

**Prelecionista:** Daniele Botelho Diniz

**Orientador:** Prof. Dr. Paulo Sávio Lopes

### **Estudo de Associação Genômica Ampla para motilidade espermática em suínos**

A implementação da inseminação artificial foi de extrema importância na produção de suínos, aumentando o impacto da performance reprodutiva dos machos. A qualidade do sêmen desses animais pode ser avaliada de acordo com alguns critérios. De acordo com Lin (2005), a avaliação da motilidade espermática é um dos testes mais utilizados para avaliação do sêmen, por ser essencial para a fertilização.

A seleção de reprodutores suínos tem sido realizada tradicionalmente com o objetivo de produzir a melhor leitegada, baseando-se em características de crescimento e carcaça, com pouca atenção dispensada à capacidade reprodutiva dos machos. Um problema que existe é que características reprodutivas só podem ser avaliadas nos reprodutores após a puberdade. Sendo assim, a seleção assistida por marcadores poderia ser utilizada como ferramenta para avaliação da fertilidade desses animais (Kaewmala, 2011).

O estudo de associação genômica ampla (GWAS) requer o conhecimento de uma associação entre um marcador genético e alguma variação no fenótipo. Tornou-se mais fácil a realização desse estudo com o desenvolvimento de mapas de alta densidade de marcadores SNPs. O GWAS utiliza dados de valores genéticos estimados ou valores genéticos desregressados para identificação de marcadores relacionados com a característica de interesse.

O projeto será conduzido com os objetivos principais de identificar SNPs relacionados com motilidade espermática em suínos e comparar os resultados do GWAS utilizando nas análises valores genéticos estimados e valores genéticos desregressados, com o uso de dois diferentes modelos estatísticos.

Os dados fenotípicos, fornecidos pela TOPIGS Research Center IPG, são provenientes de avaliações de 1414 animais das linhas N e Z da TOPIGS quanto à motilidade de espermatozóides no tempo zero, pelo método conhecido como CASA (Computer Assisted Sperm Analysis). Os resíduos serão testados quanto à distribuição normal pelo teste de Kolmogorov-Smirnov. Um total de 2890 animais foram genotipados com o uso do Illumina Porcine SNP60 Bead Chip (60K). Posteriormente o controle de qualidade será aplicado para os SNPs e animais.

Através do programa ASREML 3.0 serão estimados os componentes de variância, as herdabilidades e os valores genéticos (EBVs). Com o programa R, os valores genéticos desregressados, as confiabilidades ( $r^2$ ) baseadas nos valores genéticos estimados e nos valores genéticos desregressados e o “weighting factor” serão calculados. O GWAS será realizado através da “Single SNP analysis”. A análise de variância será feita e com o uso do programa R, o “fator de inflação genômica” será calculado através do pacote GenABEL. Se necessário, será realizado o “controle genômico” (Genomic Control).

No próximo passo, os gráficos chamados de “Q-Q plots” serão feitos, nos quais os p-valores calculados para cada SNP serão plotados contra os p-valores esperados (se não houvesse nenhum tipo de associação entre marcador e fenótipo). A False Discovery Rate (FDR) será aplicada pelo fato de múltiplos testes estarem sendo realizados simultaneamente. Q-valores baseados na FDR serão calculados para medição da significância estatística. SNPs que possuírem q-valores  $\leq 0.05$  serão considerados significativos.

Utilizando os resultados da ANOVA, os gráficos denominados “Manhattan plots”, que mostram cada SNP representado por um ponto, serão feitos. Assim, será possível observar quais SNPs são significativamente relacionados com a característica estudada, bem como sua localização.

## Bibliografia

GARRICK, D. J.; TAYLOR, J. F.; FERNANDO, R. L. Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. **Genet. Sel. Evol**, v. 41, p. 55, 2009.

GUNAWAN, A. et al. Association study and expression analysis of porcine ESR1 as a candidate gene for boar fertility and sperm quality. **Animal reproduction science**, v. 128, n. 1-4, p. 11-21, Oct 2011. ISSN 0378-4320.

KAEWMALA, K. **Association and expression study of CD9, PLCz and COX-2 as candidate genes to improve boar sperm quality and fertility traits**. 2011. Universitäts-und Landesbibliothek Bonn

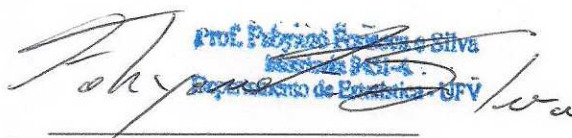
LIN, C. **Candidate gene analysis for loci affecting sperm quality and fertility of boar**. 2005. Inst. für Tierwiss., Abt. Tierzucht und Tierhaltung

RESENDE, M. D. V.; SILVA, F. F.; LOPES, P. S. **Seleção Genômica Ampla (GWS) via Modelos Mistos (REML/BLUP), Inferência Bayesiana (MCMC), Regressão Aleatória (RR) e Estatística Espacial**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa/Departamento de Estatística. 2011. 170 p.



Daniele Botelho Diniz

Prelecionista

  
Prof. Paulo Sávio Lopes  
Departamento de Estatística - UFV

Prof. Paulo Sávio Lopes

Orientador