

## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

### Associação Genômica com maciez de carne na raça Nelore<sup>1</sup>.

Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>2</sup>, Polyana Cristine Tizioto<sup>3</sup>, Priscila Silva Neubern de Oliveira<sup>3</sup>, Maurício de Alvarenga Mudadu<sup>2</sup>, Gerson Barreto Mourão<sup>4</sup>, Rede BifeQuali<sup>5</sup>.

<sup>1</sup>Parte da tese de doutorado da segunda autora, financiada pela FAPESP

<sup>2</sup>Embrapa Pecuária Sudeste/São Carlos, São Paulo

<sup>3</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular – UFSCar/São Carlos, São Paulo.

Bolsista da FAPESP. e-mail: [polytizioto@yahoo.com.br](mailto:polytizioto@yahoo.com.br)

<sup>4</sup>Departamento de zootecnia – ESALQ-USP/Piracaba, São Paulo.

<sup>5</sup><http://www.macroprograma1.cnptia.embrapa.br/bifequali>

**Resumo:** As análises do genoma bovino, incluindo mapeamento de QTL (Quantitative Trait Loci), SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) e, mais recentemente, a genotipagem em larga escala, poderão contribuir para a seleção precoce de bovinos. A análise de associação genômica, utilizando dados da genotipagem de 470 animais no Illumina BovineHD BeadChip, identificou regiões associadas com força de cisalhamento medida 24 horas após o abate ( $P \leq 0,001$ ) nos cromossomos 2, 10, 13, 16 e 21, em famílias de referência da raça Nelore. A análise dos genes localizados nessas regiões associadas com maciez de carne poderá permitir a identificação de genes de efeito maior, que poderão ser usados na seleção assistida por marcadores.

**Palavras-chave:** SNP chip, força de cisalhamento, *Bos indicus*.

### Genome wide association with meat tenderness in Nelore breed.

**Abstract:** The genome bovine analyses, including QTL (Quantative trait loci) mapping, SNP (single nucleotide polymorphisms) and, recently the genome wide genotyping, could contribute to earlier bovine selection. Genome wide association analysis, performed with the genotyping data of 470 animals in the Illumina BovineHD Bead Chip, revealed regions associated with shear force measured at 24 hours post mortem ( $P \leq 0,001$ ) in the chromosomes 2, 10, 13, 16 and 21, in reference families of Nelore breed. The prospection of candidate genes in the regions associated with meat tenderness may allow for the identification of major genes that could be used in marker assisted selection.

**Keywords:** SNP chip, shear force, *Bos indicus*

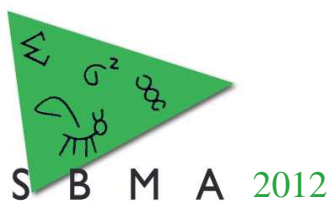
### Introdução

As características de importância econômica são características quantitativas, influenciadas por vários genes em diferentes locos dentro do genoma, que geralmente têm pequeno efeito individual. Atualmente, tecnologias de genotipagem em larga escala possibilitam a análise de milhares de marcadores simultaneamente. Esta análise em larga escala pode ser aplicada, por exemplo, na seleção genômica.

A seleção genômica, segundo RESENDE et al., (2008), pode ser definida como a seleção simultânea para centenas ou milhares de marcadores, os quais cobrem o genoma densamente, de forma que todos os genes que controlam um determinado caráter quantitativo estejam em desequilíbrio de ligação com pelo menos parte dos marcadores, sendo que esses marcadores podem explicar quase a totalidade da variação genética de um caráter quantitativo. Por outro lado, a investigação de regiões do genoma associadas à característica deve permitir a identificação de genes e mecanismos biológicos envolvidos na determinação do fenótipo.

O objetivo desse estudo foi realizar a análise de associação genômica com maciez de carne em bovinos da raça Nelore, utilizando genotipagem em Illumina BovineHD BeadChip.

### Material e Métodos



Foram utilizados 470 animais descendentes de 32 touros registrados da raça Nelore, escolhidos para representar a variabilidade dentro da raça. Esses animais compõem famílias de meios-irmãos produzidas através de inseminação artificial em tempo fixo (IATF).

Por ocasião do abate, foram coletados bifes de 2,5 cm de espessura do músculo longissimus (contra filé), entre a 12ª e 13ª costela. Os bifes foram identificados, embalados a vácuo e, se necessário, congelados para posterior análise.

As análises de maciez foram realizadas quando as amostras foram disponibilizadas pelo frigorífico, aproximadamente 24 horas após o abate.

Análises estatísticas e de bioinformática foram realizadas com o software PLINK (PURCELL et al., 2007) com o intuito de verificar a associação das características com os marcadores SNPs. Para isso foram utilizados os recursos computacionais das unidades da Embrapa Informática Agropecuária (CNPTIA) e Embrapa Pecuária Sudeste (CPPSE). SNPs únicos foram utilizados para avaliar os efeitos dos polimorfismos sobre maciez de carne, testes de associação foram realizados por meio de ajuste de modelos lineares com o software PLINK (PURCELL et al., 2007). Foram incluídos as covariáveis local de nascimento, local de confinamento, safra, lote de abate, idade ao abate e pH. Um teste de permutação foi utilizado com a finalidade de corrigir os resultados de associação para as múltiplas hipóteses testadas. Após os testes de associação, os resultados dos testes corrigidos foram utilizados para construção de um gráfico (*Manhattan Plot*) para visualização da distribuição dos valores de P ao longo dos cromossomos.

### Resultados e Discussão

Os resultados de GWAS para força de cisalhamento da carne são apresentados na Figura 1, onde se pode observar que as principais regiões genômicas que mostraram associação com força de cisalhamento estão localizadas nos cromossomos 2, 10, 13, 16 e 21 ( $P \leq 0,001$ ).

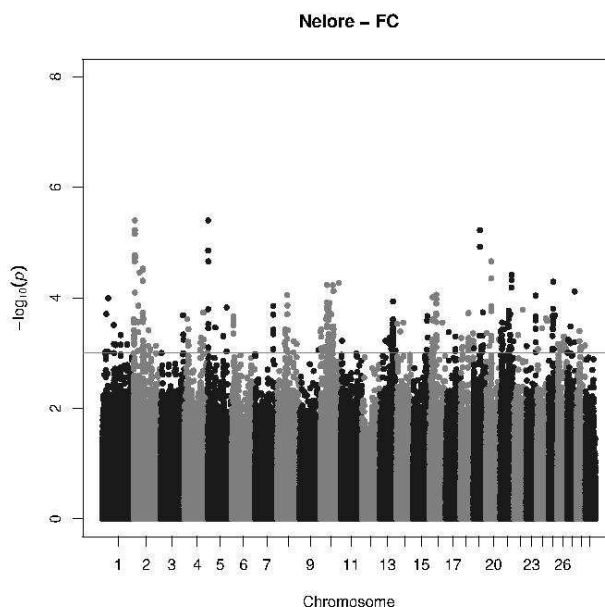
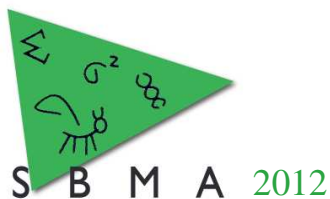


Figura 1. Manhattan plot com os resultados de associação dos SNPs com força de cisalhamento medida 24 horas após o abate. Acima da linha são SNPs associados significativamente com força de cisalhamento ( $P < 0,001$ ).

Casas et al. (1998) já haviam descrito um QTL para força de cisalhamento próximo da região centromérica do cromossomo 2. A principal região identificada dentro do cromossomo 2 compreendeu o intervalo com 44 marcadores associados ( $P \leq 0,001$ ), entre 45783910 a 51466493 pares de bases (Versão



## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

do genoma UMD 3.1). A principal região identificada no cromossomo 10 compreendeu o intervalo de 33103388 à 42278988 (pb), e QTLs para força de cisalhamento foram identificados no cromossomo 10 por Barendse et al. (2008). A identificação de genes localizados nessas regiões pode contribuir para o conhecimento dos processos biológicos envolvidos na determinação da característica, além de possibilitar a descoberta de genes de efeito maior que poderiam ser úteis ao melhoramento dessa característica.

### Conclusões

Regiões cromossômicas associadas com força de cisalhamento, medida da maciez da carne, foram identificadas nos cromossomos 2, 10, 13, 16 e 21 nessa população da raça Nelore, demonstrando a existência de fatores genéticos associados à variação dessa característica. A mineração das regiões associadas com força de cisalhamento poderá contribuir para a identificação de genes candidatos posicionais, que poderão ser utilizados na seleção para maciez de carne em programas de melhoramento da raça Nelore.

### Agradecimentos

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, à FAPESP e ao CNPq (projeto 476687/2010-1 Edital MCT/CNPq N° 14/2010 – Universal e bolsa PQ à Luciana C. A. Regitano).

### Literatura citada

Barendse, W; Harrison, B E; Bunch, R J; Thomas, M B. Variation at the Calpain 3 gene is associated with meat tenderness in zebu and composite breeds of cattle. **BMC genetics**, v. 9: 41, 2008.

Casas E., Keele J.W., Shackelford S.D., Koohmaraie M., Sonstegard, T.S., Smith T.P., Kappes, S.M. e Stone R.T. Association of the muscle hypertrophy locus with carcass traits in beef cattle. *Journal of Animal Science* v.76, p. 68–73, 1998.

PURCELL S.; NEALE B.; TODD-BROWN K.; THOMAS L.; FERREIRA MAR.; BENDER D.; MALLER J.; SKLAR P.; DE BAKKER P.I.W.; DALY M.J.; SHAM P.C. PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. **American Journal of Human Genetics**, n.81, 2007.

RESENDE, M.D.V.; LOPES, P.S.; SILVA, R.L.; PIRES, I.E. Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, n.56, p.63-77, 2008.