

REGRESSÃO VIA COMPONENTES PRINCIPAIS APLICADA A SELEÇÃO GENÔMICA AMPLA

Camila Ferreira Azevedo^{1,4}, Fabyano Fonseca e Silva¹, Marcos Deon Vilela de Resende², Luiz Alexandre Peternelli¹, Simone Eliza Facioni Guimarães³

RESUMO

O grande atrativo da genética molecular é a utilização direta das informações de DNA no processo de identificação de animais geneticamente superiores. Sob esse enfoque, a seleção genômica ampla (*Genome Wide Selection - GWS*) consiste na análise de um grande número de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) amplamente distribuídos no genoma. A utilização destas informações é um desafio, uma vez que o número de marcadores é muito maior que o número de animais genotipados (alta dimensionalidade) e tais marcadores são altamente correlacionados (multicolinearidade). No entanto, o sucesso da GWS se deve a escolha de metodologias que contemplem essas adversidades. Os métodos de redução dimensional, dentre eles a regressão via componentes principais (PCR), têm sido aplicados na GWS com sucesso, porém ainda existe uma carência de estudos nesse sentido. Diante do exposto, o presente estudo tem por objetivo aplicar os métodos PCR (método proposto) e RR-BLUP (método tradicional) considerando características de carcaça em uma população F2 de suínos (Comercial x Piau) desenvolvida na Universidade Federal de Viçosa. De forma geral, o método PCR mostrou-se superior ao método RR-BLUP para a maioria das características avaliadas.

Palavras-chave: *seleção genômica, componentes principais, RR-BLUP.*

¹DET - Universidade Federal de Viçosa, camila.azevedo1504@gmail.com, fabyanofonseca@ufv.br, peternelli@ufv.br

²EMBRAPA Florestas, marcos.deon@gmail.com

³DZO - Universidade Federal de Viçosa, sfacioniguima@gmail.com

⁴Agradecimento à FAPEMIG e CAPES pelo apoio financeiro.