

CORRIDAS DE HOMOZIGOSE EM PORCOS MOURA E DE OUTRAS RAÇAS COMERCIAIS

Karine Aparecida Rodrigues de Souza^{1*}; Darilene Ursula Tyska¹; Alexandra Fabielle Pereira Viana¹; Rosyara Pedrina Maria Montanha Juliatto²; Marson Bruck Warpechowski²; Mônica Corrêa Ledur³; Maria Marta Loddi⁴; Denyse Maria Galvão Leite⁵; Kaline Alessandra Lima de Sá²; José Braccini Neto¹

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul. ²Universidade Federal do Paraná. ³Embrapa Suínos e Aves. ⁴Universidade de Ponta Grossa. ⁵Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná.*Karinerodriguesouza@hotmail.com.

A transmissão de haplótipos idênticos de um ancestral comum cria longos trechos de genótipos homocigotos, conhecidos como corridas de homocigose (ROHs). Haplótipos mais longos são herdados de ancestrais comuns recentes, e haplótipos mais curtos são herdados de ancestrais distantes, o que permite estimar o nível de endogamia do genoma. O objetivo do estudo foi caracterizar os padrões de ROH no genoma dos porcos Moura (raça crioula), Duroc, Landrace, Large White e Pietrain. O banco de genótipos foi formado por 75 porcos suínos da raça Moura de quatro regiões do Brasil (Sul, Sudeste, Nordeste e Centro-Oeste) e 8 animais para cada uma das raças comerciais (Duroc, Landrace, Large White e Pietrain) genotipados com o Illumina Porcine v2 BeadChip com 61.565 SNPs. Foram incorporados 352 animais das raças: Moura (n=9), Duroc (n=79), Landrace (n=130), Large White (n=76) e Pietrain (n=58), obtidos do repositório digital Dryad contendo 61.772 SNPs, totalizando 459 animais e 61.565 SNPs. Utilizando o SNPchiMp v.3 foi possível obter o mapa de referência mais recente, visando garantir a correta união do banco de genótipos. O software PLINK v1.9 foi utilizado para identificar as ROHs de comprimento mínimo de 1 Mbp, visando excluir ROHs curtas e comuns decorrentes do desequilíbrio de ligação, definindo uma ROH com: (i) o número mínimo de 15 SNPs homocigotos consecutivos; (ii) comprimento mínimo da região 1 Mbp; (iii) a densidade mínima de SNP em uma janela do genoma de 1 SNP a cada 100 Kbp; (iv) a distância máxima permitida entre SNPs consecutivos de 1000 Kbp e (v) nenhum SNP heterocigoto permitido. Os animais da raça Moura apresentaram o maior percentual de ROHs longas (>8 Mb), representando 35,8% das corridas, indicando eventos de endogamia recentes de até cinco gerações passadas. Os animais das raças comerciais apresentaram maiores frequências de ROHs curtas (<4 Mb), provavelmente decorrente da formação das raças. Os resultados indicam que para a raça Moura, que apresentou o maior percentual de ROHs longas, é necessária atenção especial nos esquemas de acasalamento com o objetivo de evitar possíveis problemas em função da depressão endogâmica e minimizar os possíveis riscos de problemas em características de importância econômica afetadas pela endogamia.

Palavras-chave: autozigose; polimorfismo de nucleotídeo único; *Sus Scrofa*.

Agradecimentos: Agradecemos ao Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia pelo fornecimento de amostras de DNA dos Moura. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, 303263/2021-0) pelo financiamento parcial e bolsas, a Embrapa



VII CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS
8 a 11 de novembro de 2022
ISBN: 978-65-88187-06-7

Suínos e Aves, Universidade de Passo Fundo (UPF), Universidade Federal do Paraná (UPF) e Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)