



Marque a opção do tipo de trabalho que está inscrevendo:

Resumo

Relato de Caso

ESTIMATIVA DA ENDOGAMIA DE ANIMAIS DA RAÇA INDUBRASIL POR MEIO DE MARCADORES DO TIPO SNP

AUTOR PRINCIPAL: Iuri Astolfi Poltronieri

CO-AUTORES: Juliane Dapont, Elair Bachi e Marcos V. G. B. da Silva

ORIENTADOR: Ricardo Zanella

UNIVERSIDADE: Universidade de Passo Fundo

INTRODUÇÃO

A raça Indubrasil foi desenvolvida no Brasil, a partir do cruzamento entre animais das raças Gir e Guzerá, com alguma influência da raça Nelore (Santiago, 1986). Entre 1920 e 1930, ela foi uma das raças mais difundidas no Brasil, mas perdeu a sua popularidade para outras raças zebuínas.

A inseminação artificial é uma biotécnica reprodutiva que viabiliza o uso de touros de alto valor genético nos rebanhos. Porém, o uso massivo de determinados reprodutores pode aumentar o nível de parentesco entre os animais na população, elevando a endogamia e reduzindo a variação genética aditiva. Níveis de diversidade genética podem ser estimados com o uso do pedigree, porém, com algumas inconsistências, como erros de parentesco que podem ser corrigidos com o uso de marcadores moleculares, bem como calcular de modo mais preciso os níveis de endogamia (Scraggs et al. 2014). O objetivo deste trabalho foi avaliar os níveis de endogamia de animais Indubrasil, utilizando polimorfismos de base única (SNPs).

DESENVOLVIMENTO:

Amostras de sangue de trinta e oito animais da raça Indubrasil (n=38), sendo sete machos e 31 fêmeas, provenientes de um criatório do Rio Grande do Sul, foram coletadas em tubos

vacutainer com EDTA para posterior extração de DNA com o PureLink® Genomic DNA Mini Kit (Invitrogen). Quantificação, qualidade e integridade do DNA foram avaliadas por meio do espectrofotômetro NanoDrop 1000 (Thermo Scientific EUA, 2008) e diluídas a uma concentração final de 500ng. As amostras foram genotipadas com o BovineHD BeadChip₂ da Illumina, que contém mais de 700 mil polimorfismos do tipo SNP.

Após genotipagem, foi realizado o controle de qualidade das amostras e dos SNPs por meio do programa PLINK v.1.9 (Purcell et al. 2007). Como critérios para remoção dos SNPs foram usados “call rate” menor que 90% e para as amostras que tiveram mais que 10% de falha dos marcadores. Nenhum filtro adicional foi considerado no estudo, uma vez que a remoção de alelos raros, em análises de estrutura de população, pode levar a obtenção de resultados superestimados ou subestimados quando se trabalha com populações amostradas.

Para obter mais informações sobre a estrutura da população foram realizadas análises de componentes principais (PCA) utilizando o programa PLINK v.1.9 e o ambiente estatístico R (Purcell et al. 2007). Os níveis de homozigose foram calculados, comparando os níveis dos genótipos homozigotos observados em relação com os níveis esperados para cada *locus*.

Com a utilização da análise do PCA, foi possível observar uma grande diversidade genética nos animais amostrados, mesmo sendo estas amostras provenientes de um único criatório, sendo eles divididos em quatro diferentes agrupamentos (**Figura 1**). Sendo a raça Indubrasil formada pelo cruzamento de outras raças, espera-se que, além da diversidade encontrada nesse trabalho, que os níveis de endogamia sejam bastante baixos como citados por Santiago, 1986. Os níveis de endogamia estimados por meio do uso de SNPs variaram de 0 até 0,14 com média de 0,015, indicando baixos níveis de homozigose (**Figura 2**). Resultados similares foram encontrados por Carneiro et al. (2009) onde os níveis de endogamia médio estimados na raça Indubrasil com o uso pedigree foi de 3,05%.

CONSIDERAÇÕES FINAIS:

Mesmo sabendo que o número efetivo dos animais da raça Indubrasil é reduzido, os níveis de endogamia na população analisada ainda são bastante baixos. Isto possivelmente se deve aos programas de acasalamento que estão sendo utilizados no rebanho analisado e também pela composição racial dos animais.

REFERÊNCIAS

Santiago, A. A. 1986. *O Zebu na Índia, no Brasil e no mundo*. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola

Scraggs, E., Zanella, R., Wojtowicz, A., Taylor, J.F., Gaskins, C.T., Reeves, J.J., DE AVILA, J.M., Neibergs, H.L. (2014). *Estimation of inbreeding and effective population size of full-blood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association*. Journal of Animal Breeding and Genetics, v.131 .

Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, et al. (2007) *PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses*. Am J Hum Genet 81: 559-575.

Carneiro PLS, Malhado MHC, Filho MR et al. *A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional*^{*} R. Bras. Zootec.vol.38 no.12 Viçosa Dec. 2009.

ANEXOS:

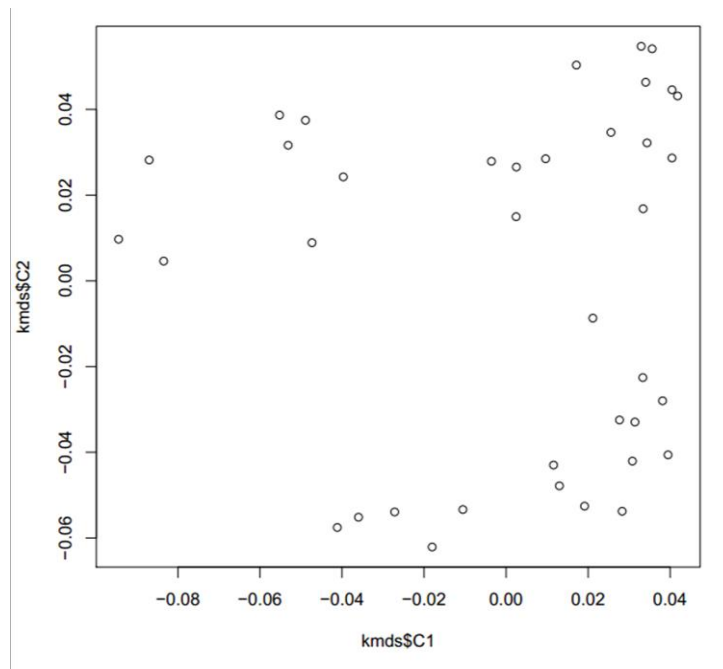


Figura 1: Gráfico do componente principal, construído com o uso de marcadores genéticos do tipo SNP.

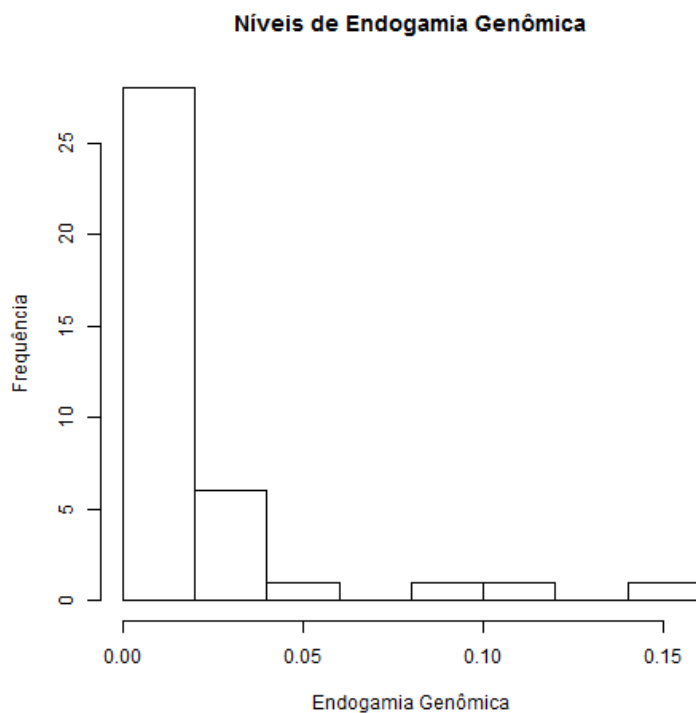


Figura 2: Níveis de endogamia genômica obtido através da estimativa da frequência de genes homozigotos observados em comparação com os níveis genes homozigotos esperados para cada locus na população.