

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

Associação entre polimorfismos de nucleotídeos com peso de carcaça quente em bovinos Nelore utilizando painéis de alta densidade¹

Fabieli Loise Braga Feitosa², Fernando Baldi³, Lucia Galvão de Albuquerque⁴, Daniel Mansan Gordo⁵,
Rafael Espigolan⁶, Rafael Lara Tonussi⁷

¹Trabalho financiado pela FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo). Processo nº 2009/16118-5

²Aluna de mestrado em Genética e Melhoramento Animal – UNESP, Jaboticabal. Bolsista FAPESP. e-mail: bifeitosa@hotmail.com

³Professor Assistente Doutor do Departamento de Zootecnia, FCAV/UNESP

⁴Professora Titular – UNESP, Jaboticabal. Pesquisadora do CNPq e do INCT-CA. e-mail: lgalb@fcav.unesp.br

⁵Aluno de doutorado em Genética e Melhoramento Animal, FCAV/UNESP. Bolsista do CNPq

⁶Aluno de doutorado em Genética e Melhoramento Animal, FCAV/UNESP. Bolsista da CAPES

⁷Aluno de doutorado em Genética e Melhoramento Animal, FCAV/UNESP. Bolsista da CAPES

Resumo: O objetivo do presente estudo foi estudar a associação de marcadores SNPs no genoma de bovinos da raça Nelore com o peso de carcaça quente (PCQ), visando trazer informações importantes para a avaliação genética de animais para esta característica. Dados de 727 machos da raça Nelore genotipados utilizando-se painéis de alta densidade, foram submetidos a análises de associação genômica (GWAS) considerando apenas um marcador por vez. Foram significativos ($p < 0,01$) 7478 SNPs associados com a característica de carcaça estudada. Com a correção de testes múltiplos de Bonferroni ($p < 1,12 \times 10^{-7}$) constatou-se SNPs afetando significativamente o peso da carcaça quente nos cromossomos 13, 14 e 28. Sendo o cromossomo 13 com maior concentração (49) de SNPs significativos.

Palavras-chave: associação genômica, bovinos de corte, carcaça, marcadores SNPs

Association between single nucleotide polymorphisms with hot carcass weight in Nelore cattle using high density panel

Abstract: The objective of this study was to investigate the association between SNPs markers in the genome of Nelore cattle with hot carcass weight (HCW), to bring important information for genetic evaluation of animals for this trait. Data from 727 males Nelore genotyped using high-density panels were submitted to analysis of genomic association (GWAS) considering only one marker at a time. Were significant ($p < 0.01$) 7478 SNPs associated with hot carcass weight studied. With the correction of Bonferroni for multiple tests ($p < 1.12 \times 10^{-7}$) it were found SNPs markers significantly affecting the hot carcass weight on chromosomes 13, 14 and 28. The highest concentration (49) of significant SNPs was in the chromosome 13.

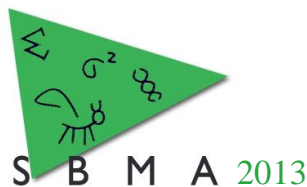
Keywords: genomic association, beef cattle, carcass, SNPs markers

Introdução

Dentre as principais características de mensuração da qualidade de carcaça e carne, o peso da carcaça quente é uma das mais importantes, pois é um indicador de rendimento de carcaça. Os frigoríficos brasileiros consideram o peso de carcaça quente como a principal forma de remuneração aos produtores. Sendo assim, essa característica é de grande importância econômica e produtiva para a pecuária. Porém, no Brasil, há poucos programas de melhoramento genético que disponibilizam avaliações genéticas para características de carcaça indicadoras de qualidade de carne.

A identificação de genes causais para características de importância na pecuária, como o peso de carcaça quente, conta com uma nova técnica chamada de associação genômica ampla (GWAS). Essa técnica consiste em realizar uma análise de associação utilizando variações existentes (principalmente polimorfismos de base única, SNPs) em todo o genoma conjuntamente com o fenótipo e informações de pedigree, identificando desse modo, genes que são importantes para características de interesse (Zhang et al., 2012).

No Brasil ainda são escassos os trabalhos de associação entre marcadores SNPs e características de carcaça e carne. Diante disso, objetivou-se estudar a associação de marcadores SNPs no genoma de



bovinos da raça Nelore com o peso de carcaça quente, visando trazer informações importantes para a avaliação genética de animais para esta característica.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 727 machos da raça Nelore, nascidos em 2008 e 2009, pertencentes a três programas de melhoramento genético. Os animais foram mantidos em grupos de contemporâneos com no mínimo três animais. Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos como: ano, fazenda e grupo de manejo ao nascimento, além do grupo de manejo a desmama e ao sobreano.

Os abates dos animais ocorreram em plantas frigoríficas comerciais com acompanhamento técnico especializado para a avaliação de peso de carcaça quente (PCQ), o qual, posteriormente foi fornecido pelos frigoríficos. As carcaças eram resfriadas por no mínimo 24h. Após o resfriamento, foram colhidas amostras do músculo *Longissimus dorsi* para a extração de DNA genômico.

A extração do DNA genômico foi realizada com o kit DNeasy Blood & Tissue Kit da Qiagen (Qiagen GmbH, Hilden, Germany) segundo instruções do fabricante. A genotipagem foi realizada no Departamento de Tecnologia (UNESP, Campus de Jaboticabal) utilizando-se o painel BovineHD BeadChip de alta densidade, segundo protocolo da Illumina, com o aparelho HiScan™SQ System. O BovineHD BeadChip contém 777.962 marcadores do tipo SNP espalhados pelo genoma com uma distância média entre marcadores de 3,43 kb. O software GenomeStudio (Illumina®) foi utilizado para analisar as imagens do HiScan e obtenção dos genótipos.

As análises de GWAS foram realizadas considerando apenas um marcador por vez utilizando o comando MACRO e o procedimento MIXED do programa SAS (*Statistical Analysis System*, versão 9.2). Os efeitos fixos considerados no modelo foram: marcador SNP, grupo de contemporâneos, data de abate (15 níveis) e idade de abate como covariável (efeito linear). O gráfico do tipo Manhattan foi construído utilizando o pacote de instruções *GAP* do *software R* (R Development Core Team, 2012). Os níveis de significância considerados para os marcadores foram de 5% e 1%. O teste de Bonferroni ao nível de 5% também foi aplicado.

Resultados e Discussão

Dentre os 777.962 marcadores do tipo SNP existentes no BovineHD BeadChip, 446.986 marcadores foram utilizados na análise de associação com a característica de peso da carcaça quente. Um grande número de SNPs (7478) está associado à característica de carcaça estudada ($p < 0,01$), como pode ser observado na Figura 1. Aplicando a correção de testes múltiplos de Bonferroni ($p < 1,12 \times 10^{-7}$) foram constatados 3 SNPs significativos observados nos cromossomos 13, 14 e 28.

No cromossomo 13 foram encontrados 49 SNPs significativos, sendo esse o cromossomo de maior concentração de marcadores significativos ($p < 1,12 \times 10^{-7}$). Um total de 40 marcadores estava muito próximo fisicamente (67.086 kb a 67.861 kb). Em consulta ao Cattle QTL Database (2013), foi encontrado um QTL associado ao peso de carcaça quente no cromossomo 13. Relacionado a esse QTL o trabalho de Kim et al. (2003), trabalhando com uma população experimental de mestiços Angus e Brahman, em que buscavam detectar QTLs que afetam o crescimento e as características de carcaça e carne, encontraram evidências sugestivas de associação, sob o modelo de line-cross, no cromossomo 13 para a característica peso de carcaça quente, principalmente para efeitos aditivos.

No Brasil, ainda há poucos estudos de associação de SNPs com características de carcaça e carne, principalmente com animais da raça Nelore. Buscando associações entre marcadores genéticos do tipo SNP (T945M e UC1SNP1) e a área de olho de lombo, espessura de gordura e peso de carcaça quente de Nelore, Ferraz et al. (2009), considerando ou não os efeitos poligênicos, relataram que quando não consideraram os efeitos dos poligenes, os dois SNPs apresentaram associações significativas com todas as características estudadas. Porém, quando consideraram os efeitos dos poligenes não detectaram associações significativas com o peso da carcaça quente e espessura de gordura.

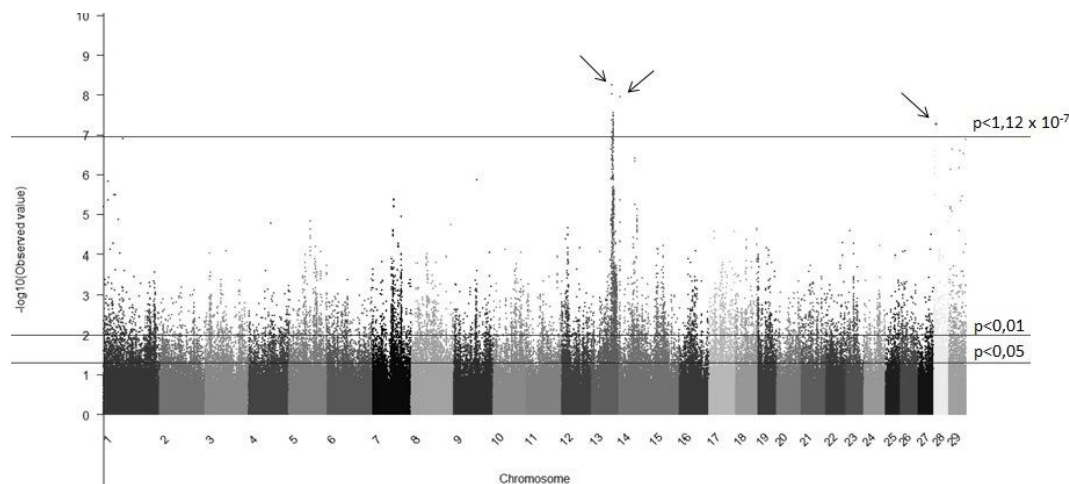


Figura 1. Manhattan plot dos resultados da associação genômica para peso de carcaça quente em bovinos da raça Nelore. Valores acima de $-\log P > 7$ são equivalentes a $p < 1,12 \times 10^{-7}$ (Teste de Bonferroni).

Conclusão

Foram identificados marcadores SNPs afetando significativamente o peso de carcaça quente nos cromossomos 13, 14 e 28, podendo ser utilizados na seleção dos animais. A região do cromossomo 13, onde foram encontrados SNPs significativos, pode ser indicativo de possíveis QTLs.

Literatura citada

- CATTLE QTL DATABASE. Disponível em: <http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/BT/traitmap?trait_ID=1022>. Acesso em: 12 de junho de 2013.
- FERRAZ, J.B.S.; PINTO, L.F.B.; MEIRELLES, F.V. et al. Association of single nucleotide polymorphisms with carcass traits in Nellore cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.8, p.1360-1366, 2009.
- ILLUMINA, Inc. Disponível em <http://www.illumina.com/products/bovinehd_wholegenome_genotyping_kits.ilmn>. Acesso em 01 de junho de 2013.
- KIM, J.J.; FARNIR, F.; SAVELL, J. et al. Detection of quantitative trait loci for growth and beef carcass fatness traits in a cross between *Bos Taurus* (Angus) and *Bos indicus* (Brahman) cattle. **Journal of Animal Science**, v.81, p.1933-1942, 2003.
- R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, versão 2.15, 2012, disponível em: <http://www.Rproject.Org>.
- ZHANG, H.; WANG, Z.; WANG, S. et al. Progress of genome wide association study in domestic animals. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v.3, p.26, 2012.