

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

## UTILIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DA RAÇA CHAROLÊS PARA AUXÍLIO NA IMPUTAÇÃO DE ANIMAIS DA RAÇA CANCHIM

Igor Nelson Herculano DUARTE<sup>\*1</sup>, Ryan de Oliveira Gonçalves MAIA<sup>1</sup>, Luany Emanuella Araujo MARCIANO<sup>1</sup>, Marta da 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

<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

**Abstract:** Imputation on composite beef cattle breeds may be challenging when, in order to increase the number of genotyped animals, purebreds are used as source of information. The aim of this study was to consider the composite cattle Canchim, from Brazil, as target population and the Charolais breed, from Ireland, as reference population to evaluate the imputation accuracy. A total of 285 Canchim, 114 MA genetic group and 897 Charolais animals were used in this study. Imputation was carried out using the FImpute software and genotype imputation accuracy was measured by concordance rate and allelic R square. Five imputation scenarios were tested and concordance rate varied from 69.78% to 92.02%. The allelic R square varied from 0.73 to 0.93. High accuracy was obtained in the scenario considering Charolais and Canchim as reference population and MA animals as target. The inclusion of Charolais genotypes assist to increase the imputation accuracy of Canchim and MA animals. Cooperation with international research groups to increase the amount of genomic information may contribute to the genomic evaluations of Canchim cattle.

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

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

## Introdução

O Canchim é uma raça composta que foi desenvolvida com o objetivo de reunir características de rusticidade, presente em animais zebuínos, e de desenvolvimento muscular, observada na raça Charolês. De acordo com Andrade et al. (2008), o desenvolvimento de diferentes estratégias de cruzamentos para obtenção de animais da raça Canchim, sendo um destes o grupo genético MA, tem como finalidade aumentar a base genética da raça.

Métodos de imputação têm sido amplamente utilizados em animais de produção para aumento do número de informações de genótipos, tendo como principal objetivo a redução nos custos de genotipagem e sua utilização em seleção genômica. Grandes dificuldades são observadas em estudos de populações multirraciais, sendo as acurácias de imputação nessa situação geralmente menores do que as estimadas em estudos com animais de raças puras (Ventura et al., 2014). Chud et al. (2015), estudaram diferentes cenários com variadas composições de populações de referência e de imputação considerando animais da raça Canchim e do grupo genético MA e observaram a possibilidade de imputar painéis de média densidade para alta densidade acuradamente. Logo, o objetivo deste trabalho foi verificar a possibilidade de imputação considerando animais da raça Canchim e do grupo genético MA como população de imputação e animais da raça Charolês como população de referência.

## Material e Métodos

Neste trabalho utilizaram-se genótipos 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), fornecidos pela Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP, Brasil. Os dados de Canchim e MA foram reduzidos de acordo com os marcadores disponíveis no painel Illumina BovineSNP50 (54.609 SNPs - 50K). Considerou-se como população de referência a raça Charolês (897 animais), genotipados com painel HD e cedidos por Athenry Animal & Grassland Research

Promoção e Realização:

Apoio Institucional:

Organização:



## CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

Centre, Athenry, Irlanda. O controle de qualidade de genótipos foi conduzido no programa plink v.1.9 e considerou-se a exclusão de marcadores e amostras 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. Foram considerados apenas cromossomos autossômicos e marcadores com posição conhecida para as análises.

O programa FImpute v.2.2 (Sargolzaei et al., 2014) foi utilizado para a imputação de genótipos e não foi considerada a opção de inclusão de pedigree na análise. 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 da raça Charolês (CH), Charolês e Canchim (CH+CA) e Charolês e MA (CH+MA). Para verificar a acurácia de imputação, foram calculadas as medidas de taxa de concordância e  $R^2$  alélico.

### Resultados e Discussão

Após o controle de qualidade de genótipos e de acordo com cada cenário estudado, foram observadas variações no número de marcadores (Tabela 1). A taxa de concordância em C1, C2, C3, C4 e C5 foram iguais a 72,72%, 73,99%, 69,78%, 92,02% e 90,18%, respectivamente (Figura 1). Nos cenários C1, C2, C3, C4 e C5 obteve-se  $R^2$  alélico igual a 0,73, 0,73, 0,73, 0,93 e 0,91, respectivamente. Chud et al. (2015), ao analisarem o mesmo banco de dados utilizados no presente estudo, observaram  $R^2$  alélico igual a 0,76 em cenário que considerou a população de referência constituída por animais MA (HD) e população de imputação com animais CA (50K). A maior diferença entre o número de marcadores em C3 resultou em menor taxa de concordância (69,78%) quando comparadas aos demais (72,72% e 73,99%).

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:



CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

Tabela 1. Populações (Pop.) de referência e de imputação (número de animais entre parênteses) após o controle de qualidade de genótipos

Cenário	Pop. de Referência	Pop. de Imputação	SNPs HD*	SNPs 50K**
C1	CH (897)	CA + MA (395)	656.283	40.589
C2	CH (897)	CA (283)	634.990	40.208
C3	CH (897)	MA (112)	704.712	42.168
C4	CH + CA (1180)	MA (112)	656.283	40.589
C5	CH + MA (1009)	CA (283)	656.283	40.589

CH = Charolês (CH), CA = Canchim, MA = grupo genético MA, \*SNPs HD = "single nucleotide polymorphisms" em painel de alta densidade, \*\*SNPs 50k = "single nucleotide polymorphisms" em painel de média densidade

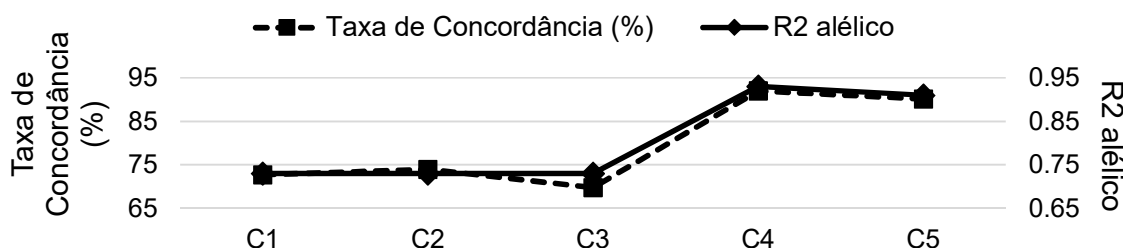


Figura 1. Taxa de concordância (eixo à esquerda) e R<sup>2</sup> alélico (eixo à direita) para os cenários C1 a C5.

Nos cenários C4 e C5 observa-se aumento em ambas as medidas de acurácia testadas (Figura 1). Este resultado pode estar associado ao maior parentesco existente entre as populações de animais Canchim e do grupo genético MA. Tanto para a formação da raça Canchim quanto para o grupo MA, são consideradas maiores contribuições da raça Charolês. Buzanskas et al. (2017), estimaram a introgressão racial e observaram contribuição de zebuínos e de animais Charoleses igual a 24% e 76% em animais MA. Os mesmos autores observaram contribuição de zebuínos e de animais Charoleses igual a 27% e 73% em animais CA. Logo, o cenário C4 pode ter apresentado acurácia superior devido à maior contribuição da raça Charolês presente nos animais MA, assim como maior quantidade de animais presentes na população de referência.

CONSTRUINDO SABERES, FORMANDO PESSOAS E TRANSFORMANDO A PRODUÇÃO ANIMAL

### Conclusão

A inclusão de genótipos de animais da raça Charolês pode resultar em aumento nas acurácias de imputação de animais Canchim e MA. A cooperação com grupos de pesquisa internacionais, com o objetivo de aumentar a quantidade de informações genômicas, pode contribuir nas avaliações genômicas de gado Canchim.

### Referências

- Andrade, P. C., D. A. Grossi, C. C. P. Paz, M. M. Alencar, L. C. A. Regitano, and D. P. Munari. 2008. Association of an insulin-like growth factor 1 gene microsatellite with phenotypic variation and estimated breeding values of growth traits in Canchim cattle. *Anim Genet* 39:480–485.
- Buzanskas, M. E., R. V. Ventura, T. C. Seleguim Chud, P. A. Bernardes, D. J. de A. Santos, L. C. de A. Regitano, M. M. de Alencar, M. de A. Mudadu, R. Zanella, M. V. G. B. da Silva, C. Li, F. S. Schenkel, and D. P. Munari. 2017. Study on the introgression of beef breeds in Canchim cattle using single nucleotide polymorphism markers. M. F. W. te Pas, editor. *PLoS One* 12:e0171660.
- 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.
- 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.
- 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.

Promoção e Realização:



Apoio Institucional:



Organização:

