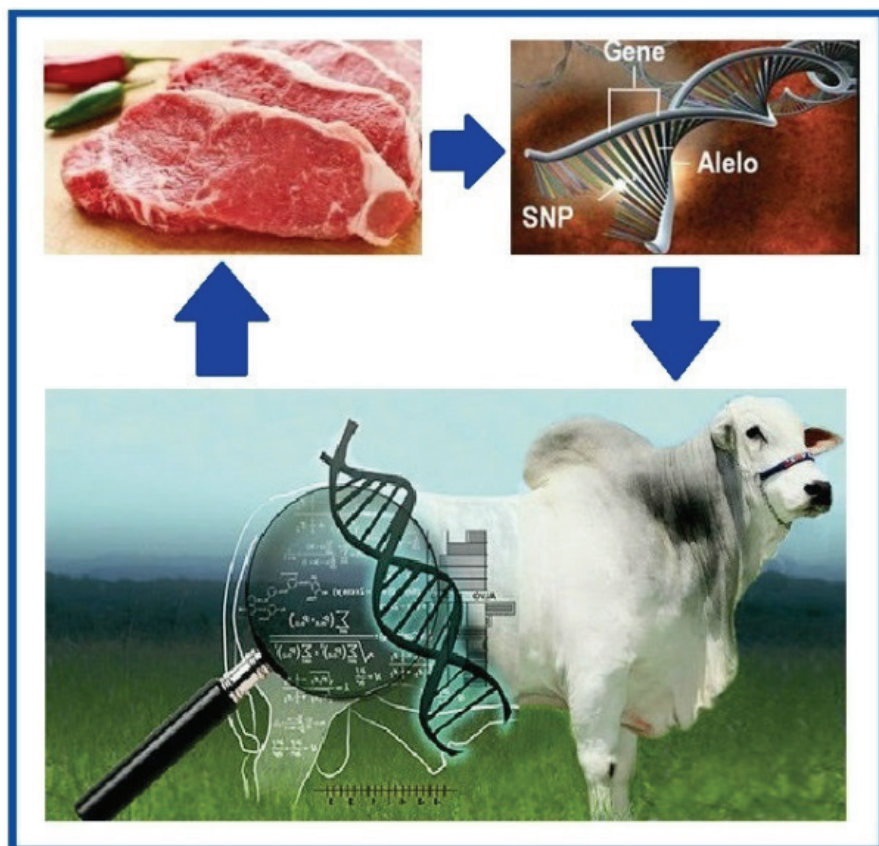


Utilização de Ferramentas Genômicas na Caracterização e Seleção Genética para Maciez da Carne em Bovinos Nelore Mocho



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 331

Utilização de Ferramentas Genômicas na Caracterização e Seleção Genética para Maciez da Carne em Bovinos Nelore Mocho

Claudio de Ulhôa Magnabosco
Leticia Mendes de Castro
Fernando Brito Lopes
Eduardo da Costa Eifert
Marcos Fernando de Oliveira Costa
Mariana Marcia Santos Mamede
Luciana Correia de Almeida Regitano
Rymer Ramiz Tullio
Renata Tieko Nassu
Cristiano Sales Prado
Guilherme Jordão de Magalhães Rosa
Roberto Daniel Sainz

Embrapa Cerrados
Planaltina, DF
2016

Exemplar desta publicação disponível gratuitamente no link:
http://bbeletronica.cpac.embrapa.br/versaomodelo/html/2016/bolpd/bold_331.shtml

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza
Caixa Postal 08223
CEP 73310-970 Planaltina, DF
Fone: (61) 3388-9898
Fax: (61) 3388-9879
www.embrapa.br/cerrados
www.embrapa.br/fale-conosco/sac/

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: *Claudio Takao Karia*
Secretária executiva: *Marina de Fátima Vilela*
Secretárias: *Maria Edilva Nogueira*
Alessandra S. Gelape Faleiro

Supervisão editorial: *Jussara Flores de Oliveira Arbues*
Revisão: *Jussara Flores de Oliveira Arbues*
Normalização bibliográfica: *Shirley da Luz Soares Araújo*
Editoração eletrônica: *Leila Sandra Gomes Alencar*
Capa: *Leila Sandra Gomes Alencar*
Fotos da capa: *Marcelo Fernando dos Santos*

1ª edição

1ª impressão (2016): 100 exemplares
Edição online (2016)

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Cerrados

U89 Utilização de ferramentas genômicas na caracterização e seleção genética
para maciez da carne em bovinos nelore mocho/ Claudio de Ulhôa
Magnabosco... [et al.]. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2016.

24 p. – (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Cerrados,
ISSN 1676-918X, ISSN online 2176-509X, 331).

1. Genotipagem-bovino . 2. Carne-qualidade-maciez. 3. Gado de corte-
nelore . 4. Seleção genômica ampla. I. Magnabosco, Claudio de Ulhôa.
II. Série.

636.082 – CDD-21

©Embrapa 2016

Sumário

Resumo	5
Abstract.....	6
Introdução.....	7
Material e Métodos.....	10
Resultados e Discussão.....	13
Conclusões.....	21
Referências	22

Utilização de Ferramentas Genômicas na Caracterização e Seleção Genética para Maciez da Carne em Bovinos Nelore Mocho

Claudio de Ulhôa Magnabosco¹; Leticia M. Castro²; Fernando B. Lopes³; Eduardo C. Eifert⁴; Marcos Fernando O. Costa⁵; Mariana M. S. Mamede⁶; Luciana C.A. Regitano⁷; Rymer R. Tullio⁸; Renata T. Nassu⁹; Cristiano S. Prado¹⁰; Guilherme J. M. Rosa¹¹; Roberto D. Sainz¹²

Resumo

Neste estudo, 460 bovinos da raça Nelore Mocho foram avaliados em três abates. Foram mantidos em condições semelhantes até o abate comercial, com idade entre 22 e 26 meses. Realizaram-se análises fenotípicas e biológicas de carne e do DNA para avaliação da maciez e sua correlação genética com características de interesse econômico. Os modelos de regressão aleatória Bayesiana, Lasso Bayesiano, Bayes A, Bayes B e Bayes C π foram utilizados para predições genômicas da maciez da carne. Os valores de WBSF variaram de 1,07 kg a 8,87 kg, com média de 3,88 kg. Análises GWAS evidenciaram picos de marcadores moleculares nos cromossomos 3, 13, 17, 20, 21 e 25. Todos os modelos apresentaram acurácia preditiva semelhante, sendo o Bayes B o de maiores predições. Os Valores Genéticos Moleculares para a WBSF variaram de 2,86 a 5,64, com acurácia de 0,25. As estimativas de correlação genética evidenciaram que a maciez da carne não afeta nem é afetada pela seleção genética para características como peso e rendimento ou acabamento de carcaça.

Termos para indexação: genotipagem, SNPs, QTLs, Associação Genômica Ampla, Seleção Genômica Ampla.

¹ Zootecnista, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

² Médica-veterinária, doutora em Melhoramento Genético Animal, bolsista da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

³ Zootecnista, doutor em Ciência Animal, pesquisador Pós-Doc da Universidade de Wisconsin, Madison-WI, EUA

⁴ Agrônomo, doutor em Nutrição de Ruminantes, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

⁵ Médico-veterinário, doutor em Fisiologia Animal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Médica-veterinária, doutora em Melhoramento Genético Animal, bolsista da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

⁷ Médica-veterinária, doutora em Melhoramento Genético Animal, pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP

⁸ Engenheiro-agrônomo, doutor em Produção Animal, pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP

⁹ Engenheira de Alimentos, doutora em Tecnologia de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP

¹⁰ Médico-Veterinário, doutor em Tecnologia de Alimentos, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

¹¹ Zootecnista, doutor em Estatística e Experimentação Agronômica, professor da University of Madison, Wisconsin, WI, EUA

¹² Zootecnista, doutor em Nutrição Animal, professor da University of California, Davis, CA, EUA.

The use of Genomic Tools in the Characterization and Selection for Meat Tenderness in Polled Nellore cattle

Abstract

In this study, 460 Polled Nellore cattle were obtained from lineages known to produce tender or tough meat, and samples from three slaughters were evaluated for tenderness (Warner-Bratzler Shear Force – WBSF). Animals were raised under similar conditions until reaching market finish at 22 to 26 months of age. Beef quality phenotypes and DNA data were subjected to analyzed using a Bayesian mixed animal model approach to determine their correlations with economically relevant traits. Random regression models using Bayesian, Bayesian Lasso, Bayes A, Bayes B, and Bayes C π procedures were used to generate genomic predictions of tenderness, whose accuracy was determined by cross-validation. The WBSF values ranged from 1.07 to 8.87 kg, averaging 3.38 kg. Genome-wide association studies (GWAS) analyses revealed the existence of molecular marker peaks on chromosomes 3, 13, 17, 20, 21, and 25, indicating the presence of quantitative trait loci (QTL) associated with meat tenderness traits in those regions of the genome of Polled Nellore cattle. Although all the models had similar predictive accuracy, the best predictions were obtained using the Bayes B model. Molecular Genetic Values (GEBV) for WBSF ranged from 2.86 to 5.64, with an accuracy of 0.25. Genetic correlation estimates showed that meat tenderness is unaffected and does not affect genetic selection for traits such as carcass weight, yield or fatness.

Index terms: Shear force, genotypes, Quantitative Trait Loci – QTL, Genome-Wide Association Studies – GWAS

Introdução

O Brasil possui um dos maiores rebanhos bovino comercial do mundo, é também um dos maiores exportadores de carnes, com exportação de 1.399.259 toneladas de carne bovina (ABIEC, 2016). Entretanto, apresenta-se como um dos maiores exportadores em volume, não o sendo em valores financeiros. Esse fato acontece porque a maior parte da carne exportada pelo Brasil é considerada de média a baixa qualidade pelos compradores internacionais. Essa baixa aceitabilidade da carne brasileira pelos consumidores internacionais está ligada à falta de qualidade e padronização da carne produzida e em especial à maciez dessa carne, que é considerada o aspecto principal no critério de avaliação da palatabilidade e qualidade da carne por qualquer consumidor (DANG et al., 2014).

A produção de carne no Brasil é caracterizada pela alta variabilidade da qualidade dessa carne, o que pode ser parcialmente explicada pela grande proporção de raças zebuínas dos rebanhos, uma vez que raças zebuínas, em geral, apresentam carne menos macia do que raças taurinas (BARENDSE et al., 2008), no entanto, possui valores de herdabilidade para maciez similares às raças taurinas (CASTRO et al., 2014). Isso é uma clara indicação de que o uso de animais de raças zebuínas, como o Nelore, que é responsável por 80% dos registros das raças zebuínas, segundo a Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), é de grande importância para a produção de carne de qualidade no Brasil, não somente pela grande adaptabilidade dos animais ao clima tropical, mas também por poderem apresentar carne macia e, já que existe uma variabilidade, existe espaço para um trabalho de seleção genética.

Apesar da reconhecida importância do melhoramento genético para maciez da carne (força de cisalhamento) em populações de bovinos de raças zebuínas, o número de rebanhos estruturados e que incluem essa característica como objeto de seleção é muito pequeno. Isso porque a maciez é de difícil mensuração para ser incluída nas rotinas de avaliação fenotípica, pois somente pode ser medida após o abate dos

animais, o que dificulta e encarece a identificação dos animais de carne macia, limitando o almejado progresso genético. Além disso, a maciez é multifatorial, ou seja, tem alta complexidade biológica, sendo afetada por fatores *ante mortem* e *post mortem* (PARDI et al., 2005).

Entretanto, esta característica apresenta-se como alto potencial de trabalho ao serem aplicadas biotécnicas moleculares e genômicas. Com o desenvolvimento dos painéis para genotipagem e a possibilidade de prever valores genômicos, a seleção genômica tornou-se um método de seleção muito atrativo e promissor, e está sendo utilizada como auxílio na seleção em programas de melhoramento genético. Além disso, a utilização da genotipagem por marcadores moleculares do tipo SNP (polimorfismos de base única) tornou os estudos de associação genômica ampla (GWAS) práticos para explorar a associação de genes com características complexas em muitas espécies, com grande utilidade na identificação de mutações casuais em características de importância econômica em animais.

Além disso, o investimento em uma abordagem genômica, por meio da genotipagem de touros jovens para a predição do valor genômico para a maciez da carne, é uma ferramenta prática e estratégica na identificação de animais superiores, além de ser uma alternativa para se conhecer a variabilidade genética para maciez da carne sem a necessidade de abater os animais que poderiam vir a ser utilizados como reprodutores, em razão do seu elevado potencial genético para a produção de carne macia. Entretanto, a obtenção de valores fenotípicos de maciez (força de cisalhamento da carne) obtidos de animais comerciais (fenotipagem), com matriz genômica identificada, será sempre de grande valia para a calibragem dos modelos, elevando a acurácia dos valores genômicos preditos para reprodutores a serem utilizados nos programas de seleção genética para a maciez da carne.

Nesse sentido, alguns trabalhos vêm sendo realizados por um esforço conjunto entre a Marca OB e a Embrapa Cerrados e tiveram como objetivo principal a caracterização genética e seleção genômica de bovinos Nelore Mocho para maciez da carne. No entanto, o trabalho

pioneiro teve início há 14 anos, pela iniciativa da marca OB que, a partir do seu banco de linhagens, utilizou touros pais de animais provenientes de abates técnicos, sendo estes descendentes das principais linhagens da raça Nelore, e que puderam ser avaliados para a maciez da carne com base na força de cisalhamento de suas respectivas progênes.

A Guaporé Pecuária S/A, detentora da marca OB, foi fundada pelo pioneiro Ovídio Miranda Brito e atualmente é um dos poucos rebanhos que incluem o aprimoramento da maciez da carne como critério de seleção e objetivo de melhoramento. Esse grupo relata uma pesquisa, denominada Nelore OBChoice (SAINZ et al., 2005), conduzida com o objetivo de caracterizar a progênie de touros representantes das principais linhagens da raça Nelore em relação a si mesmas e em comparação com cruzamentos com raças zebuínas e taurinas. As características avaliadas incluíram o crescimento pré- e pós-desmame, a precocidade de acabamento, a qualidade da carcaça e a qualidade da carne, incluindo a maciez da carne com base na força de cisalhamento.

A equipe técnica da Guaporé Pecuária utilizou o Banco de Linhagens da Marca OB, de onde foram selecionados 22 touros representativos das principais linhagens da raça Nelore. Esses touros, mais dois da raça Aberdeen Angus e um da raça Brahman, foram acasalados com 552 vacas comerciais da raça Nelore Mocho por inseminação artificial. Os touros Angus e Brahman foram incluídos para fins de comparação como raças conhecidas pela qualidade de suas carcaças e carne (SAINZ et al., 2005). Em dois abates experimentais, chamados de Abate 1 e Abate 2, que ocorreram nos anos de 2005 e 2008, respectivamente, concluíram que o zebuíno tem desvantagens em relação ao taurino, tanto no aspecto de marmorização quanto na maciez da carne. Porém, este trabalho demonstrou conclusivamente que existe uma grande variação genética dentro da raça Nelore para essas características. Esse foi um dos primeiros trabalhos no Brasil a identificar essas diferenças de uma maneira rigorosa e com base genética conhecida, identificando também touros cujos filhos produzem carne com os melhores padrões de qualidade, conforme relatado por Sainz et al. (2005) para o mercado mundial.

O rebanho Nelore Mocho marca BRGN da Embrapa Cerrados, iniciado em 2000, utiliza desde então material genético oriundo do rebanho da marca OB (MAGNABOSCO et al., 2009), e vem também promovendo sua seleção para características que indiretamente estão relacionadas à maciez da carne. Diante disso, objetivou-se com este estudo, a partir do projeto aprovado em 2009, intitulado *Caracterização e seleção genética para maciez da carne em bovinos Nelore Mocho*, em parceria com a Guaporé Pecuária S/A, identificar, caracterizar, e selecionar geneticamente animais com maior potencial para maciez de carne, por meio do mapeamento associativo para maciez da carne e da predição dos valores genômicos para essa característica.

Material e Métodos

Foram realizados três abates de animais oriundos de acasalamentos dentro do programa de melhoramento genético para carcaça da Guaporé Agropecuária, Marca OB, Projeto Nelore OBChoice. Para os abates 1 e 2, foram selecionados 22 touros do Banco de Linhagens da Marca OB, representativos das principais linhagens da raça Nelore, e foram incluídos dois touros da raça Aberdeen Angus e um da raça Brahman, para fins de comparação com raças conhecidas pela qualidade de suas carcaças e carne. Esses touros foram acasalados com 552 vacas comerciais da raça Nelore Mocho por inseminação artificial, gerando os dois primeiros abates experimentais, chamados de Abate 1 e Abate 2, ocorridos nos anos de 2005 e 2008 (SAINZ et al., 2005).

Para a geração da terceira população (Abate 3), utilizou-se os dados de maciez dos Abates 1 e 2 do projeto Nelore OBChoice, sendo essa população experimental composta por animais contrastantes nos dois extremos para maciez da carne. Para esse fim, os acasalamentos dos pais foram realizados baseando-se na probabilidade de genes idênticos por descendência, como descrito por Lacy (1989).

Dessa forma, foram utilizados os dados de maciez dos Abates 1 e 2 do projeto Nelore OBChoice e dados de uma terceira população (Abate 3), sendo essa gerada com o objetivo de criar uma população experimental composta por animais que contrastassem nos dois extremos para

maciez da carne. Para esse fim, os acasalamentos dos pais foram realizados baseando-se na probabilidade de genes idênticos por descendência, como descrito por Lacy (1989). Assim, identificou-se entre os pais dos animais que já tinham informação genética e fenotípica sobre a característica (primeiro e segundo abate) aqueles com potencial genético superior e inferior para produzir carne macia, sendo que esses foram acasalados, contrastando nos dois extremos para maciez da carne. É importante lembrar que, independente da população do Abate 3, desde 2004, a Marca OB vem selecionando, por meio de acasalamentos otimizados, indivíduos que apresentam um maior potencial genético para a maciez, valendo-se da probabilidade de genes idênticos por descendência.

O sistema de criação e de terminação para os três abates foram semelhantes. As progênies foram criadas e recriadas à pasto e passaram por uma fase de terminação em regime de confinamento por cerca de três meses. Após atingirem aproximadamente 5 mm de espessura de gordura subcutânea, medida entre a 12^a e 13^a costela por ultrassonografia, e idade média entre 22 e 24 meses, os animais abatidos para coleta de dados de maciez por força de cisalhamento do músculo Longissimusdorsi (o contrafilé), com 7 dias de maturação (WHEELER et al., 2005), utilizando o aparelho Warner-BratzlerShear Force - WBSF.

Em função disso, foram geradas informações de pedigree e de avaliações fenotípicas para as características de maciez de 460 animais da raça Nelore Mocho.

Em sequência, foram realizados estudos de genética quantitativa para entender a estrutura de correlação fenotípica entre a maciez e outras características de interesse econômico. Estimou-se os componentes de variância e parâmetros genéticos por inferência Bayesiana e técnicas multivariadas, utilizando o procedimento Factor e Univariate disponibilizados pelo programa SAS (2004) (CASTRO et al., 2014). Estimou-se os parâmetros genéticos para a força de cisalhamento

da carne e suas relações genéticas com diversas características de desempenho, reprodução e carcaça em bovinos Nelore, utilizando modelos animais bicaráter e inferência bayesiana, considerando um maior número de informações (MAMEDE, 2015).

Foram coletadas amostras de sangue, músculo ou pelo, que produziram DNA adequado à genotipagem para análises genômicas de 427 animais. Esses animais foram genotipados em Illumina Bovine HD Beadchip (Illumina Inc., San Diego - CA/EUA), que contém 777 mil marcadores do tipo SNP espalhados pelo genoma, e em Chip GGP-Indicus (GeneSeek® Genomic Profiler - Indicus), com 77 mil SNPs, um chip customizado pela Gene Seek-Neogen para raças zebuínas, em que foi utilizado dados Illumina HD® para identificar SNPs informativos em animais Nelore e Brahman. Após minucioso controle de qualidade das amostras e dos marcadores, foi realizado estudo de associação genômica ampla (GWAS), também conhecido como mapeamento associativo, com o objetivo de identificar marcadores moleculares SNP afetando significativamente a maciez da carne em bovinos Nelore Mocho (CASTRO, 2016).

A partir de então, foi realizado estudo de Seleção Genômica Ampla (GWS) para a predição do valor genômico ou valor genético molecular (GEBV – Genomic Breeding Value), para a maciez da carne, para os animais avaliados, com os touros pais, mães e outros touros, jovens ou já consagrados, provenientes de Centrais de Inseminação e fazendas parceiras, que também foram genotipados. O efeito de cada marcador SNP para a predição foi estimado utilizando cinco modelos Bayesianos: Regressão Aleatória, Lasso, Bayes A, Bayes B e Bayes C π , utilizando o pacote BGLR (DE LOS CAMPOS; RODRIGUEZ, 2015) do software R, e a acurácia foi avaliada pela correlação entre o valor genômico e a maciez da carne, utilizando a metodologia de validação cruzada leave-one-out. No estudo de Magnabosco et al. (2016), são apresentadas mais informações sobre os modelos estatísticos avaliados em cada metodologia, com número de iteração, descarte, amostragem e implementação.

Resultados e Discussão

As estatísticas descritivas e os componentes de variância para a característica de maciez da carne, preconizada neste estudo, estão descritas na Tabela 1. Observa-se que os dados apresentaram desvio padrão de 1,35 e um coeficiente de variação (34,82%) relativamente alto, indicando heterogeneidade do conjunto de dados, com valores de força de cisalhamento da carne (WBSF) variando de 1,07 kgf a 8,87 kgf. Essa alta variação na maciez da carne é reportada por vários autores (ELZO et al., 1998; LAGE et al., 2012), uma vez que a maciez é fortemente afetada por fatores ambientais pré e post-mortem. No caso deste estudo, a alta variação já era esperada por se tratar de uma população delineada para ter animais segregantes, com baixos e altos valores para WBSF.

Tabela 1. Estatística descritiva e análise dos componentes de variância e parâmetros genéticos da característica de força de cisalhamento (WBSF – *Warner-Bratzler Shear Force*) do músculo *Longissimus dorsi* em bovinos da raça Nelore Mocho.

Característica	N	Média (kgf)	Moda (kgf)	DP (kgf)	CV (%)	Mínimo (kgf)	Máximo (kgf)	σ_a^2	σ_e^2	h^2
WBSF (kgf)	460	3,88	3,38	1,35	34,82	1,07	8,87	0,26	1,52	0,14

N: n° de animais, DP: desvio padrão; CV: coeficiente de variação; σ_a^2 : variância genética aditiva; σ_e^2 : variância residual; h^2 : herdabilidade.

Observa-se que, mesmo a população estudada sendo composta somente por animais zebuínos, em que se espera carne com WBSF altos, a maciez da carne dos animais apresentou valores médios de 3,88 kgf. A média de WBSF desse estudo está dentro dos valores limiares encontrados na literatura para que uma carne bovina seja considerada macia, que varia de 3,5 kgf a 4,5 kgf (BOLEMAN et al., 1997; FELICIO, 1997; MILLER et al., 2001). A escala de maciez da carne considera que quanto menor o valor de WBSF mais macia é a carne. Parte dos baixos valores de WBSF encontrados podem ser explicados devido à idade de abate dos animais, relativamente jovens, entre 22 e 26 meses, pois sabe-se que animais jovens apresentam maior proporção de colágeno solúvel em relação aos animais mais erados, propiciando assim, carne

mais macia. Desta forma, a idade de abate reflete também o sistema de produção, com recria a pasto, suplementações estratégicas e terminação em confinamento de 90 a 120 dias.

Os resultados das análises para estimação dos componentes de variância evidenciaram que somente 14% dos genes para a força de cisalhamento da carne possivelmente apresentam efeito genético aditivo direto, enquanto 86% dos efeitos que controlam esta característica estão presentes no resíduo, sendo este composto por efeitos epistáticos, de dominância, de interações genótipo-ambiente e ambiental. Na literatura, é encontrada uma alta variação dos valores de herdabilidade para a força de cisalhamento da carne em bovinos, seja ela entre ou dentre raças. Como no trabalho de Minick et al. (2004), que obtiveram valores de herdabilidade para WBSF de 0,33; 0,46; 0,11 e 0,16 para bovinos das raças Angus, Charolês, Hereford e Simental, respectivamente, ou no trabalho de Elzo et al. (1998), que, em um estudo com bovinos da raça Brahman e cruzamentos, observaram valores de herdabilidade variando de 0,17 a 0,58.

Para melhor entender a estrutura de correlação fenotípica entre as características, foi realizada uma análise de fatores, utilizando técnicas multivariadas. A análise fatorial irá descrever a estrutura da dependência de um conjunto de variáveis por meio da criação de fatores que medem aspectos comuns (GROBE, 2006), ou seja, a análise fatorial vai comparar os grupos quanto à similaridade e dissimilaridade e correlação. Segundo JOHNSON e WHICHERN (1998), em uma análise de fatores, as variáveis aleatórias são agrupadas conforme suas correlações. Dentro do seu grupo, as variáveis possuem alta correlação e, entre os grupos, correlações fracas, observando que três fatores foram necessários para explicar mais de 80% da variância total. Observa-se que o fator 1 foi responsável por 43% das variâncias apresentadas por todas as características, o fator 2 explicou 25% das variâncias apresentadas pelas características, já o fator 3 foi responsável por apenas 13% das variâncias.

Para melhor visualizar os inter-relacionamentos explicados pelas fontes de variação apresentadas pelos vetores fatoriais, optou-se por representar graficamente os três autovetores (Figura 1).

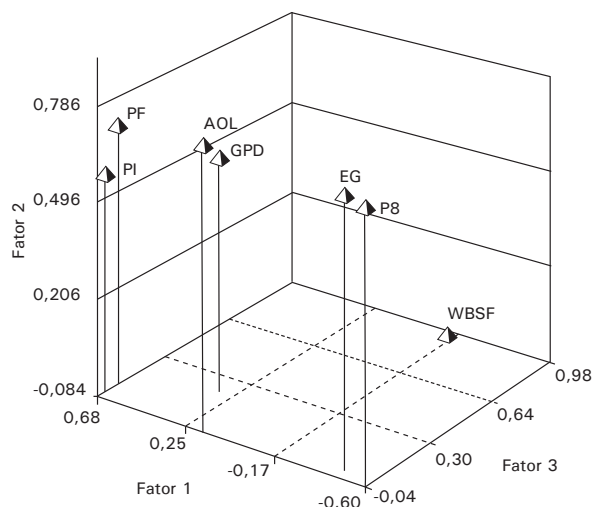


Figura 1. Relação gráfica dos três primeiros autovetores. PI: peso inicial, PF: peso final, GPD: ganho em peso diário, AOL: área de olho de lombo, EG: espessura de gordura medida entre a 12ª e 13ª costela, P8: espessura de gordura medida na garupa, WBSF: Warner-Bratzlershear force.

Fonte: Castro et al., 2014.

O fator 1 foi responsável por explicar, principalmente, as variabilidades das características peso inicial (PI) e peso final (PF). O fator 2 explicou as variabilidades de peso inicial (PI) e peso final (PF), ganho em peso diário (GPD), espessura de gordura medida entre a 12ª e 13ª costela (EG), espessura de gordura medida na garupa (P8) e área de olho de lombo (AOL) e o fator 3 representou a característica Warner-Bratzlershear force (WBSF). O gráfico com os autovetores (Figura 1) demonstra a causa de variações mais semelhantes, agrupando entre si as características que melhor explicam a variabilidade delas.

Pode-se observar grupos distintos de características que se assemelham pela variabilidade, conforme explicado pelas características de peso no início do confinamento (PI) e peso ao final do confinamento (PF), ganho em peso diário (GPD) e área de olho de lombo (AOL) e as espessura de gordura na costela (EG) e espessura de gordura na garupa (P8). A característica de maciez da carne (WBSF) não se apresentou correlacionada com as demais características. Esses resultados indicam

que a seleção para a maciez da carne em bovinos Nelore Mocho não influencia na resposta à seleção de características de crescimento e carcaça e vice-versa.

Corroborando para as evidencias de Castro et al. (2014) já apresentadas, o relato de Mamede (2015) discutiu as correlações genéticas e residuais entre as características de crescimento, carcaça e maciez da carne em bovinos Nelore Mocho, machos e fêmeas, conforme apresentado na Tabela 2.

Tabela 2. Estimativas de médias posteriores das correlações genéticas e residuais entre as características de crescimento, de carcaça e de maciez da carne em bovinos Nelore Mocho, machos e fêmeas.

Característica	Média	Moda	Mediana	DP	IC 2,5%	IC 97,5%
Genética						
P120 x WBSF	-0,70	-0,86	-0,80	0,26	-0,95	0,09
P210 x WBSF	-0,78	-0,96	-0,90	0,23	-0,98	-0,22
P365 x WBSF	-0,44	-0,70	-0,58	0,43	-0,96	0,55
P450 x WBSF	-0,22	-0,35	-0,26	0,34	-0,80	0,50
AOL x WBSF	-0,09	-0,14	-0,10	0,45	-0,94	0,95
EG x WBSF	-0,12	-0,19	-0,12	0,39	-0,81	0,63
EGP8 x WBSF	-0,10	-0,12	-0,11	0,30	-0,68	0,46
Residual						
P120 x WBSF	-0,12	-0,15	-0,13	0,11	-0,33	0,09
P210 x WBSF	-0,12	-0,14	-0,13	0,13	-0,33	0,16
P365 x WBSF	0,10	0,04	0,05	0,30	-0,32	0,97
P450 x WBSF	-0,09	-0,05	-0,08	0,15	-0,40	0,18
AOL x WBSF	-0,06	-0,09	-0,06	0,11	-0,27	0,17
EG x WBSF	-0,01	0,00	-0,01	0,05	-0,11	0,09
EGP8 x WBSF	-0,02	-0,02	-0,02	0,08	-0,16	0,14

P120: peso calculado aos 120 dias de idade; P210: peso calculado aos 210 dias de idade; P365: peso calculado aos 365 dias de idade; P450: peso calculado aos 450 dias de idade; AOL: área de olho de lombo; EG: espessura de gordura subcutânea; EGP8: espessura de gordura subcutânea na garupa; WBSF: força de cisalhamento (*Warner-BratzlerShear Force*); DP: desvio padrão; IC: intervalo de credibilidade.

Em função das estimativas de correlação genética apresentadas na Tabela 2, evidencia-se que a maciez da carne não afeta ou é efetivamente afetada pela seleção genética de características mais convencionais, como características de crescimento (P120: peso calculado aos 120 dias de idade; P210: peso calculado aos 210 dias de idade; P365: peso calculado aos 365 dias de idade; P450: peso calculado aos 450 dias de idade) e rendimento e acabamento de carcaça (AOL: área de olho de lombo; EG: espessura de gordura subcutânea; EGP8: espessura de gordura subcutânea na garupa). Dessa forma, a inclusão da característica maciez de carne como critério de seleção, para os programas de melhoramento, não levaria a decréscimo ou aumento do progresso genético para as características de produção relacionadas na Tabela 2.

Esses relatos reforçam a necessidade da introdução de ferramentas genômicas, que poderão trazer inúmeros benefícios ao processo de seleção genética para a maciez da carne, aumentando a acurácia de predição dos valores genéticos e a incorporação da matriz genômica na análise de dados. Dessa forma, foi utilizada a genotipagem por marcadores moleculares do tipo SNPs (polimorfismos de base única) de todos os animais estudados para a realização dos estudos de associação genômica ampla (GWAS) e, posteriormente, para os estudos de seleção genômica (GWS), estimando, assim, os valores genômicos para a maciez da carne desses animais.

Os estudos de associação genômica ampla (GWAS) visam identificar variações no DNA correlacionados com característica de importância econômica em animais, ou seja, o GWAS vai auxiliar na localização dos genes que participam na expressão do fenótipo de interesse e ajudar na compreensão dos mecanismos biológicos e fisiológicos desses genes. No resultado do GWAS realizado neste estudo e amplamente discutido por Castro (2016), apresentado no gráfico Manhattan (Figura 2), verifica-se a associação dos marcadores moleculares SNPs com a característica de maciez da carne. O eixo Y representa o $-\log_{10}(p\text{-valor})$ e o eixo x representa o marcador molecular SNP, dentro de seu respectivo cromossomo.

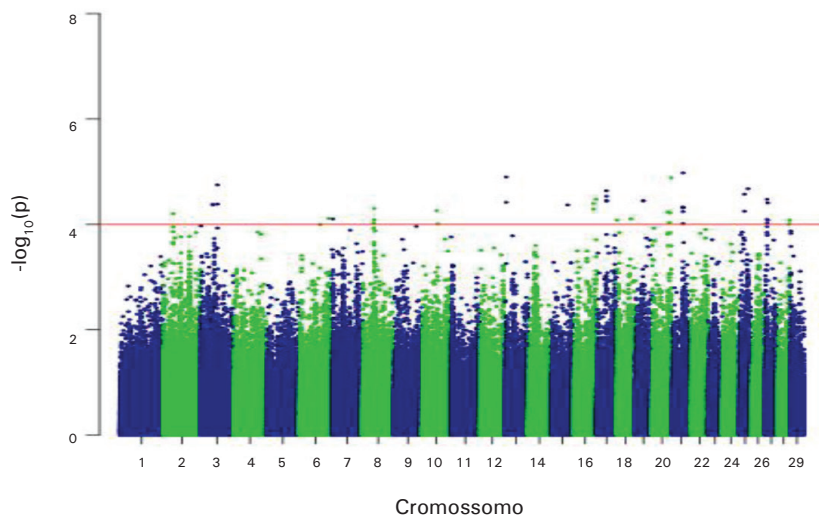


Figura 2. Manhattan plot dos resultados da associação genômica para maciez da carne em bovinos Nelore Mocho. Valores acima de $-\log_{10}(p) = 4$ são equivalentes a $p < 0,0001$.

Observa-se maiores picos de SNPs associados aos cromossomos 3, 13, 17, 20, 21 e 25. Esses resultados demonstram a existência de *locus* de características quantitativas – Quantitative Trait Loci (QTLs) – ligados à maciez da carne nessas regiões do genoma em bovinos Nelore Mocho. Na literatura, encontram-se vários trabalhos, com diversas raças bovinas, que relatam cromossomos com QTLs associados à maciez que corroboram com os resultados obtidos neste trabalho (BARENDSE et al., 2008; MCCLURE et al., 2012; RIBECA et al., 2014). Ao acessar as bases de dados genômicos disponíveis on-line, que unificam informações genômicas de características de interesse econômicas em bovinos e já publicados no meio científico (como o QTLdb, NCBI, entre outras), nota-se que a maioria das informações de associação de genes são provenientes de animais de origem taurina, e esse número fica ainda mais escasso quando se procura por animais zebuínos especificamente da raça Nelore. Apesar de os cromossomos associados a maciez da carne em taurinos serem, em sua maioria, os mesmos verificados no presente trabalho, existem diferentes SNPs associados à

maciez em Zebuínos e que não estão, necessariamente, presentes nos relatos disponíveis em taurinos. Sendo assim, este estudo evidencia a associação entre a característica e cromossomos nunca antes relatados, o que pode ser considerado uma grande adição ao conhecimento científico, uma vez que faltam estudos nas mesmas condições, além da adição aos interesses econômicos da bovinocultura brasileira quando se considera o efetivo populacional zebuínio do país.

No estudo de seleção genômica, conforme discutido por Magnabosco et al. (2016), a correlação entre a característica de maciez da carne (WBSF) e os valores genéticos moleculares (GEBV), utilizando os cinco diferentes modelos de predição e todos os marcadores SNP, foi de 0,23, 0,24, 0,24, 0,25 e 0,22 para Regressão Aleatória Bayesiana, Lasso Bayesiano, Bayes A, Bayes B e Bayes C π , respectivamente. Portanto, apesar de todos os cinco modelos terem sido analisados e todos os modelos apresentarem uma estimativa de correlação positiva, a acurácia de predição foi bem similar para todos os modelos e mostraram uma boa correlação entre a maciez da carne e o valor genético molecular (Figura 3).

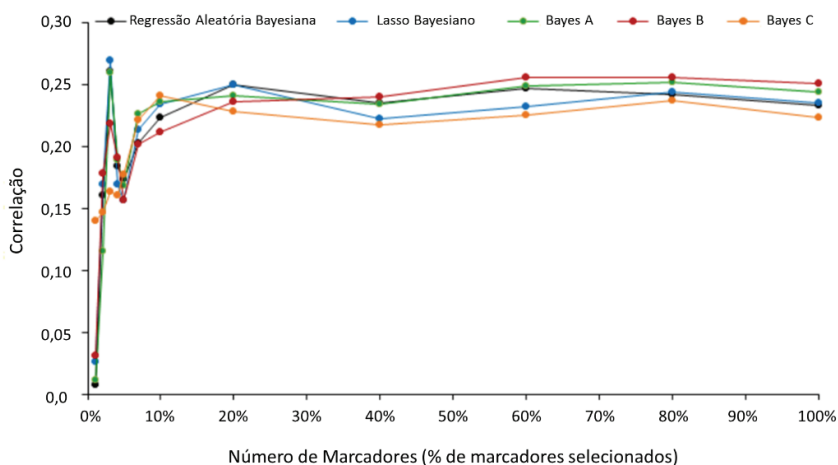


Figura 3. Estimativa de correlação entre a maciez da carne e o valor genético molecular predito pelos modelos Regressão Aleatória Bayesiana, Lasso Bayesiano, Bayes A, Bayes B e Bayes C π , utilizando marcadores amostrados pelo GWAS (p-valor).

O modelo que melhor se ajustou foi o Bayes B ao utilizar marcadores selecionados pelo p-valor do GWAS (Figura 3) cuja correlação entre a maciez da carne e valor genético molecular foi considerada alta. Uma vez aprovado e selecionado o melhor modelo de predição dos Valores Genéticos Moleculares, foram estimados os GEBVs (Valor Genético Molecular) para a maciez da carne de 632 animais genotipados, englobando as progênies do estudo, touros pais, mães, assim como touros jovens e touros consagrados de centrais de inseminação e fazendas parceiras. Os valores preditos variaram de 2,86 a 5,64, indicando mais uma vez uma alta variabilidade. Isso pode ser observado na Figura 4, que detalha a frequência relativa e a percentagem cumulativa dos GEBVs para a maciez dos animais, ressaltando que os animais com valores mais baixos de GEBVs para maciez são considerados superiores e preferíveis para a seleção. Os valores genéticos moleculares (GEBV) estimados para maciez da carne desses animais, com uma acurácia de 0,25, demonstram que cerca de 57% dos animais apresentam-se superiores para a característica avaliada, e indica que o uso desses animais na seleção para a maciez irá alcançar resultados nunca antes relatados para o Nelore Mocho, considerando a escassa informação que se tem no melhoramento para maciez da carne em zebuínos.

Ao observar os valores de GEBVs somente dos touros pais e dos touros provenientes de centrais de inseminação e fazenda parceiras (Figura 4B), evidencia-se que 22% desses animais apresentaram valores de GEBVs para maciez da carne abaixo da média geral apresentada por toda a população (3,86). Esses animais se destacaram como superiores nas análises e, ao serem utilizados como touros reprodutores nas estações de monta e programas de melhoramento, poderão contribuir para o progresso genético do rebanho para a maciez da carne.

A maciez da carne é um importante alvo econômico da produção animal e tem grande potencial na seleção genômica em bovinos de corte. Independente da raça, objetivar o ganho genético para a maciez da carne é importante para garantir a qualidade da carne para o consumidor cada vez mais exigente, além de estratégico para o mercado nacional e internacional devido ao seu grande valor agregado. No entanto, reforça-

se a necessidade de se coletar maior número de fenótipos para força de cisalhamento, dentro dos padrões experimentais e recomendados para a validação da tecnologia, de forma a aumentar a acurácia de predição dos valores genéticos dos animais para maciez da carne.

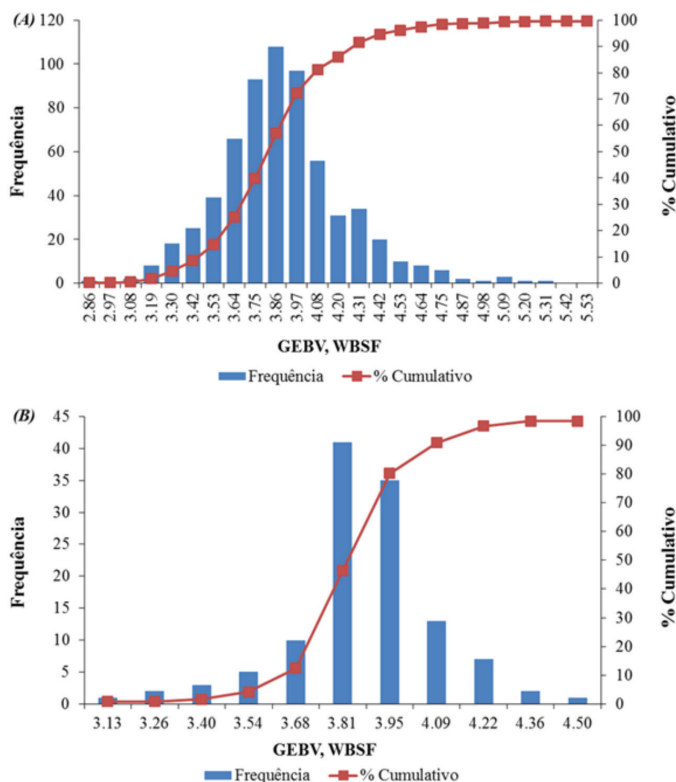


Figura 4. Histograma da frequência relativa e percentagem cumulativa dos valores genômicos (GEBV) para a maciez da carne (WBSF) dos 632 animais genotipados (A) e de Touros pais e centrais de inseminação (B).

Conclusões

Os picos observados de SNPs nos cromossomos 3, 13, 17, 20, 21 e 25, evidenciam a existência de *loci* de características quantitativas (QTL) ligados à maciez da carne no genoma em bovinos Nelore Mocho.

O modelo que melhor descreveu os dados por GWAS para maciez da carne foi o modelo Bayes B, apresentando maior vantagem quando os números de marcadores utilizados na predição foram pré-selecionados baseando-se no p-valor resultante da análise de GWAS. Assim, a utilização do modelo Bayes B na predição de valores moleculares para maciez da carne em programas de melhoramento genético será estratégico na identificação de animais superiores.

Os Valores Genéticos Moleculares (GEBVs) para a WBSF variaram de 2,86 a 5,64, com acurácia de 0,25, indicando a existência de reprodutores Nelore com potencial para carne macia.

As estimativas de correlação genética mostram que a maciez da carne não afeta nem é afetada pela seleção genética para características de crescimento, rendimento ou acabamento de carcaça.

Há grande variabilidade genética para maciez da carne na população considerada nessa pesquisa, evidenciado uma resposta a seleção genética desde que essa característica seja incluída como critério de seleção.

Referências

ABIEC. Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de carne. **Relatório Anual 2015**. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/download/relatorio-anual-2015.pdf>>. Acesso em: 26 ago. 2016.

BARENDSE, W.; HARRISON, B. E.; BUNCH, R. J.; THOMAS, M. B. Variation at the Calpain 3 gene is associated with meat tenderness in zebu and composite breeds of cattle. **BMC Genetics**, v. 9, p. 41, 2008.

BOLEMAN, S. J.; BOLEMAN, S. L.; MILLER, R. K.; TAYLOR, J. F.; CROSS, H. R.; WHEELER, T. L.; KOOHMARAIE, M.; SHACKELFORD, S. D.; MILLER, M. F.; WEST, R. L.; JOHNSON, D. D.; SAVELL, J. W. Consumer evaluation of beef of known categories of tenderness. **Journal of Animal Science**, v. 75, n. 6, p. 1521-1524, 1997.

CASTRO, L. M.; MAGNABOSCO, C. U.; SAINZ, R. D.; FARIA, C. U.; LOPES, F. B. Quantitative genetic analysis for meat tenderness trait in Polled Nellore cattle. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, p. 393-402, 2014.

CASTRO, L. M. **Identificação de SNPs e rotas metabólicas associadas à maciez da carne em bovinos Nelore Mocho**. 2016. 96 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal)- Escola de Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2016.

DANG, C. G.; CHO, S. H.; SHARMA, A.; KIM, H. C.; JEON, G. J.; YEON, S. H.; HONG, S. K.; PARK, B. Y.; KANG, H. S.; LEE, S. H. Genome-wide Association Study for Warner-Bratzler Shear Force and Sensory Traits in Hanwoo (Korean Cattle). **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v. 27, n. 9, p. 1328-1335, 2014.

DE LOS CAMPOS, G.; RODRIGUEZ, P. P. **BGLR: Bayesian Generalized Linear Regression**. 2015. p. 23. Disponível em: <<http://rpackages.ianhowson.com/cran/BGLR/>>. Acesso em: 26 ago. 2016.

ELZO, M. A.; WEST, R. L.; JOHNSON, D. D.; WAKEMAN, D. L. Genetic variation and prediction of additive and nonadditive genetic effects for six carcass traits in an Angus-Brahman multibreed herd. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 1810-1823, 1998.

FELICIO, P. E. Carne de touro jovem. **Revista Nacional da Carne**, v. 243, p. 91-92, 1997.

GROBE, J. R. Aplicações de estatística multivariada em resultados de análises de solos. **Revista Tecnologia e Humanismo**, Curitiba, v. 20, p. 136-142, 2006.

JOHNSON, R. A.; WHICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 4th ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 1998. 773 p.

LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.

LAGE, J. F.; PAULINO, P. V. R.; VALADARES FILHO, S. C.; SOUZA, E. J. O.; DUARTE, M. S.; BENEDETI, P. D. B.; SOUZA, N. K. P.; COX, R. B. Influence of genetic type and level of concentrate in the finishing diet on carcass and meat quality traits in beef heifers. **Meat Science**, v. 90, p. 770-774, 2012.

MAGNABOSCO, C. U.; TROVO, J. B.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; FARIA, C. U.; MARTINS, C. F.; REGITANO, L.; FRAGOSO, R. R.; TELLES, M. P. C.; SILVA, C. C.; ARAUJO, F. R. C.; PRADO, C. S.; SAINZ, R. D. **Caracterização e seleção genética para maciez da carne em bovinos Nelore Mocho**. [Documento de Circulação Restrita] 2009.

MAGNABOSCO, C. U.; LOPES, F. B.; FRAGOSO, R. C.; EIFERT, E. C.; VALENTE, B. D.; ROSA, G. J.; SAINZ, R. D. Accuracy of genomic breeding values for meat tenderness in Polled Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 94, n. 7, p. 2752-2760, 2016.

MAMEDE, M. M. S. **Análise Genética para maciez de carne e suas relações com as características produtivas em bovinos Nelore Mocho**. 2015. 87 f. Tese (Doutorado em Ciência Animal)- Escola de Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2015.

MCCLURE, M. C.; RAMEY, H. R.; ROLF, M. M.; MCKAY, S. D.; DECKER, J. E.; CHAPPLE, R. H.; KIM, J. W.; TAXIS, T. M.; WEABER, R. L.; SCHNABEL, R. D.; TAYLOR, J. F.

Genome-wide association analysis for quantitative trait loci influencing Warner-Bratzler shear force in five taurine cattle breeds. **Animal Genetics**, v. 43, n. 6, p. 662-73, 2012.

MILLER, M. F.; CARR, M. A.; RAMSEY, C. B.; CROCKETT, K. L.; HOOVER, L. C.

Consumer thresholds for establishing the value of beef tenderness. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 3062-3068, 2001.

MINICK, J. A.; DIKEMAN, M. E.; POLLAK, E. J.; WILSON, D. E. Heritability and correlation estimates of Warner-Bratzler shear force and carcass traits from Angus, Charolais, Hereford, and Simmental-sired cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 84, p. 599-609, 2004.

PARDI, M. C.; SANTOS, I. F.; SOUZA, E. R.; PARDI, H. S. **Ciência, higiene e tecnologia da carne**. 2. ed. Goiânia: UFG, 2005. 623 p.

RIBECA, C.; BONFATTI, V.; CECCHINATO, A.; ALBERA, A.; GALLO, L.; CARNIER, P. Effect of polymorphisms in candidate genes on carcass and meat quality traits in double muscled Piemontese cattle. **Meatscience**, v. 96, n. 3, p. 1376-83, 2014.

SAINZ, R. D.; MAGNABOSCO, C. U.; MANICARDI, F.; ARAUJO, F.; LEME, P. R.; LUCHIARI, A.; MARGARIDO, R.; PEREIRA, A. S. C.; GUEDES, C. F. Projeto OB-Choice: genética para melhorar a qualidade da carne brasileira. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA DE CARNES, 3., 2005, São Pedro. **Anais...** São Pedro: CTC, 2005. p. 265.

WHEELER, T. L.; CUNDIFF, L. V.; SHACKELFORD, S. D.; KOOHMARAIE, M.

Characterization of biological types of cattle (Cycle VII): Carcass, yield, and longissimus palatability traits. **Journal of Animal Science**, v. 83, n. 1, p. 196-207, 2005.



Cerrados

MINISTÉRIO DA
**AGRICULTURA, PECUÁRIA
E ABASTECIMENTO**

