

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

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

Identificação de regiões cromossômicas associadas à eficiência alimentar em bovinos da raça Nelore¹

**Luciana Correia de Almeida Regitano²,
Priscila Silva Neubern de Oliveira³, Polyana Cristine Tizioto³, Gerson Barreto Mourão⁴, Maurício de Alvarenga Mudadu², Rede BifeQuali⁵**

¹Parte da tese de doutorado do segundo autor, financiada pela CAPES

²Embrapa Pecuária Sudeste, CPPSE/São Carlos, SP.

³Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Biologia Evolutiva e Genética Molecular – UFSCAR/São Carlos, SP.

⁴Departamento de Zootecnia /ESALQ / USP, Piracicaba, SP.

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

Resumo: A Eficiência alimentar é uma característica produtiva importante por estar ligada à produtividade do rebanho. O Consumo Alimentar Residual (CAR) é um parâmetro de eficiência não correlacionado com taxa de crescimento e peso metabólico, sendo utilizado em programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi identificar regiões cromossômicas associadas ao CAR em animais da raça Nelore. Para isso, 273 animais foram genotipados por meio de um chip de SNPs de alta densidade (*Illumina BovineHD BeadChip* - 770 k). Após a estimação dos valores BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), a análise de associação foi realizada com o programa PLINK. Utilizando o software Gbrowse, foram visualizadas regiões associadas com CAR. Foram identificados 3 cromossomos (17, 21, 27) com o maior número de SNPs significativos para CAR. Os efeitos desses SNPs sobre a característica poderão ser considerados em programas de seleção para eficiência alimentar da raça Nelore. Além disso, a prospecção de genes nessas regiões deverá contribuir para o conhecimento dos mecanismos biológicos envolvidos na característica.

Palavras-chave: *Bos indicus*, consumo alimentar, SNPs

Identification of chromosomal regions associated with feed efficiency in Nellore breed

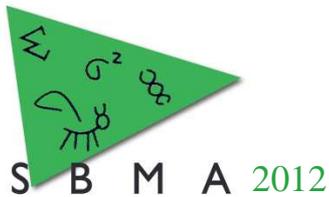
Abstract: Feed efficiency is an important production trait that could be associated to herd productivity. Residual Feed Intake (RFI) is a feed efficiency measure that is not correlated with growth rate and metabolic weight, being used in breeding programs. The aim of this study was to identify chromosomal regions associated with RFI in Nellore breed. To this, 273 animals were genotyped by *Illumina BovineHD BeadChip* (770k). The breeding value was estimated by BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) and then the association analysis was performed using the PLINK software. The software Gbrowse was used to visualize regions associated with RFI. Three chromosomes were identified (17, 21, 27) with the most significant SNPs associated with RFI. Traditional breeding programs may incorporate the effects of these SNPs in the selection for feed efficiency.

Keywords: *Bos indicus*, food consumption, SNPs

Introdução

A eficiência alimentar tem se apresentado como um aspecto produtivo importante em bovinos. Em razão das dificuldades de mensuração do consumo alimentar, existem poucas estimativas de parâmetros genéticos para essa característica no Brasil, inclusive para a raça Nelore. Segundo BASARAB et al. (2003) a seleção de animais mais eficientes pode resultar em significativas reduções de área de pasto e de diversos índices de impacto ambiental, além de melhorar a rentabilidade do produtor.

Devido à considerável variabilidade genética existente entre animais para a característica consumo alimentar, e o fato de não estar relacionado ao peso adulto e ao ganho de peso, o parâmetro consumo alimentar residual (CAR), sugerido por KOCH (1963) como um parâmetro de eficiência, vem sendo utilizado.



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

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

O recente desenvolvimento de tecnologias que permitem a análise simultânea de polimorfismos de base única (SNPs) cobrindo todo o genoma, tem permitido a identificação de regiões cromossômicas e genes associados às características de interesse econômico e contribuído para a incorporação da seleção genômica nos programas de melhoramento dos bovinos. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar regiões cromossômicas associadas ao parâmetro CAR em animais da raça Nelore, através da análise de associação em escala genômica.

Material e Métodos

Foram utilizados 273 novilhos machos, descendentes de 30 touros registrados da raça Nelore, que compõem famílias de meio – irmãos produzidas por inseminação artificial em tempo fixo (IATF). Os animais foram confinados na fazenda da Embrapa Pecuária Sudeste, localizada na cidade de São Carlos/SP, onde foram avaliados para características de eficiência alimentar. A produção e avaliação fenotípica dos animais foram realizadas no âmbito do projeto em rede (Rede Bife de Qualidade) – Projeto Componente: “Genética quantitativa e molecular de características de qualidade da carne e de eficiência alimentar na raça Nelore”. A genotipagem dos animais foi realizada no Laboratório de Genômica Funcional do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), utilizando o *Illumina Bovine HDbeadchip* (770 k).

A investigação da associação entre os SNPs presentes no chip e a característica utilizou os valores genéticos para CAR, estimados pela metodologia BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) utilizando o modelo misto, que incluía como efeito fixo o grupo de contemporâneos, formado por ano, tipo de baía e origem, além do efeito do animal como efeito aleatório. O modelo pode ser representado matricialmente como:

$$y = X\beta + Za + \epsilon$$

em que y é o vetor da variável dependente; β é o vetor dos efeitos fixos; a é o vetor dos efeitos aleatórios; X e Z são as matrizes de incidência associadas aos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente, ϵ é o vetor de efeito residual inerente a cada observação. A análise de associação do valor genético predito (BLUP) com os genótipos dos marcadores presentes no chip que passaram pelos critérios de qualidade, foi realizada pelo programa PLINK (PURCELL *et al.*, 2007). O software Genome Browse (Gbrowse) foi utilizado para visualização dos SNPs e regiões associadas com CAR ancorados ao genoma bovino versão UMD 3.1

Resultados e Discussão

As regiões cromossômicas associadas com CAR são apresentadas na Figura 1.

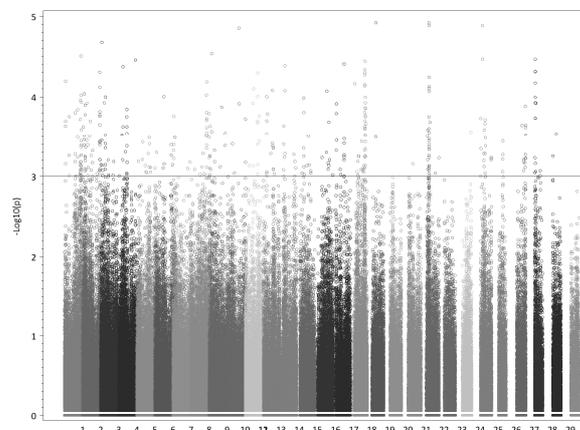
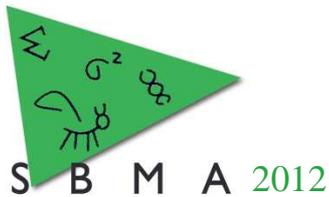


Figura 1. Manhattan plott com resultados de associação dos SNPs com a característica CAR, dos cromossomos autossômicos 1 ao 29. Acima da linha estão os SNPs associados significativamente com CAR ($P < 0,001$)



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

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

Os cromossomos 17, 21 e 27 foram os que apresentaram maior número de SNPs, com 44, 32 e 12 SNPs respectivamente, associados com a característica ($P < 0,001$). Vários estudos têm sido desenvolvidos para identificação de SNPs e suas associações com genes específicos para características produtivas. Alguns trabalhos citam regiões genômicas associadas com CAR no cromossomo 17 e 21 (NKRUMAH et al. 2007, SHERMAN et al., 2008 a). Esses autores (SHERMAN et al., 2008a) também identificaram QTLs (*Quantitative trait loci*) para conversão alimentar no cromossomo 17, em animais *Bos taurus*.

Conclusões

Foram identificadas regiões cromossômicas associadas com consumo alimentar residual em animais da raça Nelore. Os efeitos dos SNPs contidos nessas regiões poderão ser incorporados em programas de melhoramento para eficiência alimentar nessa raça.

Agradecimentos

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa, CPPSE, São Carlos, SP.

CAPES

CNPq (Edital MCT/CNPq No 14/2010 – Projeto 476687/2010-1 e Bolsa PQ para Luciana C. A. Regitano)

Literatura citada

- BASARAB, J. A.; PRICE, M. A.; AALHUS, J. L.; OKINE, E. K.; SNELLING, W. M.; LYLE, K. L. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 83, p. 189-204, 2003.
- KOCH, R. M.; SWIGER, L. A.; CHAMBERS, D.; GREGORY, K. E. Efficiency of feed use in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 22, p. 486-494, 1963.
- NKRUMAH, J. D.; SHERMAN, E. L.; LI, C.; MARQUES, E.; CREWS JR, D. H.; BARTUSIAK, R.; MURDOCH, B.; WANG, Z.; BASARAB, J. A.; MOORE, S. S. Primary genome scan to identify putative quantitative trait loci for feedlot growth rate, feed intake, and feed efficiency of beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 85, p. 3170–3181, 2007.
- 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.
- SHERMAN, E. L.; NKRUMAH, J. D.; MURDOCH, B. M. Polymorphisms and haplotypes in the bovine neuropeptide Y, growth hormone receptor, ghrelin, insulin-like growth factor 2, and uncoupling proteins 2 and 3 genes and their associations with measures of growth, performance, feed efficiency, and carcass merit in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v. 86, p.1–16, 2008a.