

Caracterização da estrutura populacional genotípica do Composto Tropical Montana®

Camila Alves dos Santos^{1*}, José Bento Sterman Ferraz², Rafael Espigolan², Concepta McManus³, Tiago do Prado Paim¹

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Instituto Federal de educação ciência e tecnologia Goiano, Rio Verde, GO, Brasil.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, Brasil.

³ Departamento de Ciências Fisiológicas; Instituto de Biologia, Campus Darcy Ribeiro, Universidade de Brasília.

*Autor correspondente: camilaalvesdossantos240@gmail.com

Resumo: O Composto Tropical Montana® foi desenvolvido cruzando animais de quatro tipos biológicos ou grupos raciais diferentes. O conhecimento da proporção racial é importante para gerenciamento de programas de melhoramento de raças compostas. Objetivou-se com este trabalho caracterizar a estrutura populacional genotípica através da análise de componentes principais (PCA) e verificar a relação dessa com a proporção de composição racial dos animais estimada pelo pedigree. Foram utilizados dados de pedigree e genótipos de 2603 animais com 39791 SNPs. Os animais do Composto Tropical Montana® apresentaram grande diversidade nas primeiras duas dimensões do PCA. No entanto, os diferentes agrupamentos observados no PCA não estão fortemente relacionados com a proporção racial do pedigree. As correlações entre o PC e a composição racial variaram de -0.39 entre PC1 e Adaptadas e 0.62 entre PC5 e Nelore. A análise de regressão para estimativa da composição racial usando os cinco primeiros componentes apresentou baixos coeficientes de determinação ($R^2 < 0.50$).

Palavras-chave: bovino, genômica, pedigree, raça.

Abstract: Montana Tropical® Composite was developed by crossing animals of four different biological types or racial groups. Knowledge of racial proportion is important for managing composite breed improvement programs. The objective of this work was to characterize a population genotypic structure through principal component analysis (PCA) and to verify the relationship of this composition of breed composition of animals estimated by the pedigree. Pedigree and genotype data from 2603 animals with 39791 SNP were used. The animals in the Montana® Tropical Compost show great diversity in the first two dimensions of the PCA. However, the different groupings observed in the PCA are not strongly related to a racial proportion of the pedigree. Correlations between PC and a racial composition range from -0.39 between PC1 and Adapted and 0.62 between PC5 and Nelore. A regression analysis to estimate racial composition using the first five components shows low coefficients of determination ($R^2 < 0.50$).

Keywords: bovine, genomic, pedigree, breed.

Introdução

O Composto Tropical Montana® foi desenvolvido cruzando animais de quatro tipos biológicos ou grupos raciais diferentes 1) Raças Zebuínas (N), 2) Raças taurinas adaptadas (A), 3) Raças Britânicas (B), e 4) raças da Europa continental (C) (Grigoletto et al., 2020). As diferenças entre os grupos biológicos podem ser utilizadas para adequar o genótipo dos animais ao ambiente e aumentar a eficiência produtiva (Silva et al., 2007). O conhecimento da proporção racial é importante para gerenciamento do programa de melhoramento, no entanto a estimativa dessa proporção baseada no pedigree após 2 ou mais cruzamentos pode apresentar maiores desvios em relação a proporção genômica devido a amostragem mendeliana. A Análise de Componentes Principais (PCA) foi capaz de estimar as proporções raciais do pedigree e genômicas da raça Brangus e cruzamentos entre Angus e Brahman (Gobena et al., 2018). Objetivou-se com este trabalho caracterizar a estrutura populacional genotípica do Composto Tropical Montana® com o uso do PCA e correlaciona-la com a proporção das raças fundadoras através do pedigree.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de pedigree e genótipos de 2603 animais com 39791 SNPs fornecidos pela associação de criadores da raça e GMAB Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA da USP Pirassununga. O Software PLINK (<https://www.cog-genomics.org/plink/1.9/>) foi utilizado para realizar o controle de qualidade dos genótipos (0,5 para GC score Gen, Taxa de chamada de genótipos ausentes ≥ 0.1 , taxa de leitura menor que 90%, MAF inferior a 1%) e cálculo de PCA com 10 PC. A correlação de pearson, regressão e plot foram executados utilizando os pacotes do software R Hmisc, carplot e ggplot respectivamente.

Resultados e Discussão

Observou-se agrupamentos dos animais dentro da população. No entanto não foi notado um padrão de cor da proporção racial que correspondesse aos agrupamentos dos animais pelo PCA (Figura 1). Nos dois primeiros componentes da PCA (Figura 1), observa-se um grupo grande e próximo de animais no lado positivo da primeira dimensão, enquanto a segunda dimensão separa os animais em dois extremos. Essa distribuição dos animais aparentemente não tem relação com a proporção dos quatro grupos genéticos do pedigree.

Os 5 primeiros componentes principais (PC) representaram 69.13% da representação da variabilidade dos dados. O resultado da correlação entre PC e proporção racial dos animais demonstrou correlação significativa do PC1 com B (positiva) e A (negativa). PC4 correlação positiva com A e negativa com B e PC5 correlação positiva com N. Portanto os PCs têm uma relação com a composição racial do pedigree, no entanto essa não é tão forte quanto esperado (Figura 2).

Os resultados da análise de regressão demonstraram que todos os cinco primeiros componentes foram significativos para determinar as proporções de composição racial do pedigree. Foram obtidas as seguintes equações $N = 0.54 * PC1 + 0.59 * PC2 + 1.08 - 0.67 * PC4 + 2.62 * PC5$ ($R^2 = 0.51$); $A = -2.90 * 0.33 * PC2 + 1.24 * PC3 + 3.30 * PC4 - 1.422 * PC5$ ($R^2 = 0.42$); $B = 2.66 * PC1 + 0.63 * PC2 - 1.85 * PC3 + -2.36 * PC4 + 1.34 * PC5$ ($R^2 = 0.43$), $C = -0.29 * PC1 - 0.29 * PC2 - 0.47 * PC3 - 0.25 * PC4 + 0.14 * PC5$ ($R^2 = 0.063$).

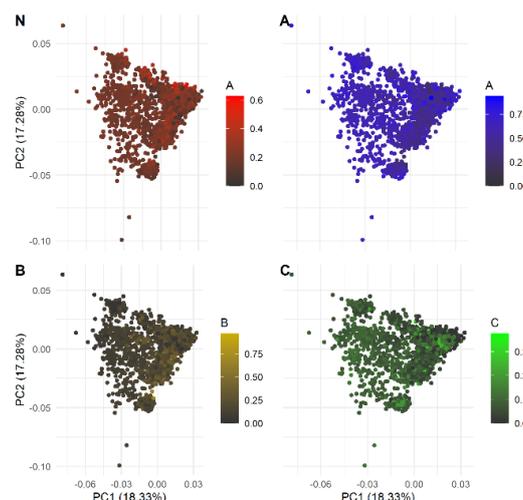


Figura 1. Análise de componentes principais (PC1 e PC2) e identificação das proporções raciais de acordo com pedigree do Composto Tropical Montana®.

Acredita-se que o uso do PCA não foi capaz de prever as proporções dos grupos biológicos na proporção do pedigree pelos desvios de amostragem mendeliana durante a gametogênese (Gobena et al., 2018). Paim et al. (2020) ao analisar a estrutura da população de Brangus demonstrou diferença entre as

estimativas de composição genética baseada em pedigree e dados genômicos. Portanto, é possível que a composição racial genômica dos animais do Composto Tropical Montana seja diferente da composição racial estimada no pedigree, o que deverá ser investigado em estudos futuros

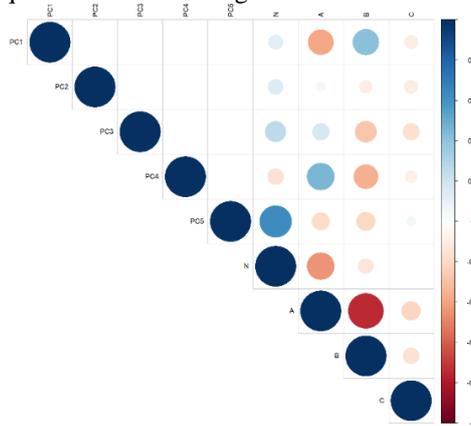


Figura 2. Correlação observada entre proporções raciais e 5 primeiros Componentes principais dos dados genômicos de animais do Composto Tropical Montana®.

Conclusão

Os animais do Composto Tropical Montana® apresentam grande diversidade dentro da população. No entanto, essa diversidade de grupos não é explicada pela proporção racial do pedigree. O primeiro, terceiro e quarto componentes apresentaram correlação com a proporção de adaptado e britânico no pedigree. O quinto componente apresentou correlação forte e positiva com a proporção de zebuino no pedigree. No entanto, a regressão utilizando os componentes principais para prever a proporção racial do pedigree explicou pouco da variação dos dados (R^2 entre 0,063 e 0,51).

Agradecimentos

Ao GMAB Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA da USP Pirassununga e Associação de criadores do Montana pela disponibilidade do banco de dados e informações necessárias para realizar o estudo. Ao Cnpq pela concessão de bolsa de Mestrado e à Capes (Brasil), bolsa Capes/Print, processo 88887.571363/2020-00 e Bolsa de Mestrado, Código de Financiamento 001.

Literatura citada

- Gobena, M., Elzo, M. A., & Mateescu, R. G. 2018. Population structure and genomic breed composition in an angus–brahman crossbred cattle population. **Frontiers in genetics**, 9, 90.
- Grigoletto, L., Ferraz, J., Oliveira, H. R., Eler, J. P., Bussiman, F. O., Abreu Silva, B. C., & Brito, L. F. 2020. Genetic Architecture of Carcass and Meat Quality Traits in Montana Tropical® Composite Beef Cattle. **Frontiers in genetics**, 11, 123.
- Paim, T. D. P., Hay, E. H. A., Wilson, C., Thomas, M. G., Kuehn, L. A., Paiva, S. R., & Blackburn, H. 2020. Genomic breed composition of selection signatures in Brangus beef cattle. **Animal Genetics**, 51, 224-234.
- R Core Team. 2020. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>
- Silva, A. M. D., Alencar, M. M. D., Regitano, L. C. D. A., Oliveira, M. C. D. S., & Barioni Júnior, W. 2007 Artificial infestation of *Boophilus microplus* in beef cattle heifers of four genetic groups. **Genetics and Molecular Biology**, 30, 1150-1155.