

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

ESTRATÉGIAS DE IMPUTAÇÃO EM GADO CANCHIM UTILIZANDO POPULAÇÃO DE REFERÊNCIA DA RAÇA NELORE

Luany Emanuella Araujo MARCIANO^{*1}, Ryan de Oliveira Gonçalves MAIA¹, Marta da Silva SANTOS¹, Igor Nelson Herculano DUARTE¹, Priscila Arrigucci BERNARDES², Tatiane Cristina Seleguim CHUD³, Luciana Correia de Almeida REGITANO⁴, Marcos Eli BUZANSKAS¹

* Autor para correspondência: marcianoluany@gmail.com

¹ Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Câmpus de Areia/PB, Brasil

² Universidade Estadual Paulista (UNESP), Câmpus de Jaboticabal/SP, Brasil

³ University of Guelph, Guelph/ON, Canada

⁴ Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP, Brasil

Abstract: The use of genomic tools in animal breeding has been widely applied to improve productivity. Imputation methods could be used to reduce genotyping costs and increase the amount of genomic information, which are needed for various studies. The aim of this study was to consider the Canchim cattle (a composite beef breed) as target population and the Nelore breed as reference population to evaluate the imputation accuracy. A total of 285 Canchim, 114 MA genetic group and 814 Nelore animals were used in this study. Imputation was carried out using the FImpute software and genotype imputation accuracy was measured by concordance rate (CR) and allelic R square (R^2). Five imputation scenarios were tested and CR results varied from 64.71% to 89.69%. The R^2 varied from 0.63 to 0.91. High accuracy was obtained in the scenario considering Nelore and Canchim as reference population and MA animals as target. Despite of presenting acceptable accuracies, which indicates the possibility of using Nelore genotypes for imputing genetic markers in Canchim and MA animals, other studies should be carried out to evaluate different reference populations to obtain greater accuracies.

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

Palavras-chave: marcadores moleculares, melhoramento genético animal, raça composta

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 (Chud et al., 2015). A imputação é uma ferramenta estatística que possibilita a predição de genótipos que não foram diretamente obtidos em painéis de baixa densidade. A inferência de genótipos faltantes pode ser realizada por meio de populações de referência genotipadas com painéis de alta densidade (Druet et al., 2010).

A acurácia de imputação pode ser medida de acordo com a quantidade de genótipos imputados corretamente e este resultado dependerá do grau de parentesco entre a população de imputação e a população de referência, quantidade de marcadores e de indivíduos na população de referência. De acordo com Ventura et al. (2014), as acurácias de imputação em populações multirraciais de bovinos pode depender da composição racial existente entre as populações de referência e de imputação. Assim, o objetivo deste trabalho foi utilizar a raça composta Canchim (5/8 Charolês e 3/8 Zebu) e o grupo genético MA como população de imputação para verificar a acurácia de imputação de genótipos quando considerada a raça Nelore como população de referência.

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 285 animais da raça Canchim e de 114 animais do grupo genético MA genotipados com o painel BovineHD - Illumina® BeadChip (777.962 SNPs - HD). A redução da densidade deste painel para formação da população de imputação considerou as posições de marcadores presentes no Illumina BovineSNP50 (54.609 SNPs - 50K). A população de referência era constituída por 814 animais da raça Nelore, genotipados com painel HD. Os dados de ambas as populações foram fornecidos pela Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP.

Para controle de qualidade de genótipos foi utilizado o programa Plink v.1.9 (Purcell et al., 2007), em que foi considerada a exclusão de SNPs com “call rate” inferior a 90%, “minor allele frequency” inferior a 0,001 e com desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg inferiores a 0,0001. O controle da qualidade dos genótipos das amostras foi realizado por meio da exclusão daquelas que apresentaram “call rate” inferiores a 90%. Para a imputação foi utilizado o programa FImpute v.2.2 (Sargolzaei et al., 2014), não sendo considerado o pedigree dos animais. Foram considerados apenas cromossomos autossômicos e marcadores com posição conhecida para as análises.

Cinco cenários de imputação foram construídos, os quais levaram em conta como população de imputação os animais Canchim (CA), grupo genético MA (MA) e ambas populações juntas (CAN). Como população de referência, foram utilizados animais Nelore (NE), Nelore e Canchim (NE+CA) e Nelore e MA (NE+MA). Foram utilizadas as medidas de taxa de concordância (TC) e r^2 alélico (R^2) para avaliar a acurácia de imputação.

Resultados e Discussão

Embora se considere que a principal raça zebuína que contribui atualmente na formação do Canchim seja a raça Nelore, baixas acurácias foram observadas nos

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

cenários C1, C2 e C3 (Tabela 1). Provavelmente o parentesco entre os animais da população de referência (Nelore) e das populações de imputação (CAN, CA e MA) é baixo. Nestes três cenários a maior quantidade de animais na população de referência não auxiliou no incremento em acurácia.

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

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#)
	475.657 (809) 29.806 (395)	473.889 (809) 29.402 (283)	607.410 (809) 36.085 (112)
NE+CA	-	-	C4 (0,91* - 89,69#) 475.657 (1.092) 29.806 (112)
NE+MA	-	C5 (0,86* - 84,44#) 475.657 (921) 29.806 (283)	-

Cenários de imputação (C1 a C5), acurácia de imputação (entre parênteses), número de marcadores (em negrito) e de indivíduos (entre parênteses) presentes na população de referência, número de marcadores (em itálico) e de indivíduos (entre parênteses) presentes na população de imputação, * r² alélico, # taxa de concordância (%).

Nos cenários C4 e C5 houve evidente aumento no R² (0,91 e 0,86) e TC (89,69% e 84,44%) com a adição de genótipos CA e MA, respectivamente, ao genótipo NE nas populações de referência. Nestes cenários, embora exista aumento do número de animais na população de referência, pode-se inferir que o maior grau de parentesco entre animais CA e MA auxiliou no incremento das acurácias. Resultados similares a estes foram observados por Chud et al. (2015) ao estudarem o mesmo banco de dados de animais Canchim e MA que o presente estudo. Estes autores observaram TC e R² entre cenários que consideraram CA e MA como população de referência e MA e CA como população de imputação, respectivamente, obtendo

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

resultados iguais a 89,55% e 0,82 e 85,92% e 0,76. Comparando-se os resultados deste estudo com o supracitado, observou-se pouca variação quanto à TC e maior variação em relação a R^2 , assim, a menor diferença entre a quantidade de marcadores presentes na população de imputação e na população de referência pode ter aumentado o R^2 .

Conclusão

Embora tenham apresentado acurácias aceitáveis e que indiquem a possibilidade de utilizar genótipos da raça Nelore para imputação de marcadores em animais Canchim e MA, novos estudos com diferentes populações de referência podem ser conduzidos com o objetivo de obter maiores acurácias.

Referências

- Chud, T. C. S., R. V. Ventura, F. S. Schenkel, R. Carneiro, M. E. Buzanskas, J. O. Rosa, M. de A. Mudadu, M. V. G. B. da Silva, F. B. Mokry, C. R. Marcondes, L. C. A. Regitano, and D. P. Munari. 2015. Strategies for genotype imputation in composite beef cattle. *BMC Genet* 16:99. doi: 10.1186/s12863-015-0251-7
- Druet, T., C. Schrooten, and A. P. W. de Roos. 2010. Imputation of genotypes from different single nucleotide polymorphism panels in dairy cattle. *J Dairy Sci* 93:5443–5454. doi: 10.3168/jds.2010-3255
- Purcell, S., B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M. A. R. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P. I. W. de Bakker, M. J. Daly, and P. C. Sham. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am J Hum Genet* 81:559–575. doi: 10.1086/519795
- Sargolzaei, M., J. P. Chesnais, and F. S. Schenkel. 2014. A new approach for efficient genotype imputation using information from relatives. *BMC Genomics* 15:478. doi: 10.1186/1471-2164-15-478
- Ventura, R. V., D. Lu, F. S. Schenkel, Z. Wang, C. Li, and S. P. Miller. 2014. Impact of reference population on accuracy of imputation from 6K to 50K single nucleotide polymorphism chips in purebred and crossbreed beef cattle. *J Anim Sci* 92:1433–1444. doi: 10.2527/jas.2013-6638

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:

