

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

### Seleção genômica para maciez da carne na raça Nelore<sup>1</sup>

Ana Fabrícia Braga Magalhães<sup>2</sup>, Roberto Carneiro<sup>3</sup>, Rafael Lara Tonussi<sup>4</sup>, Daniel Gustavo M. Gordo<sup>4</sup>, Fernando S. Baldi Rey<sup>5</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Trabalho financiado pela FAPESP: processo nº 2009/16118-5

<sup>2</sup>Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – FCAV/UNESP, Jaboticabal. Bolsista Fapesp: processo nº 2012/21969-7. e-mail: [anafabriciabm@yahoo.com.br](mailto:anafabriciabm@yahoo.com.br)

<sup>3</sup>Pesquisador do Departamento de Zootecnia – FCAV - UNESP/Jaboticabal, SP

<sup>4</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal – FCAV - UNESP/Jaboticabal-SP

<sup>5</sup>Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia – FCAV - UNESP/Jaboticabal, SP

<sup>6</sup>Professora Titular do Departamento de Zootecnia – FCAV - UNESP/Jaboticabal, SP. Pesquisadora do CNPq e do INCT-CA

**Resumo:** Objetivou-se com o presente trabalho avaliar a acurácia da predição genômica para a característica maciez da carne em animais da raça Nelore. Informações fenotípicas e genotípicas de 884 animais foram obtidas. Num primeiro passo, um modelo animal misto foi aplicado para a predição dos valores genéticos (EBVs). Os EBVs e respectivos valores de acurácia foram então utilizados para a condução de uma análise genômica utilizando o método GBLUP. A matriz de parentesco genômica utilizada nesta análise contemplou as informações genotípicas obtidas a partir de um painel de alta densidade (Bovine Illumina HD). Essas informações foram submetidas a um controle de qualidade, após o qual foram utilizadas na análise genômica as informações de 828 animais e de 310.164 marcadores (SNPs). A herdabilidade estimada para a maciez, no primeiro passo, foi baixa e apresentou alto erro padrão devido ao tamanho amostral ( $h^2=0,18\pm 0,16$ ). As diferentes medidas de habilidade de predição empregadas indicaram baixa acurácia da predição genômica (0,20 a 0,35). Os resultados sugerem a necessidade de obtenção de fenótipos e genótipos de um maior número de animais, entretanto, considerando as dificuldades e os custos para obter observações de características de qualidade da carne, os resultados mostram que a seleção genômica é uma alternativa viável para o melhoramento da característica em estudo.

**Palavras-chave:** Bovinos de corte, GBLUP, Qualidade da carne, Seleção genômica

### Accuracy of genomic prediction for beef tenderness in Nellore breed

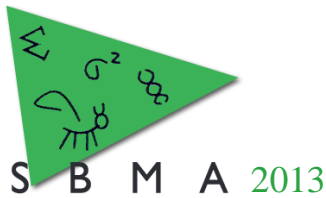
**Abstract:** The objective of the present paper was to evaluate the accuracy of genomic prediction for meat tenderness in Nellore cattle. Phenotypic and genotypic information of 884 animals were obtained. In a first step a mixed animal model was applied for predicting breeding values (EBVs). The EBVs and their accuracies were then used to conduct a genomic analysis applying GBLUP method. The genomic relationship matrix used in the analysis included the genotypic information obtained from a high density panel (HD Bovine Illumina). These data were subjected to quality control, after which data from 828 animals and 310.164 markers (SNPs) were used for genomic analysis. The heritability estimates for the tenderness, in the first step, was low and had high standard errors due to sample size ( $h^2 = 0.18 \pm .16$ ). The different measures of predictive ability employed indicated low accuracy of genomic prediction (0.20 to 0.35). The results suggest the need for obtaining phenotypes and genotypes of a higher number of animals however, considering the difficulties and costs for observations of quality traits of the meat, the results show that the genomic selection is a viable alternative for improving the studied trait.

**Keywords:** Beef cattle, GBLUP, Genomic Selection, Meat quality

### Introdução

A seleção genômica foi descrita primeiramente por Meuwissen et al. (2001) e baseia-se na utilização de informações de marcadores moleculares distribuídos por todo o genoma para predição do valor genético. Pimentel e König (2012) relatam que a seleção genômica pode ajudar a resolver problemas frequentes observados nas avaliações genéticas de bovinos de corte, principalmente para características de difícil mensuração e/ou que exigem o abate dos animais, como é o caso da maciez da carne.

A acurácia de predição dos valores genômicos é fundamental para o sucesso da seleção genômica (SAATCHI et al. 2013). Para isso, há necessidade de obtenção de um número expressivo de observações fenotípicas e genotípicas para “treinar/calibrar” os efeitos dos marcadores. Pimentel e König (2012), em



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

estudo de simulação observaram que a inclusão do GEBV (Genomic Estimated Breeding Values) em índices de seleção aumentou a acurácia do valor genético para características de qualidade da carne.

No presente trabalho, objetivou-se avaliar a acurácia da predição genômica para maciez da carne na raça Nelore, utilizando a metodologia GBLUP, em um conjunto de dados reais.

### Material e Métodos

Os valores genéticos (EBVs) e as respectivas acurácias de 884 animais para maciez da carne foram estimados pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita, com a aplicação do programa Wombat (MEYER, 2007). O modelo empregado continha efeito fixo de grupo de contemporâneos (fazenda, ano de nascimento, grupo de manejo à desmama, grupo de manejo ao sobreano), efeitos aleatórios genético direto do animal e residual e como covariável a idade do animal ao abate (efeitos linear e quadrático). A análise quantitativa foi o primeiro passo realizado, com o objetivo de estimar a herdabilidade e os EBVs para serem utilizados como pseudo-fenótipos na análise genômica.

Os animais foram genotipados utilizando um painel de alta densidade, contendo 777.962 SNPs (High-Density Illumina Bovine BeadChip). Previamente à análise genômica, foi realizado um controle de qualidade das informações genotípicas. Os critérios de exclusão dos SNPs foram: SNPs não autossômicos, SNPs com a mesma posição, MAF (Minor allele frequency)  $\leq 0,02$ , p.valor para HWE (Hardy-Weinberg equilibrium)  $\leq 10^{-5}$ , GC score  $\leq 0,70$ , Call rate  $\leq 0,98$ ,  $r^2$  (medida de desequilíbrio de ligação)  $< 0,995$  com SNPs adjacentes em uma janela de 100 SNPs. Amostras com Call rate  $\leq 0,92$  foram excluídas. Após o controle de qualidade restaram 828 animais e 310.164 SNPs.

O conjunto de dados foi dividido em grupos e o processo repetido oito vezes de forma aleatória. O grupo de treinamento foi formado por 724,5 animais com informações de fenótipo e genótipo, sendo usado para estimar os parâmetros do modelo. Os 103,5 animais com informações genotípicas compuseram o grupo de validação, onde o modelo foi testado ou validado.

O programa GEBV (SARGOLZAEI et al., 2009) foi utilizado para a predição dos valores genômicos diretos (DGV), com a aplicação da metodologia GBLUP.

O seguinte modelo foi utilizado na análise genômica:

$$y_i = \mu + \sum_k X_{ik} + e_i$$

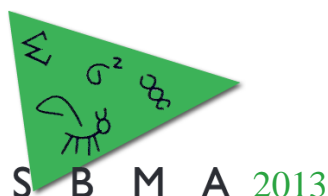
onde  $y_i$  é o pseudo-fenótipo (EBV) do  $i^{\text{th}}$  animal,  $X_{ik}$  é o efeito do  $K^{\text{th}}$  SNP para  $i^{\text{th}}$  animal,  $e_i$  é o resíduo. Esse modelo assume a mesma variância a priori para todos os marcadores.

A acurácia de predição genômica foi avaliada conforme os seguintes critérios calculados para os animais da população de validação: correlação de Pearson entre os EBVs e os DGVs ( $r(\text{EBV}, \text{DGV})$ ); média das acurácias individuais dos DGVs (rPEV), obtida usando elementos da inversa do matriz de coeficientes do GBLUP;  $(\text{cor}(g, \hat{g}))$  é a correlação entre o valor genético estimado e o verdadeiro, ou seja, é a acurácia de predição esperada conforme a fórmula determinística proposta por Daetwyler et al. (2010).

### Resultados e Discussão

A estimativa de herdabilidade ( $h^2$ ) e erro-padrão da maciez foi  $0,18 \pm 0,16$ . Essa baixa  $h^2$  acompanhada de um elevado erro-padrão deve-se, provavelmente, ao pequeno número de dados utilizados para estimá-la, portanto, será necessário aumentar o tamanho amostral para reduzir o erro da estimativa.

As acurácias médias dos EBVs dos animais dos grupos de treinamento e validação foram baixas, provavelmente devido à baixa estimativa de herdabilidade obtida. O número restrito de animais no treinamento, combinado à baixa acurácia dos EBVs resultou em baixa acurácia de predição genômica, variando de 0,20 (rPEV) à 0,35 ( $r(\text{EBV}, \text{DGV})$ ). Os valores observados foram próximos ao esperado pela aplicação da fórmula determinística ( $\text{cor}(g, \hat{g})=0,25$ ). Valores similares foram encontrados por Balormaa et al. (2013), com acurácia média da predição genômica variando de 0,17 a 0,33 para características de carcaça e qualidade da carne em *Bos Taurus*, *Bos Indicus* e raças compostas, utilizando a mesma metodologia. Entretanto, segundo o mesmo autor características com um grande número de observações fenotípicas e de animais genotipados e com alta herdabilidade obtiveram maior acurácia. As baixas



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

acurácias encontradas no presente trabalho devem-se a ambos os fatores, número relativamente pequeno de animais genotipados e a baixa herdabilidade das características. Entretanto, considerando as dificuldades e custos de obtenção dos fenótipos, os resultados do presente trabalho mostram que a seleção genômica deve ser uma alternativa viável para o melhoramento da maciez da carne. Podem-se esperar maiores acurácias com o aumento da população de treinamento. É importante ressaltar que fazer seleção para maciez requer testes de progênie, que além do custo elevado, aumenta o intervalo de geração, diminuindo o progresso genético, portanto, a aplicação da seleção genômica através do uso dos marcadores de polimorfismos de base única (SNPs) nessas características poderá diminuir consideravelmente os custos de seleção e antecipar o processo de seleção. A redução do intervalo de geração foi confirmado por Schaeffer (2006), ao apresentar vantagens da seleção genômica sobre o teste de progênie em bovinos de leite, concluindo haver uma mudança genética cerca de duas vezes maior que o teste de progênie.

Tabela 1: Resumo dos principais resultados da análise genômica (os valores apresentados são as médias das 8 repetições conduzidas na validação cruzada)

Característica	Ntrain	accT	Nval	accV	r(EBV,DGV)	rPEV	cor(g,ĝ)
Maciez	724,5	0,29	103,5	0,29	0,35	0,20	0,25

Ntrain: Número de animais no treinamento; Nval: Número de animais na validação; accT: acurácia média dos EBVs no treinamento; accV: acurácia média dos EBVs no teste; r(EBV,DGV): correlação de Pearson entre o EBV e o DGV, no grupo de validação; rPev: Média da acurácia individual do DGV; cor(g,ĝ): acurácia esperada do DGV.

### Conclusões

Maiores acurácias são esperadas com o aumento da população de treinamento.

Considerando as dificuldades de obtenção de características de qualidade da carne, pode-se concluir que a seleção genômica é uma alternativa aplicável para o melhoramento da maciez da carne em bovinos da raça Nelore.

### Agradecimentos

Agradecemos à GenSys e aos programas de melhoramento de bovinos de corte, DeltaGen, Qualitas e PAINT por ceder os dados.

A Fapesp por financiar o projeto e pela concessão da bolsa.

### Literatura citada

- BALORMAA, 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. **Journal of Animal Science**. Publicado online em 8 de maio, 2013.
- DAETWYLER H.D., PONG-WONG R., VILLANUEVA B., WOOLLIAMS J.A. The Impact of Genetic Architecture on Genome-Wide Evaluation Methods. **Genetics**, v. 185, p.1021-1031. 2010.
- MEUWISSEN, T. H.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker map. **Genetics**, v.157. p.1819-1829, 2001.
- MEYER, K. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, v. 8, p. 815-821, 2007.
- PIMENTEL, E. C. G.; KÖNIG, S. Genomic selection for the improvement of meat quality in beef. **Journal Animal Science**, 90:3418-3426, 2012.
- SAATCHI, M., WARD, J., GARRICK, D. J. Accuracies of direct genomic breeding values in Hereford beef cattle using national or international training populations. **Journal of Animal Science**, v. 91, p.1538-1551, 2013. doi: 10.2527/jas.2012-5593.
- SARGOLZAEI M, SCHENKEL FS, VANRADEN PM: gebv: Genomic breeding value estimator for livestock. Technical report to the Dairy Cattle Breeding and Genetics Committee University of Guelph; 2009.
- SCHAEFFER, L. R. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.218-223, 2006.