

Testes de parentesco utilizando polimorfismos de nucleotídeo único em dados simulados

Primeiro autor: Gustavo Garcia Santiago

Demais autores: Santiago, G. G.^{1}; Siqueira, F.²;*

Silva, L. O. C.²; Faria, F. J. C.³

Resumo

Nos programas de melhoramento de bovinos de corte, a predição de valores genéticos considera informações de desempenho e parentesco entre indivíduos. Portanto, erros no pedigree apresentam relevante impacto sobre os resultados da avaliação genética e do ganho genético. Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) possibilitam calcular a probabilidade de exclusão de paternidade (PEP), permitindo corrigir eventuais erros no pedigree. Neste contexto, objetivou-se calcular a PEP e avaliar a acurácia desta metodologia utilizando painéis com diferentes densidades de marcadores. Para tanto, foi simulada uma população mimetizando a estrutura populacional da raça Nelore por meio do *software* QMSim. Foram selecionados 312 indivíduos, sendo 12 touros, 108 matrizes, 96 irmãos completos e 96 meio irmãos. O genoma simulado apresentou 52.374 SNPs em 29 cromossomos segregando com frequência alélica mínima de 0.1. Cinquenta cenários foram testados, variando entre 100 e 5.000 SNPs selecionados aleatoriamente, em incrementos de 100 SNPs a cada cenário. Foram realizadas cinquenta repetições de cada cenário e o cálculo da PEP foi realizado pela contagem de homozigotos opostos entre cada par de indivíduos. A acurácia foi calculada pela proporção de

(1) Doutorando da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul - UFMS, gustavo_garcia-santiago@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Professor da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS * Autor correspondente.

atribuição de paternidade incorreta (API) e correta (APC), comparando o pedigree calculado com o original. Observou-se do cenário utilizando 300 SNPs em diante que a API foi zero. A APC progrediu de acordo com o incremento no número de marcadores e, a partir do cenário com 1.800 SNPs, observou-se 100% de acurácia. Todos os cenários apresentaram ao menos uma repetição com 100% de APC. Isso demonstra a viabilidade de realizar testes de parentesco com grande acurácia utilizando SNPs em baixa densidade, desde que seja realizada uma criteriosa seleção dos marcadores. Frequências alélicas, desequilíbrio de ligação e posição no genoma podem auxiliar na seleção de marcadores que capturem maior parte da variabilidade genética e contribuam para elucidar as relações de parentesco entre indivíduos.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFMS e Capes.