

### Habilidade de predição genômica para características de consumo e eficiência alimentar em bovinos Nelore<sup>1</sup>

Rafael Medeiros de Oliveira Silva<sup>2</sup>, Luciana Takada<sup>3</sup>, Renata Helena Branco<sup>4</sup>, Maria Eugênia Mercadante<sup>4</sup>, Roberto Carneiro<sup>5</sup>, Lucia Galvão de Albuquerque<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Parte do projeto temático financiado pela FAPESP, processo:2009/16118-5

<sup>2</sup>Doutorando em Genética e Melhoramento Animal – UNESP, Jaboticabal. Bolsista CAPES. e-mail: [rafael.zte@gmail.com](mailto:rafael.zte@gmail.com)

<sup>3</sup>Pós-doutorando em Genética e Melhoramento Animal – UNESP, Jaboticabal. e-mail: [venturinigc@gmail.com](mailto:venturinigc@gmail.com)

<sup>4</sup>Centro APTA Bovinos de Corte - Instituto de Zootecnia, e-mail: [renata@iz.sp.gov.br](mailto:renata@iz.sp.gov.br); [mercadante@iz.sp.gov.br](mailto:mercadante@iz.sp.gov.br);

<sup>5</sup>Pesquisador– UNESP, Jaboticabal. e-mail: [rcar@fcav.unesp.br](mailto:rcar@fcav.unesp.br)

<sup>6</sup>Professora Titular – UNESP, Jaboticabal. Pesquisadora do CNPq e do INCT-CA e-mail: [lgalb@fcav.unesp.br](mailto:lgalb@fcav.unesp.br)

**Resumo:** Foram utilizados dados de 234 animais genotipados com o painel Illumina Bovine HD com o objetivo de avaliar a habilidade de predição dos valores genômicos para consumo alimentar residual (CAR), conversão alimentar (CA), consumo médio de matéria seca (CMS) e ganho em peso médio diário (GMD). Após o controle de qualidade dos genótipos, restaram 229 animais e 229.013 SNPs. As predições genômicas foram obtidas utilizando o método GBLUP. Validação cruzada foi aplicada e os grupos de treinamento e teste foram definidos de forma aleatória. A acurácia das predições genômicas variaram de 0,36 (CA) à 0,50 (CMS). Os valores de acurácia foram ligeiramente inferiores para as características CAR e CA. As correlações obtidas entre os valores genéticos e os valores genômicos no grupo de teste foram altas ( $\geq 0,60$ ) para todas as características.

**Palavras-chave:** acurácia, consumo alimentar residual, predição genômica

#### Genomic Selection for feed intake and feed efficiency traits in Nelore animals

**Abstract:** Data of 234 animals genotyped with Illumina Bovine HD were used in order to evaluate predictive ability of genomic values for residual feed intake (CAR), feed conversion (CA), average dry matter intake (CMS) and average daily weight gain (GMD). After quality control of the genotypes, 229 animals and 229,013 SNPs remained in the analyses. Genomic predictions were obtained using GBLUP method. Cross validation was applied, defining the training and testing groups randomly. The accuracy of genomic predictions ranged from 0.36 (CA) to 0.50 (CMS). Accuracies were slightly lower for t CAR and CA. The correlations between breeding values and genomic values in the test group were high ( $\geq 0,60$ ) for all traits.

**Keywords:** accuracies, residual feed intake, genomic prediction

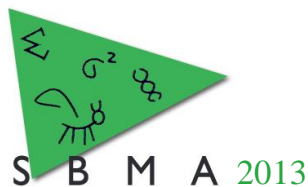
#### Introdução

Apesar da importância econômica das características de eficiência alimentar, a seleção genética utilizando métodos tradicionais é limitada pela dificuldade de obtenção dos fenótipos necessários (Crowley et al., 2011). Nos últimos anos, devido ao avanço da tecnologia de marcadores moleculares, ferramentas genômicas estão disponíveis para auxiliar no melhoramento de características de difícil mensuração.

A seleção genômica é realizada com base nos valores genômicos preditos a partir de marcadores de alta densidade distribuídos em todo o genoma (Meuwissen et al., 2001). Dado o grande número de marcadores, a probabilidade de encontrar um marcador em desequilíbrio de ligação com um QTL é alta. Assim, a predição dos valores genômicos do animal é obtida como a soma dos efeitos de todos os marcadores. O objetivo do presente estudo foi avaliar a habilidade de predição dos valores genômicos para características de consumo e eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore.

#### Material e Métodos

Os dados utilizados no presente estudo foram obtidos de animais da raça Nelore participantes de provas de desempenho realizadas no Centro APTA Bovinos de Corte - Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP entre os anos de 2005 e 2011. As características estudadas foram: consumo alimentar



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

residual (CAR), conversão alimentar (CA), consumo médio diário de matéria seca (CMS) e ganho em peso médio diário (GMD).

Foram genotipados 234 animais com um painel de alta densidade (Illumina Bovine HD), que possui 777.962 SNPs distribuídos ao longo de todo o genoma bovino. No controle de qualidade dos genótipos, foram excluídos os SNPs com: frequência alélica menor que 2%; com Call Rate inferior a 0,98; altamente correlacionados com outros SNPs ( $r^2 > 0.995$ ) e/ou que apresentaram desvio de heterozigosidade superior a 0,15 em relação à heterozigosidade esperada de acordo com o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Amostras com Call Rate inferior a 0,90 foram descartadas. Após o controle de qualidade, restaram 229 animais e 229.013 SNPs.

A estimação da habilidade de predição genômica foi feita em múltiplos passos. Primeiro, foi realizada uma avaliação genética tradicional com dados de 609 animais, onde os componentes de variância e os valores genéticos (EBV) foram estimados considerando um modelo animal em análises unicaracterística. Foram considerados no modelo os efeitos fixos de grupo de contemporâneos (ano de nascimento, instalação e sexo), mês de nascimento e os efeitos lineares e quadráticos das covariáveis idade da mãe e idade do animal no meio do teste. Além disso, foram estimados os efeitos aleatórios genético aditivo direto e o resíduo. No passo seguinte, os valores genômicos (GBV) de 234 animais genotipados foram preditos considerando um modelo linear assumindo a mesma variância para todos os marcadores, estimando seus efeitos simultaneamente com a aplicação do método GBLUP, por meio do programa computacional GEBV (Sargolzaei et al., 2009).

Para validação dos resultados o modelo foi testado por validação cruzada, onde o conjunto de dados foi dividido em 5 grupos de forma aleatória. Dessa forma, em cada repetição, 4 grupos foram utilizados como treinamento (valores genômicos preditos com base nos valores genéticos obtidos na análise genética tradicional junto com os efeitos dos marcadores) e 1 grupo como teste (valores genômicos obtidos somente com base nas informações dos marcadores). A acurácia dos valores genômicos foi obtida utilizando elementos da inversa da matriz de coeficiente. O coeficiente de regressão do EBV sobre o GBV ( $b_1$ ) foi calculado para avaliar o grau de inflação/deflação das predições genômicas.

### Resultados e Discussão

As estimativas de herdabilidade para as características estudadas foram:  $0,12 \pm 0,08$  (CAR),  $0,25 \pm 0,10$  (CA),  $0,67 \pm 0,10$  (CMS) e  $0,50 \pm 0,10$  (GMD).

Os valores médios de acurácia (rPEV) dos GBVs da população teste foram moderados, variando de 0,36 à 0,50 (Tabela 1). Assim como em Bolormaa et al. (2013), maiores valores de acurácia foram associados à características com maiores herdabilidades (CMS e GMD).

Alguns autores consideram a correlação de Pearson entre o EBV e o GBV no grupo de teste (CORR) como medida de habilidade de predição (ex.: Pryce et al., 2012). Os valores da acurácia esperada calculada segundo a fórmula proposta por Daetwyler (2010) foram mais próximos dos valores de rPEV do que de CORR. A habilidade de predição encontrada no presente trabalho para a característica CAR foi superior aos valores obtidos por Pryce et al. (2012) na raça Holstein. Os autores encontraram acurácias de 0,37 e 0,31 para rebanhos na Austrália e Nova Zelândia, respectivamente, com aproximadamente 1.000 animais de cada país.

Os valores de inflação foram superiores a 1 em todas as características estudadas indicando deflação dos GBVs, ou seja, que a amplitude dos GBVs foi menor que a amplitude dos EBVs. Isso pode ter ocorrido em virtude do baixo número de animais genotipados. A deflação dos valores genômicos foi mais acentuada nas características CAR e CA.

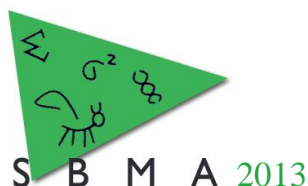


Tabela 1. Valores médios de acurácia (rPEV), correlação (CORR) entre os valores genéticos (EBV) e os valores genômicos (GBV) no grupo de teste, acurácia esperada (acc\_esp) e coeficiente de regressão ( $b_1$ ) dos valores genéticos (EBV) sobre os valores genômicos (GBV) estimados dos animais do grupo de teste, para as diferentes características estudadas.

Características	rPEV	CORR	acc_esp	$b_1$
CAR	0,42	0,72	0,39	2,14
CA	0,36	0,67	0,30	2,48
CMS	0,50	0,62	0,52	1,22
GMD	0,48	0,60	0,48	1,40

<sup>1</sup>CAR= consumo alimentar residual; CA= conversão alimentar; CMS= consumo médio diário de matéria seca; GMD= ganho em peso médio diário.

Considerando a atual impossibilidade de se selecionar para estas características da forma tradicional, dada dificuldade e custo de mensuração das mesmas, os resultados do presente trabalho, embora preliminares, já indicam a possibilidade de utilização de seleção genômica no Nelore para características de eficiência de conversão alimentar. Maiores acurácias de predição genômica será obtida com o aumento da população de treinamento.

#### Conclusões

Os resultados obtidos permitem concluir que é possível selecionar animais da raça Nelore ao nascimento para todas as características estudadas com base nas informações genômicas com acurácia de até 0,50. Espera-se obter maiores valores de acurácia quando houver disponibilidade de um maior número de animais genotipados.

#### 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.** 2012-5827, 2013.
- Crowley J. J., Evans R. D., Mc Hugh N., et al. Genetic associations between feed efficiency measured in a performance test station and performance of growing cattle in commercial beef herds. **J. Anim. Sci.** 89:3382–3393, 2011.
- Daetwyler H.D, Pong-Wong R., Villanueva B., Woolliams J.A., The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. **Genetics**, 185: 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.
- Pryce J. E., Arias J., Bowman P. J., et al. Accuracy of genomic predictions of residual feed intake and 250-day body weight in growing heifers using 625,000 single nucleotide polymorphism markers. **J. Dairy Sci.** 95:2108–2119, 2012.
- Sargolzaei M., Schenkel F.S., VanRaden P.M. In 'Technical report to the Dairy Cattle Breeding and Genetics Committee', University of Guelph, Guelph. Available at <http://cgil.uoguelph.ca/dcbgc/Agenda0910/GEV.pdf>, 2009.