valores genéticos estimados pelas avaliações clássicas.

Palavras chaves: genômica, qualidade do leite, SNP

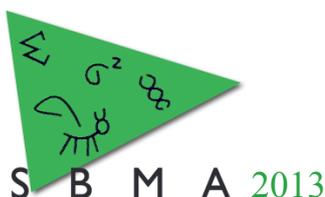
Accuracy of methods of genomic selection in buffaloes

Abstract : The use of information markers distributed throughout the genome can increase the accuracy associated with the predicted breeding values of young animals, candidates to selection. The objective of this study was to compare different methods (Bayes $C\pi$, GBLUP, Bayesian LASSO) to evaluate the impact on accuracy in predictions of breeding values for production traits and quality of milk in buffaloes. The present study used 2835 records of first complete lactation's daughters of 112 complete buffalo bulls, of which 384 were genotyped using the buffalo chip Illumina Infinium® BeadChip BovineHD. The results showed that by including the information in the SNP analyzes, these have higher accuracy, indicating that the estimates of breeding values are more reliable. The Pearson correlation towards breeding values and genomic values applying different methodologies were above 55%, indicating that there is evidence of conflicts in rankings of bulls, when using the BLUP. According the conflicts selection of bulls observed for all traits under study, indicating that the selection of animals is carried out based on genomic estimated values, since these have more accurate estimates of the breeding values estimated by classical evaluates.

Keywords : genomic, milk quality, SNP

Introdução

O advento de plataformas de alto rendimento de genotipagem para muitas espécies de animais habilita a genotipagem em grande número de indivíduos para os painéis densos de polimorfismos de nucleotídeo de base única (SNPs) que abrangem todo o genoma. Métodos de regressão múltipla podem ser aplicados na estimação dos efeitos dos SNPs, entretanto, dificuldades são impostas pelo fato de se ter um maior número de parâmetros e menor número de observações. Este problema foi contornado (Meuwissen et al., 2001) considerando os efeitos dos SNP como aleatório. No primeiro caso foi o RR-BLUP (Ridge regression – BLUP) que considera uma variância única para os efeitos dos SNP, logo foi proposto GBLUP, onde a variância de cada SNP é diferente, posteriormente foram considerados os diferentes métodos bayesianos onde existe seleção de variável.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

O presente trabalho tem por objetivo comparar diferentes metodologias de avaliação genômica, de forma a avaliar o impacto na acurácia das predições dos valores genéticos para as produções de leite e de seus constituintes em búfalas leiteiras.

Materiais e Métodos

No presente estudo foram utilizados 2826 registros de primeiras lactações completas de búfalas, filhas de 112 touros. As características estudadas foram: produções acumuladas a 305 dias de lactação para produção de leite (PL305), gordura (PG305) e proteína (PP305), as porcentagens de gordura (%G) e proteína (%P) e escore de células somáticas (SCS). A %G, %P e os valores de SCS foram obtidos calculando a média dos controles mensais por lactação. A média da contagem de célula somática (CCS) foi transformada para uma escala logarítmica, utilizando a seguinte equação: $SCS = [\log_2(SCC/100.000)] + 3$.

Em virtude de não existir um chip específico para espécie, 384 animais foram genotipados utilizando o Bovine HD BeadChip, que possui 777.962 marcadores do tipo SNP espalhados pelo genoma. Para efeitos do presente estudo, apenas marcadores em cromossomos autossômicos com frequências de alelos menores (MAF) superiores a 0,05 foram incluídos na análise de LD. Apenas marcadores com *Call Freq* maiores a 0,93 e excesso de heterozigotos (Het Excess) menores a 0,30 foram considerados, de forma a serem utilizados nas análises genômicas 15745 SNP.

Foram considerados no modelo os efeitos fixos de grupo contemporâneo (rebanho, ano e estação de parto), número de ordenhas e idade da vaca ao parto como co-variável (linear e quadrática); e os aleatórios de SNP, poligênico (genético aditivo) e residual. Foram aplicadas diferentes metodologias genômicas: GBLUP (Legarra et al., 2013), Bayes $C\pi$ (Habier et al. 2011) e LASSO bayesiano (De Los Campos et al., 2009). Estas metodologias foram executadas utilizando o programa GS3 (Legarra et al., 2013), enquanto para obtenção de resultados na metodologia padrão foi utilizado o programa Gibbs2f90 (Miszta, 2013). Em todas as análises foram geradas cadeias com 2000000 iterações para todas as características estudadas, com período de aquecimento de 200000 e a coleta das amostras a cada 100.

Resultados e Discussão

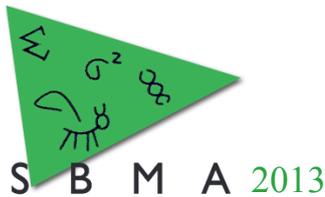
Na tabela 1 estão apresentadas as estimativas de acurácia para as diferentes características em estudo utilizando as diferentes metodologias, bem como as informações dos SNP, além do pedigree e fenótipo (GBLUP, Bayes $C\pi$ e LASSO) e a utilização de pedigree e fenótipo (BLUP). Independentemente da metodologia utilizada para estimar as acurácias das predições, os valores genômicos para as diferentes características em estudo foram superiores às acurácias quando comparadas nas estimativas através da metodologia tradicional (BLUP). As menores estimativas no BLUP podem ser explicadas porque têm uma fonte de informação a menos (informação dos SNP). Entre os diferentes métodos genômicos não houve grandes diferenças nas estimativas das acurácias, isto pode ser devido aos SNP, utilizados no presente estudo, não apresentarem grandes variações.

Tabela 1. Acurácia dos valores genéticos e genômicos dos touros, utilizando métodos genômicos (GBLUP, Bayes $C\pi$ e LASSO) e BLUP, Para as características associados à produção de leite.

	Touros	SNP	GBLUP	Bayes $C\pi$	LASSO	BLUP
PL305	112	15745	0,63	0,64	0,66	0,52
PG305	112	15745	0,53	0,51	0,53	0,46
PP305	112	15745	0,51	0,52	0,55	0,43
%G	112	15745	0,49	0,48	0,44	0,41
%P	112	15745	0,48	0,45	0,50	0,42
SCS	112	15745	0,51	0,53	0,55	0,41

PL305: Produção de leite, PG305: Produção de gordura, PP305: Produção de proteína, %G: porcentagem de gordura, %P: Porcentagem de proteína e SCS: escore de células somáticas.

As correlações de Pearson em relação aos valores genéticos e valores genômicos aplicando diferentes metodologias (Tabela 2) foram acima de 55 %, indicando que existe evidências de conflitos na classificação dos touros, quando utilizamos o BLUP tradicional e utilizando as informações dos SNP,



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

isto é mais evidente nos constituintes do leite e SCS. O que pode ser devido ao menor número de informações que existem no momento de predizer o valor genético através do BLUP. Dados os conflitos de seleção dos touros observados para todas as características em estudo, indica-se que a seleção dos animais seja realizada com base nos valores genômicos estimados, uma vez que esses apresentam estimativas mais acuradas do que os valores genéticos estimados pelas avaliações clássicas.

Tabela 2. Correlação de Pearson na seleção nos touros classificados pelo valor genético clássico (BLUP) e o valor genômico utilizando diferentes metodologias (GBLUP, Bayes C π e LASSO bayesiano) para as características associada à produção de leite.

	GBLUP	Bayes C π	LASSO
PL305	0,73	0,71	0,72
PG305	0,65	0,68	0,61
PP305	0,64	0,66	0,60
%G	0,61	0,60	0,65
%P	0,63	0,62	0,64
SCS	0,59	0,55	0,61

PL305: Produção de leite, PG305: Produção de gordura, PP305: Produção de proteína, %G: porcentagem de gordura, %P: Porcentagem de proteína e SCS: escore de células somáticas.

Conclusões

A incorporação das informações dos SNP, nas avaliações genômicas, possibilitou a obtenção de estimativas de valores genéticos mais acuradas para todas as características em estudo. As correlações de Pearson indicam que temos que ter cuidado na escolha dos animais já que estão apresentando conflitos na classificação com respeito ao método tradicional.

Literatura Citada

- DE LOS CAMPOS, G. NAVA, H. GIANOLA, D. et al. Predicting quantitative traits with regression models for dense molecular markers and pedigree. **Genetic**, 182:375-385, 2009.
- HABIER D. FERNANDO, R. L. KIZILKAYA K. and Garrick J. Extension of the bayesian alphabet for genomic selection. **BMC Bioinformatics**, 12:186, 2011.
- HAYES B. J. BOWMAN P. J. CHAMBERLAIN A. C. et al. Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, 41:51, 2009.
- LEGARRA A. RICARD A. and FILANGI O. 2013. Manual GS3. Genomic Selection | Gibbs Sampling | Gauss Seidel (and Bayes) http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra/manualgs3_last.pdf
- MEUWISSEN, T. H. E. HAYES B. J. and GODDARD M. E. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. **Genetics** 157: 1819–1829, 2001.