

Comparação entre dois grupos de touros Nelore com diferentes níveis de prepotência em relação a padrões de autozigosidade para a característica peso à desmama

Bruna Folegatti Santana^{1*}, Gerardo Cornelio Mamani¹, Breno Fragomeni², Ricardo Vieira Ventura³, Fernando Bussiman³, Elisângela Mattos Oliveira¹, Joanir Pereira Eler¹, José Bento Sterman Ferraz¹

¹Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

²Animal Science Department, University of Connecticut, Storrs, CT, United States of America.

³Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

*Autor correspondente: brunafsantana@usp.br

Resumo: Animais endogâmicos tendem ser prepotentes por apresentarem maior proporção de genes em homozigose. Este trabalho propõe identificar possíveis diferenças entre padrões de autozigosidade entre dois grupos de touros com diferentes níveis de prepotência. De um banco de dados selecionou-se touros previamente genotipados que apresentavam informações de peso à desmama de suas progênes. Estimou-se valores genéticos para animais provindos de um pedigree com 595.232 indivíduos, o fenótipo em questão apresentou 506.316 registros. Calculou-se a variabilidade dos EBVs das progênes, e classificou-se touros entre grupos Alta Prepotência e Baixa Prepotência. Os grupos foram comparados quanto aos níveis de endogamia por 2 tipos de coeficientes de endogamia e quanto a distribuição das corridas de homozigidade ao longo do genoma. Através de análise de correlação linear observou-se que o número de ROH está mais associado com a menor variabilidade desta característica nas progênes, do que o tamanho total de ROH. Houve uma associação entre o nível de prepotência e número de segmentos ROH nos touros de alta prepotência. Observou-se uma tendência de que touros classificados como mais prepotentes apresentem maiores níveis de endogamia.

Palavras-chave: bovinos, corridas de homozigidade, endogamia, Nelore, prepotência.

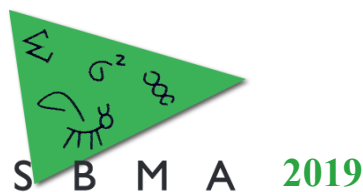
Comparison between two groups of Nelore bulls with different prepotency levels regarding autozygosity patterns for weaning weight

Abstract: Inbred animals tend to be prepotent for presenting a higher proportion of homozygous genes. The objective of this study is to identify possible differences between patterns of autozygosity within two groups of bulls with higher and lower levels of prepotency. Bulls with phenotypic data of their progeny were selected from an existing database of genotyped individuals. Breeding values were predicted from a database containing 595.232 individuals in the pedigree file and 506.316 records for weaning weight. The variability of progenies' EBVs was calculated, and the bulls were split into two groups, High and Low Prepotency. The groups were compared regarding the degree of inbreeding through two genomic coefficients and regarding the distributions of the runs of homozygosity (ROH) throughout the genome. The linear correlation showed that the association between number of ROH and prepotency is higher than the total size of ROH. There was association between level of prepotency and number of ROH segments on bulls of Higher Prepotency group. There was also observed a trend that bulls classified with higher prepotency showed higher levels of inbreeding.

Keywords: bovine, inbreeding, Nelore, runs of homozygosity, prepotency.

Introdução

Identificar reprodutores prepotentes pode ser de interesse em programas de melhoramento genético, quando, no objetivo final se requer certo nível de uniformidade. No caso de bovinos de corte pode-se esperar que suas progênes desmamem com pesos semelhantes, ou mesmo cheguem ao peso de abate sem grandes diferenças de idade, também existe demanda por cortes padronizados. Animais endogâmicos tendem ser prepotentes por apresentarem maior proporção de genes em homozigose, e aprofundar a compressão sobre tal associação e seus efeitos sobre características economicamente relevantes poderia ser benéfico para os programas de melhoramento genético, para o produtor, quiçá, para o consumidor, se favorecer no processo



de obtenção de um produto final mais padronizado em termos de medidas e qualidade, bem como se facilitar ou baratear o manejo de criação.

Nos últimos anos a tecnologia de marcadores genéticos tem sido utilizada de forma expansiva e vem se tornando mais acessível, assim, possibilitando o cálculo de coeficientes de endogamia genômicos, tanto a partir da matriz de relacionamento genômica, como também estimados por meio das corridas de homoziguidade (ROH, do inglês *runs of homozygosity*), os quais têm se mostrado melhores representantes da autoziguidade individual comparados com os coeficientes calculados apenas a partir de informações de genealogia (Forutan et al, 2018).

O objetivo deste estudo é comparar dois grupos de touros com maior e menor nível de prepotência em relação a autoziguidade, investigar se há padrões entre os grupamentos relacionados ao nível de endogamia e frequência de segmentos ROH ao longo do genoma.

Material e Métodos

Selecionou-se touros que apresentavam dados fenotípicos de suas progênes, de um banco de dados com 3320 bovinos nelore genotipados com arranjos de SNP chips Illumina®BovineHD Beadchip e GeneSeek GGP Indicus nas densidades de 777.962, 74.677 e 30.000 SNPs. Os painéis de baixa densidade foram imputados para alta (777.962 SNPs). Foram estimados valores genéticos (EBVs) para animais provindos de um pedigree com 595.232 indivíduos, a característica em estudo foi peso a desmama, que continha 506.316 registros. Calculou-se a variabilidade dos EBVs das progênes por meio de desvios-padrões dentro dos grupos de progênes, descendentes de um mesmo pai. Dividiu-se os touros em dois grupos de acordo com os “níveis de prepotência”, 25% dos extremos menores e maiores dos valores de variabilidade dos EBVs compuseram os grupos Alta Prepotência e Baixa Prepotência, respectivamente. Selecionou-se apenas animais com acurácia dos EBVs de suas progênes acima de 0.3 e um mínimo de 10 progênes. Os grupos foram comparados quanto aos níveis de endogamia por 2 coeficientes, F_{ROH} , calculado como sendo a proporção do genoma em homozigose em relação ao total do genoma, e F_G , calculado seguindo a fórmula de VanRaden et al. (2011). Os SNPs nos cromossomos X e Y ou mitocondriais não foram considerados. Os parâmetros definidos para caracterizar um ROH foram: 50 como número mínimo de SNPs necessários para definir um segmento como ROH, 4 como número de *missing* permitidos dentro de um segmento de ROH, 1 como número de heterozigotos permitidos dentro de um ROH, 50 Kb como máximo *gap* entre SNPs homozigotos consecutivos, 1 SNP para cada 100 Kb como densidade mínima permitida de SNPs dentro de uma corrida, 1 Mb como comprimento mínimo para definir um ROH. O modelo utilizado para prever os EBVs foi como se segue: $Y_{ijklm} = GC_i + \beta_1 Idd + \beta_2 Idamae + a_j + m_k + pe_l + e_{ijklm}$, onde GC_i representa o efeito sistemático do i-ésimo grupo contemporâneo; Idd representa o efeito da covariável idade à mensuração; $Idamae$ representa o efeito da idade da mãe ao parto como covariável; β_1 -2 são os coeficientes de regressão das covariáveis no modelo; a_j representa o efeito aleatório do j-ésimo animal, em que $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$; m representa o efeito aleatório da m-ésima mãe, em que $m \sim N(0, A\sigma_m^2)$; pe representa o efeito aleatório do i-ésimo ambiente permanente, em que $pe \sim N(0, I\sigma_{pe}^2)$ e e_{ijklm} representa o termo residual associado a cada observação, em que $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$. Foi realizado teste de correlação linear entre número de segmentos ROH e nível de prepotência, também entre o tamanho total de ROH com nível de prepotência entre Todos (77 touros), entre o grupo Alta Prepotência (20 touros) e entre o grupo Baixa Prepotência (20 touros). Além do teste qui-quadrado entre a proporção de indivíduos que compartilham SNP em um segmento ROH, comparando-se os dois grupos.

Resultados e Discussão

Os EBVs apresentaram distribuição que se aproxima da normal, com média 2.28 (Diferença Esperada de Progênes = 1.14 Kg) e desvio padrão 4,64. A Tabela 1 apresenta a média dos coeficientes de endogamia para os grupos Alta Prepotência e Baixa Prepotência. As médias se diferiram para F_G ($p < 0.05$), sendo maior no caso dos animais mais prepotentes, o coeficiente F_{ROH} não apresentou diferença entre grupos ($p > 0.05$). Os grupos não se diferenciaram quanto ao número de segmentos e tamanho total de ROH pelo teste T ($p > 0.05$).

As correlações lineares (Tabela 2) apontaram que número de ROH está mais associado a maiores níveis de prepotência do que ao tamanho total dos segmentos. A correlação entre nível de prepotência (desvio-padrão dos EBVs das progênes) e número de segmentos ROH por indivíduos foi alta e significativa

apenas quando realizada dentro do grupo Alta Prepotência. Os cromossomos 7, 12 e 21 apresentaram maiores proporções de segmentos compartilhados nos dois grupos (acima de 40 % dos indivíduos compartilhando segmentos), a frequência de distribuição dos segmentos se diferiu entre grupos pelo teste qui-quadrado ($p < 0.05$).

Tabela 1. Média dos coeficientes de endogamia para os grupos Alta Prepotência e Baixa Prepotência

¹ Grupos	Média dos coeficientes	
	F _{ROH}	F _G
AP	0.0595 ^A	0.445 ^A
BP	0.0516 ^A	0.430 ^B

¹BP: grupo de touros classificados com baixa prepotência; ¹AP: grupo de touros classificados com alta prepotência; Letras iguais em uma mesma coluna não diferem entre si pelo teste T com 5% de significância.

Tabela 2. Correlações entre nível de prepotência e número de segmentos ROH e entre nível de prepotência e tamanho total de ROH por indivíduo, entre todos os touros e aninhado para o grupo Alta prepotência e para o grupo baixa prepotência.

¹ Grupos	“Nível de prepotência e N° ROH”	“Nível de prepotência e Total ROH”
AP	-0,51*	0,01
BP	0,12	0,25
Todos	-0,12	-0,04

¹BP: grupo de touros classificados com baixa prepotência; ¹AP: grupo de touros classificados com alta prepotência; Nível de prepotência = desvios-padrões referentes aos EBVs dos grupos de progênes; N ROH = Número de segmentos ROH de um indivíduo; Total ROH: Soma do comprimento de todos os segmentos ROH de um indivíduo; *Significância no teste de correlação linear à 5% de probabilidade.

Conclusão

Resultados indicam que não há uma relação linear entre prepotência e coeficientes de endogamia nos touros identificados. Houve, todavia, uma associação entre o nível de prepotência e número de segmentos ROH nos touros de alta prepotência. O padrão de distribuição dos segmentos ROH entre grupos foi diferenciado. Por fim, observou-se uma tendência que touros classificados como mais prepotentes apresentem maiores níveis de endogamia.

Agradecimentos

Os autores agradecem à FAPESP pelo financiamento deste trabalho através do processos 2017/10103-2 e 2018/09209-3, também ao Departamento de Zootecnia da Universidade de Connecticut (*Animal Science Department, University of Connecticut*), onde parte das análises foram realizadas.

Literatura citada

Forutan, M., Mahyari, S.A., Baes, C., Melzer N., Schenkel, F.S & Sargolzaei, M. 2018. Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. **BMC Genomics**, 19, 1-12.

Gibson J., Newton E.M. & Collins A. 2006. Extended tracts of homozygosity in outbred human populations. **Human Molecular Genetics**, 15, 789–795

VanRaden P.M., Olson, K.M., Wiggans, G.R., Cole, J.B. & Tooker, M.E. 2011. Genomic inbreeding and relationships among Holsteins, Jerseys, and Brown Swiss. **Journal of Dairy Science**, 94, 5673–5682.