

DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS PARA QUALIDADE DE CARNE SUÍNA¹

Aldrin Vieira Pires^{2,7}, Paulo Sávio Lopes^{3,7}, Simone Elisa Facioni Guimarães³, Augusto Aloísio Benevenuto Júnior⁴, Cláudia Teixeira Guimarães⁵, Ricardo Frederico Euclides^{3,7}, Cláudio Vieira Araújo^{2,7}, Jane de Oliveira Peixoto⁶, Frederico Castro Figueiredo⁶

¹ Financiamento: FAPEMIG, CNPq, CAPES

² Zootecnista, Estudante de Doutorado, UFV, Viçosa, MG, avpires@alunos.ufv.br

³ Professor do Departamento de Zootecnia - UFV, Viçosa, MG.

⁴ Mestre em Tecnologia de Alimentos, UFV, Viçosa, MG.

⁵ Pesquisadora, EMRAPA-CNPMS, Sete Lagoas, MG.

⁶ Estudante, de Graduação em Zootecnia, UFV, Viçosa, MG.

⁷ Bolsista do CNPq

Introdução

PATERSON (1998), em uma explanação sobre o mapeamento de QTL no melhoramento de animais e de plantas, comenta que uma mudança na teoria de “número virtualmente infinito de genes com pequenos efeitos”, para “poucos genes com grandes efeitos” tem sido proposta, questionada, revisada, rejeitada e reconsiderada. Os geneticistas têm percebido que algumas pressuposições usadas para simplificar os modelos quantitativos, tais como igualdade dos efeitos dos genes e aditividade da ação gênica, eram pouco prováveis e mais precisamente descritas pelos locos de características quantitativas (QTLs). QTLs são identificados como associações estatísticas significativas entre os valores genotípicos e a variabilidade fenotípica na progênie segregante (WILLIAM, 1998). Ou segundo LIU (1998), QTLs são genes localizados no genoma com efeitos genéticos aditivo, de dominância e/ou epistático significativos. Tendo em vista a exploração comercial de suínos, e que a espécie vem se tornando uma opção para estudos comparativos com humanos, a detecção de QTLs torna-se uma importante ferramenta, principalmente pela possibilidade de incorporar dados de marcadores moleculares aos programas industriais de melhoramento genético. Os objetivos deste trabalho foram detectar QTLs no cromossomo seis de suínos, relacionados a algumas características de qualidade de carne suína.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido na Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da UFV, em Viçosa, MG, no período de novembro de 1998 a julho de 2001. Foi utilizado o delineamento de F2 para se obter desequilíbrio de fase ligação entre os marcadores e os QTLs. Para tanto, foram construídas inicialmente duas famílias provenientes do cruzamento de dois varrões da raça nativa Piau com 18 fêmeas originadas de linhagem desenvolvida na UFV pelo acasalamento de animais Landrace x Large White, selecionadas para peso e precocidade. A partir do intercruzamento da geração F1, foi obtida a geração F2. As características de qualidade de carne avaliadas neste estudo foram: pH45 (45 minutos “post mortem”), pH24 (24 horas “post mortem”), gordura intramuscular (GOR), perda de peso por gotejamento (PG), perda de peso por cozimento (PC), maciez objetiva (força de cisalhamento (FC) e coloração do músculo avaliada pelo sistema HUNTER LAB,

da luminosidade (L), do índice de vermelho (A) e do índice de amarelo (B). Estas características foram obtidas a partir de uma amostra do músculo “Longissimus dorsi” retirada da meia carcaça direita dos animais. A metodologia de obtenção destas características de qualidade de carne são descritas por BENEVENUTO Jr (2002). O animais foram genotipados, até o momento, para dois marcadores de microssatélites, SW1057 e SW607, localizados a 47,1 cM e 165,7 cM, respectivamente, no cromossomo seis suíno. As genotipagens foram realizadas em gel de poliacrilamida, utilizando o seqüenciador “ABI Prism 377”, da EMBRAPA-CNPMS, localizada em Sete Lagoas. A análise de fragmentos amplificados foi feita utilizando o “software” GenScan, e logo após foi feita a extração dos dados pelo “software” Genotyper v.2.0. A análise estatística dos dados foi feita por meio de regressão linear simples, onde foi ajustado um modelo para cada marcador, separadamente, e os dados foram previamente ajustados para os efeitos fixos de sexo e época de nascimento. Foi adotado 10% como nível de significância máximo do teste, por se tratar de uma varredura genômica inicial, e, desta forma, diminui-se a probabilidade de se inferir na ausência de QTL, sendo que este pode estar presente.

Resultados e Discussão

Os efeitos aditivos dos QTLs, que tiveram resultado significativo ($P < 0,10$) para alguma característica, são apresentados na Tabela 1. Foi detectada a presença de QTLs para pH45, PG e PC, próximos à região indicada pelo marcador SW1057, cujos efeitos aditivos são -0,0340, 0,3192 e 0,3483, respectivamente. Presença significativa de QTLs foi detectada também para as características PC e FC, próximos a região do SW607, cujos efeitos aditivos são -0,4386 e 241,7341, respectivamente. Não foi detectado, para as características pH24, GOR, L, A e B, efeito significativo para algum QTL próximo aos marcadores SW1057 e SW607. Como foram usados apenas dois marcadores não foi possível estimar com precisão os efeitos e posição destes QTLs. Desta forma, estas análises devem ser dissecadas, com uma maior saturação com marcadores nestas regiões, para se obter resultados mais precisos de efeitos e posição destes QTLs.

Conclusões

Foram detectados QTLs influenciando as características pH45, PG, PC e FC, porém, não foram detectados QTLs para pH24, GOR, L, A e B. Estes resultados, no entanto, devem ser dissecados utilizando uma maior saturação no mapa de ligação, para se poder inferir com maior precisão sobre os efeitos e posição destes QTLs.

Tabela 1 – Efeitos aditivos dos QTLs estimados sob modelo de regressão linear simples

Característica	GL	Marcadores	
		SW1057	SW607
pH45	318	-0,0340*	--
PG	262	0,3192**	--
PC	255	0,3483*	-0,4385*
FC	326	--	241,7341***

*, **, *** = Significativo a 10, 5 e 1%, respectivamente.

Referências Bibliográficas

- BENEVENUTO Jr., A.A. Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais, de raça nativa e cruzados. Universidade Federal de Viçosa, UFV: Viçosa, MG. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos). 2002 (no prelo).
- LIU, B.H. Statistical genomics: Linkage, mapping and QTL analysis. 1998. 611p.
- PATERSON, A.H. QTL mapping in DNA marker-assisted plant and animal improvement. In: PATERSON, A.H. Molecular dissection of complex traits. CRC Press, New York, 1998, p. 131-143.
- WILLIAM, D.B. QTL analysis: power, precision and accuracy. In: PATERSON, A.H. Molecular dissection of complex traits. CRC Press, New York, 1998, p. 145-162.

Agradecimento

Ao Dr. M.F. Rotschild, USDA Pig Genome Project Coordinator, pela cessão dos primers fluorescentes