

DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS INFLUENCIANDO COMPOSIÇÃO DE CARÇA SUÍNA¹

**Aldrin Vieira Pires^{2,7}, Paulo Sávio Lopes^{3,7}, Simone Elisa Facioni Guimarães³,
Augusto Aloísio Benevenuto Júnior⁴, Cláudia Teixeira Guimarães⁵, Robledo de
Almeida Torres^{3,7}, Fausto Moreira da Silva Carmo², Danielle de Assis Faria⁶, Carlos
Souza Nascimento⁶**

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

A informação genotípica permite melhorar a precisão da avaliação fenotípica, podendo-se então determinar a localização e o efeito dos locos que influenciam as características economicamente importantes (ETLs), expressão originada o inglês *quantitative trait loci - QTL*. A identificação destes ETLs é feita basicamente de duas maneiras. Uma delas é a partir do estudo dos locos de características quantitativas, onde se busca por associações estatísticas entre a variação das características quantitativas e regiões cromossômicas (locos), através dos marcadores moleculares que estão ligados a estas regiões. Outra maneira é a partir do estudo de genes candidatos, que consiste na escolha de genes baseada na fisiologia da característica, assumindo-se que estes genes afetem a performance desta. Os QTLs são identificados como associações estatísticas significativas entre os valores genotípicos e a variabilidade fenotípica na progênie segregante (WILLIAM, 1998). Muitos QTLs e genes candidatos foram identificados e associados a características de interesse econômico em suínos. Dentre eles tem-se QTLs para crescimento e espessura de toucinho (cromossomos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 13, 14), qualidade de carne (cromossomos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 12, 15) e características reprodutivas (cromossomos 4, 6, 7, 8). Mutações que causam a síndrome do estresse suíno (HAL e CRC1) e cor de pele também foram identificadas. Resultados também foram obtidos com genes candidatos ESR e PRLR, para tamanho de leitegada, FABP do coração e adipócitos, para qualidade de carne, e FUT1, para resistência a doenças (ROTHSCHILD e PLASTOW, 1999). Os objetivos deste trabalho foram detectar QTLs, no cromossomo seis de suínos, relacionados a algumas características de carcaça.

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 intercrossamento da geração F1, foi obtida a geração F2. As características de carcaça avaliadas neste estudo foram: rendimento de

carcaça (RC), comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC), espessura de toucinho cervical (ES) e lombar (P2), área de olho de lombo (AOL), espessura de bacon (EB) e peso de cortes: pernil (PPER), paleta (PPAL), carré (PCAR) e lombo (PLOM). Estas características foram mensuradas a partir da dissecação da meia carcaça direita dos animais. Os 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. 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. 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 ($P < 0,05$) para alguma característica, são apresentados na Tabela 1. Foi detectado efeito significativo para P2, EB e PPAL próximos à região indicada pelo marcador SW607, cujos efeitos aditivos foram 0,7055, -0,0638 e 0,8510, respectivamente. Estes resultados apontam para a possível presença de um ou mais QTLs na região 165,7 cM do cromossomo 6, com efeitos na qualidade da carcaça suína. ROTHSCILD e PLASTOW (1999) relataram a identificação de QTLs associados a características de crescimento e espessura de toucinho no cromossomo 6. Não foi detectado efeito significativo para as características RC, MBCC, ES, AOL, PPER, PCAR e PLOM. Ressalta-se que se considera este trabalho um estudo preliminar onde foram usados inicialmente apenas dois marcadores. Desta forma não é possível estimar com precisão os efeitos e posição destes QTLs, a não ser, posteriormente, com a utilização de um maior número de marcadores nestas regiões.

Conclusões

Foram detectados QTLs influenciando as características P2, EB e PPAL, próximos ao marcador SW607. Não foram detectados QTLs para nenhuma das características próximas ao marcador SW1057. Estes resultados mostram que, próximo à região 165,7 cM do cromossomo seis suíno, há evidência de QTL para características de carcaça. No entanto, para se poder inferir com maior precisão sobre os efeitos e posição destes QTLs, estes resultados devem ser confirmados com a utilização de mapa de ligação mais saturado.

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

Característica	GL	Marcador
P2	429	SW607
EB	328	0,7055*
PPAL	424	0,8510*
		-0,0638*

* = Significativo a 5%

Referências Bibliográficas

ROTHSCHILD, M.F., PLSTOW, G.S. 1999. Advances in pig genomics and industry applications. AgBiotechNet, v.1, p.1-7.

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.