

## CONTRIBUIÇÃO DAS RAÇAS CHAROLÊS E NELORE NA ACURÁCIA DE IMPUTAÇÃO DE ANIMAIS CANCHIM

\*Igor Nelson Herculano Duarte<sup>1</sup>; Ryan de Oliveira Gonçalves Maia<sup>1</sup>; Luany Emanuella Araujo Marciano<sup>1</sup>; Marta Silva Santos<sup>1</sup>; Priscila Arrigucci Bernardes<sup>2</sup>; Donagh Berry<sup>3</sup>; Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>4</sup>; Marcos Eli Buzanskas<sup>1</sup>

Autor para correspondência: [igor\\_herculano@hotmail.com](mailto:igor_herculano@hotmail.com)

<sup>1</sup>Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Câmpus de Areia/PB, Brasil; <sup>2</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal/SP, Brasil; <sup>3</sup>Teagasc, Animal & Grassland Research Centre, Athenry, Irlanda; <sup>4</sup>Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP, Brasil

### INTRODUÇÃO

A utilização de ferramentas genômicas na área do melhoramento genético animal tem como objetivo elevar os ganhos genéticos anuais por meio de intensificação na seleção de reprodutores de alto potencial genético e redução do intervalo de gerações, contribuindo para o aumento em produtividade. Painéis de marcadores moleculares do tipo SNP ("single nucleotide polymorphism") com diferentes densidades são comumente utilizados em estudos genômicos e, por muitas vezes, o emprego de painéis de baixa densidade torna-se necessário para redução de custos na genotipagem de animais (2). O objetivo deste trabalho foi utilizar como população de referência as raças Nelore (NE) e Charolês (CH) para verificar a viabilidade de imputação na raça composta Canchim (CA) e o grupo genético MA (MA).

### MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados genótipos de 395 animais (283 animais da raça Canchim e 112 animais do grupo genético MA) e 809 animais da raça Nelore fornecidos pela Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, São Paulo. Foram utilizados 897 animais da raça Charolês provenientes da Athenry Animal & Grassland Research Centre, Athenry, Irlanda. Todos os animais foram genotipados com o painel BovineHD - Illumina® BeadChip (777.962 SNPs - HD).

Para a formação da população de imputação realizou-se a redução da densidade de marcadores e foram consideradas as posições de marcadores presentes no painel Illumina BovineSNP50 (54.609 SNPs - 50K). Para o estudo de imputação de genótipos foram formadas diferentes populações de referência e de imputação. No total, 11 cenários foram avaliados considerando-se como populações de imputação animais Canchim (CA), grupo genético MA (MA) e ambas as populações juntas (CAN). Animais Nelore (NE), Charolês (CH), Canchim (CA) e o grupo genético MA (MA) foram considerados como população de referência nos cenários estudados.

O controle de qualidade de genótipos foi realizado por meio do programa Plink v.1.9 (3). Para a imputação foi utilizado o programa FImpute v.2.2 (5), não sendo considerado o pedigree dos animais. Para avaliação da acurácia de imputação foram utilizadas as medidas de taxa de concordância (TC) e  $r^2$  alélico ( $R^2$ ) por meio do programa R (4).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Comparando-se os cenários C1 a C3 (Tabela 1) com C4 a C6 verificou-se diferenças em acurácia de 8 a 10%, sendo superiores nos cenários que consideraram animais CH na referência. Buzanskas et al. (1) observaram que o CH contribui com cerca de 73 a 76% dos genes presentes no CAN. Logo, maiores acurácias podem estar relacionadas à maior contribuição da raça CH. Nos cenários C7 a C9 houve aumento

em acurácia quando comparados aos cenários de C1 a C6. Logo, a contribuição conjunta de NE e CH para imputação de CA e MA poderá resultar em ganhos em acurácia.

Tabela 1. Populações de referência e imputação em bovinos Nelore (NE), Charolês (CH), Canchim (CA), grupo genético MA (MA), Canchim e MA (CAN).

População de Referência	População de Imputação		
	CAN	CA	MA
NE	C1 (0,65* - 65,80#)	C2 (0,65* - 65,87#)	C3 (0,63* - 64,71#)
CH	C4 (0,73* - 72,72#)	C5 (0,73* - 73,99#)	C6 (0,73* - 69,78#)
NE+CH	C7 (0,86* - 83,96#)	C8 (0,85* - 82,90#)	C9 (0,88* - 85,68#)
NE+CH+CA	-	-	C10 (0,93* - 91,61#)
NE+CH+MA	-	C11 (0,89* - 87,66#)	-

Cenários de imputação: C1 a C11, acurácia de imputação (entre parênteses), \* $r^2$  alélico, #taxa de concordância (%).

Observou-se aumento em acurácia quando considerados os genótipos de CA (C10) na população de referência em conjunto com NE e CH. Este resultado pode ser consequência da maior contribuição na quantidade de dados de animais CA (283) quando comparada à contribuição de MA (C11), o qual contava com 112 animais. Maiores taxas de concordância e  $r^2$  alélico foram observadas no cenário C10, indicando a possibilidade de inclusão de genótipos de animais NE e CH para aumento de acurácia de imputação. No entanto, é necessário que exista relação de parentesco entre as populações de referência e de imputação para auxílio na acurácia.

### CONCLUSÃO

A utilização simultânea de NE e CH como população de referência se mostrou viável proporcionando ganhos em acurácia para a imputação no Canchim e MA.

### REFERÊNCIAS

- Buzanskas, ME, et al. 2017. PLoS One 12, p.0171660.
- Chud, TCS, et al. 2015. BMC Genet. 16(99).
- Purcell, S, et al. 2007. Am. J. Hum. Genet. 81, p.559–575.
- R Development Core Team, 2015.
- Sargolzaei, M, et al. 2014. BMC Genomics 15(478).