

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Habilidade de predição de valores genômicos para características de carcaça em bovinos Nelore¹

Gerardo Alves Fernandes Júnior², Roberto Carvalheiro³, Luciana Takada⁴, Daniel Gustavo Mansan Gordo⁵, Fernando Baldi³, Lucia Galvão de Albuquerque⁶

¹Projeto financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo – FAPESP, processo nº 2009/16118-5.

²Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal - SP. Bolsista da CAPES. e-mail: gerardojunior@yahoo.com.br;

³Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP/Jaboticabal – SP.

⁴Pós-Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal - SP.

⁵Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – UNESP/Jaboticabal - SP. Bolsista do CNPq.

⁶Professora Titular – UNESP, Jaboticabal. Pesquisadora do CNPq e do INCT-CA e-mail: lgalb@fcav.unesp.br

Resumo: Dados fenotípicos e genotípicos de 828 animais machos da raça Nelore foram utilizados para analisar a habilidade de predição dos valores genômicos diretos (VGD) para as características: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), marmoreio (MARM) e peso da carcaça (PC). Os animais foram genotipados com um painel de alta densidade com 777.962 SNPs e os VGDs foram preditos utilizando o método GBLUP. A validação dos resultados foi realizada por meio da técnica de validação cruzada. As correlações entre os valores genéticos convencionais (EBV), utilizados como variável resposta, e os VGDs foram 0,36, 0,31, 0,27 e 0,29 e os coeficientes de regressão dos EBVs sobre os VGDs foram 1,67; 1,79; 1,31 e 1,58 para AOL, EGS, MARM e PC, respectivamente. As acurácias de predição dos VGDs foram 0,26, 0,27, 0,31 e 0,27 considerando as mesmas características, respectivamente. Esses resultados indicam que utilizando apenas a informação genômica é possível prever o mérito genético para características de carcaça com acurácia em torno de 30 %. Contudo, o coeficiente de regressão denota que as predições foram levemente deflacionadas. Espera-se melhorar a capacidade preditiva dos VGDs com o aumento do número de animais na população de treinamento.

Palavras-chave: bovinos de corte, peso da carcaça, seleção genômica

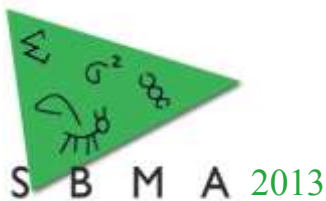
Predictive ability of genomic breeding values for carcass traits in Nellore cattle

Abstract: Phenotypic and genotypic data of 828 Nellore animals (males) were used to analyse the predictive ability of direct genomic values (DGV) for the traits: rib eye area (REA), subcutaneous fat thickness (FT), marbling (MARB) and carcass weight (CW). Genotypes were generated using the Illumina Bovine HD chip (800K) and the DGVs were predicted using GBLUP method. Validation of the results was realized by cross-validation technique. Pearson's correlation and the slope of the regression between regular expected breeding values and DGVs, for validation set, were 0,36 and 1,67 for REA; 0,31 and 1,79 for FT; 0,27 and 1,31 for MARB; and 0,29 and 1,58 for CW, respectively. The accuracy of DGV was 0,26, 0,27, 0,31 and 0,27 considering the same traits. These results indicate that it was possible to predict genetic merit for carcass traits with accuracies around 30%, using only genomic information. The slope of the regression denotes that predictions were slightly deflated. It's expected that increasing the number of animals in the training population will improve the genomic prediction accuracies.

Keywords: beef cattle, carcass weight, genomic selection

Introdução

Estimativas acuradas dos valores genômicos diretos (VGDs), que são preditos a partir de um conjunto muito denso de marcadores genéticos do tipo SNPs cobrindo todo o genoma, representam uma alternativa que permitirá avanços importantes para a pecuária de corte, possibilitando maiores ganhos genéticos para características onde a resposta à seleção tem sido baixa ou para características de difícil ou de alto custo de mensuração, como as características de carcaça. Um dos métodos que vem sendo utilizado na predição dos VGDs é o GBLUP, no qual utiliza-se a informação dos marcadores moleculares para construir a matriz de parentesco genômica a qual pode ser utilizada tanto em substituição como em conjunto com a matriz de parentesco aditivo baseada no pedigree (VanRaden, 2008). Sendo assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar a habilidade de predição de valores genômicos obtidos com o



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

método GBLUP para características de carcaça em bovinos da raça Nelore, visando trazer subsídios para incorporação da informação genômica nas avaliações genéticas de bovinos de corte no Brasil.

Material e Métodos

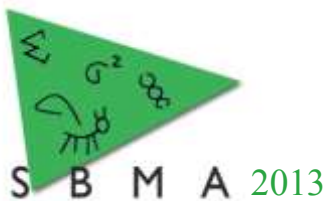
Foram realizadas mensurações (*post mortem*) do peso da carcaça (PC) e, no músculo *Longissimus dorsi* entre a 12ª e 13ª costela da meia-carcaça esquerda, das características: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura subcutânea (EGS), e índice de marmorização da carne (MARM) de 853 animais machos da raça Nelore, segundo a metodologia descrita pelo *United States Standards for Grades of Carcass Beef* (USDA *Quality Grade*, 1997). Os animais foram abatidos com média de idade de 704,5 ± 51,3 dias, sendo filhos de 137 touros e 734 vacas e provenientes de dez fazendas e três diferentes programas de melhoramento genético (DeltaGen, Paint e Nelore Qualitas). A escolha dos animais foi baseada na distribuição dos mesmos em grupos de contemporâneo definidos como: ano, fazenda e grupo de manejo ao nascimento, ao desmame e ao sobreano. O valor genético convencional (EBV) dos animais foi utilizado como variável resposta na análise genômica, sendo previamente obtido com a aplicação de um modelo animal considerando o efeito aleatório aditivo direto e residual, efeito fixo de grupo de contemporâneos e o efeito linear e quadrático da idade do animal ao abate como covariável. A acurácia do EBV foi obtida por meio da fórmula: $acc = \sqrt{1 - PEV / \sigma_g^2}$, em que PEV é a variância do erro de predição e σ_g^2 é a variância genética aditiva da característica. A média das acurácias dos EBVs foi 0,42, 0,44, 0,55 e 0,45 para AOL, EGS, MARM e PC, respectivamente.

Amostras de carne (músculo *Longissimus dorsi*) também foram coletadas de cada animal para a extração do DNA e posterior genotipagem utilizando um painel com 777.962 SNPs (Illumina Bonive HD). No controle de qualidade dos dados genômicos foram excluídas das análises amostras com *Call Rate* ≤ 0,90 e que apresentaram genótipos idênticos para cada posição do genoma, sendo este um indício de amostra duplicada. Em nível dos SNPs foram excluídos marcadores utilizando os seguintes critérios: GC Score (≤ 0,70) - medida que indica a confiança com que cada genótipo foi lido; MAF (≤ 0,02) - frequência do menor alelo; HWE (≤ 10⁻⁵) - valor de *p* do teste de equilíbrio de Hardy-Weimberg; *Call Rate* do SNP (≤ 0,98) - taxa de chamada do genótipo; SNPs presentes em cromossomos não-autossômicos; SNPs com localização idêntica no genoma; e por fim, foi avaliada a correlação entre SNPs dentro de uma janela de 100 marcadores, sendo excluído das análises um SNP de cada par altamente correlacionado ($r^2 \geq 0,995$). Após o controle de qualidade, restaram 828 animais e 310.164 SNPs.

Os VGDs foram então preditos utilizando o método GBLUP com auxílio do software *gebv* (Salgorzaei et al., 2009). As equações GBLUP incluíram uma matriz de parentesco genômica ponderada (*Gw*) obtida como: $Gw = w * G + (1 - w) * A$, em que *G* é a matriz de parentesco genômica, *A* é a matriz de parentesco baseada no pedigree e *w* é o fator de ponderação. Nesse estudo, utilizou-se *w* igual a 0,8. Esse valor foi obtido a partir de análises prévias dos dados que mostraram que essa seria a ponderação que forneceria a melhor capacidade preditiva. As análises foram realizadas seguindo a técnica de validação cruzada, de maneira que os 828 animais foram divididos em oito grupos de forma aleatória e, assim, a análise foi repetida oito vezes. Em cada repetição, havia sete grupos na população de treinamento e um na população de validação. O número médio de animais na população de treinamento foi 724,5 e na população de validação foram 103,5 animais. A correlação e a regressão entre a variável resposta (EBV) e variável predita (VGD), para os animais do grupo de validação, foram utilizadas para avaliar a habilidade de predição. Também foram calculadas as acurácias das predições, as quais foram obtidas a partir da diagonal da inversa da matriz de coeficientes das equações do GBLUP. Foi determinada a acurácia esperada, utilizando a fórmula determinística proposta por Daetwyler et al. (2010).

Resultados e Discussão

A acurácia das predições genômicas é dependente, entre outros fatores, da dimensão do desequilíbrio de ligação (LD) entre SNP e QTL (*Quantitative trait loci*; Bolormaa et al., 2013), de maneira que esta deve ser a primeira estatística calculada. Como, geralmente, a localização do QTL é desconhecida, verifica-se o nível de LD entre marcadores adjacentes, sendo que, níveis acima de 0,2 são considerados suficientes para obter predições genômicas acuradas. No presente estudo, o painel de alta densidade (800k) garantiu LD médio de 0,30 entre SNPs adjacentes.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

A habilidade de predição dos valores genômicos representa o quão próximo as estimativas estão do valor real, e tem sido avaliada a partir da correlação entre a variável resposta (EBV) e a variável predita (VGD) na população de validação sendo, dessa forma, uma medida empírica da acurácia. Nesse estudo, essa correlação variou de 0,27 a 0,36 de acordo com cada característica (Tabela 1). Estes valores foram similares aos relatados por Bolormaa et al. (2013), que verificaram correlações variando de 0,17 a 0,33 para características de carcaça e qualidade da carne, utilizando o método GBLUP nas predições.

Tabela 1. Resumo das estatísticas que denotam a habilidade de predição dos valores genômicos (VGD) para características de carcaça em bovinos da raça Nelore.

Característica	r(EBV,VGD) ¹	b(EBV,VGD) ²	Acc_VGD ³	Acc_esp ⁴
Área de olho de lombo	0,36	1,67	0,26	0,34
Espessura de gordura	0,31	1,79	0,27	0,35
Marmoreio	0,27	1,31	0,31	0,42
Peso da carcaça	0,29	1,58	0,27	0,36

¹correlação de Pearson entre os valores observados (EBV) e os valores preditos (VGD) na população de validação; ² inflação/deflação das predições genômicas medida pelo coeficiente de regressão do EBV sobre o VGD na população de validação; ³acurácia das predições dos VGDs obtidas a partir da diagonal da inversa da matriz de coeficientes em GBLUP; ⁴acurácia esperada;

A acurácia medida tanto pela correlação entre o EBV e o VGD, quanto a partir da diagonal da inversa da matriz de coeficientes, foram similares entre si e, estão de acordo com a acurácia esperada. No entanto, observa-se algum viés denotado pelo coeficiente de regressão b(EBV,VGD). Valores acima de 1 indicam que os VGDs foram deflacionados, isto é, apresentam amplitude reduzida quando comparados aos EBVs. Isso pode ser atribuído ao número relativamente baixo de animais (828) na análise, o que restringe tanto o número de animais na população de treinamento quanto na de validação, podendo gerar alguma variação devido à amostragem. Segundo Bolormaa et al. (2013), em gado de corte, o maior desafio para implementar a seleção genômica tem sido a montagem de uma população de treinamento suficientemente grande para garantir altas acurácias das predições genômicas.

Vale ressaltar que, para avaliação de touros para características de carcaça, existe a necessidade de se utilizar de um teste de progênie, uma vez que os candidatos à seleção não podem ser diretamente avaliados, o que aumenta os custos e o intervalo de gerações. Considerando que os touros iniciem a vida reprodutiva em torno de 2 anos de idade, os mesmos estarão com cerca de 3 anos ao nascimento dos filhos. Se o abate de suas progênies ocorrer em torno dos 24 meses, um touro teria avaliação para características de carcaça com cerca de 5 anos de idade. Com a seleção genômica, ele pode ser avaliado ao nascer, permitindo a seleção e utilização do reprodutor mais cedo e isso, conseqüentemente, irá reduzir significativamente o intervalo de gerações.

Conclusões

Utilizando apenas a informação genômica é possível predizer o valor genético do animal para as características de carcaça com acurácia em torno de 30 %, porém com certo viés de predição resultando em valores deflacionados. Espera-se melhorar a capacidade preditiva dos valores genômicos com o aumento do número de animais na população de treinamento.

Literatura citada

- BOLORMAA, S.; PRYCE, J.E.; KEMPER, K. et al. Accuracy of prediction of genomic breeding values for residual feed intake, carcass and meat quality traits in *Bos taurus*, *Bos indicus* and composite beef cattle. **J. Anim. Sci.**, 2013.
- DAETWYLER, H.D.; PONG-WONG, R.; VILLANUEVA, B. et al. The Impact of Genetic Architecture on Genome-Wide Evaluation Methods. **Genetics**, v.185, p.1021-1031, 2010.
- SALGORZAEI, M.; SCHENKEL, F.S.; VANRADEN, P.M. *gebv*: genomic breeding value estimator for livestock. Technical report to the dairy cattle breeding and genetics committee. University of Guelph, October, 07, 2009.
- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. **Official United States standards for grades of carcasses beef**. Washington, D.C.: Agricultural Marketing Service, 1997.
- VANRADEN, P.M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **J. Dairy Sci.**, 91, 4414-4423, 2008.