



## EFEITO DO POLIMORFISMO *PIT1* – *HIN1* SOBRE O GANHO DE PESO DIÁRIO DO NASCIMENTO À DESMAMA DE BOVINOS DA RAÇA CANCHIM<sup>1</sup>

LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO<sup>2</sup>, SÔNIA MARA CARRIJO<sup>3</sup>, MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR<sup>2</sup>, FÁBIO LUIZ BURANELO TORAL<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Embrapa – Subprojeto 06.2002.711-03

<sup>2</sup> Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Bolsista CNPq

<sup>3</sup> Doutoranda, CPGGEV – UFSCar

<sup>4</sup> Doutorando, CPG-Zootecnia – Universidade Federal de Viçosa

**RESUMO** - O efeito do polimorfismo *Hin1* do gene *PIT1* sobre caracteres de crescimento foi investigado em 509 bovinos da raça Canchim, incluindo uma linhagem tradicional (GG1) e uma nova (GG2). A interação linhagem x genótipo *PIT1* sobre ganho médio diário do nascimento à desmama (GMND) foi significativa ( $p < 0,05$ ). As médias de GMND do genótipo (–/–) foram significativamente superiores aos demais genótipos em GG2 ( $p < 0,05$ ). Não houve diferenças significativas entre as médias dos genótipos em GG1 sugerindo efeito indireto de QTLs (quantitative trait locus) ligados ao gene *PIT1*, segregando apenas em GG2.

**PALAVRAS-CHAVES:** *PIT1*, fator de transcrição da pituitária, RFLP, *Bos taurus*, ganho de peso

EFFECT OF *PIT1* – *HIN1* ON AVERAGE DAILY GAIN FROM BIRTH TO WEANNING IN ANIMALS FROM CANCHIM BOVINE BREED.

**ABSTRACT** - The effect of *Hin1* polymorphism at the *PIT1* gene on growth traits was investigated in 509 Canchim bovine, including a traditional line (GG1) and a new line (GG2). The interaction between lineage and *Pit-1* genotype was significant for average daily gain from birth to weaning (GMND) ( $p < 0.05$ ). The GMND mean of genotype (–/–) was significantly superior to the other genotypes in GG2 ( $p < 0.05$ ). No differences could be attributed to *Pit-1* genotype in GG1 suggesting the action of quantitative trait locus linked to *PIT1* segregating only in GG2.

**KEYWORDS:** *PIT1*, pituitary transcription factor, RFLP, *Bos taurus*, average daily gain

### INTRODUÇÃO

A eficiência de produção de carne resulta da combinação entre os efeitos de fatores de origem genética e de fatores de natureza ambiental. Os altos níveis de produção e os altos índices de produtividade, portanto, dependem de melhorias tanto da composição genética dos animais quanto das condições ambientais de criação. A constituição genética dos animais, entretanto, é fator determinante para o estabelecimento de programas efetivos de melhoramento animal.

A maioria dos caracteres econômicos é condicionada por poligenes, atuando em conjunto na determinação dos fenótipos dos animais, e muito vulnerável a variações de natureza ambiental, dificultando a identificação dos melhores genótipos. Assim, os progressos genéticos em populações dependem de metodologias desenvolvidas com o objetivo de compreender como as propriedades observadas em populações são influenciadas pelas propriedades dos genes envolvidos e pelas circunstâncias não genéticas influenciando um caráter métrico (Falconer & Mackay, 1996). O desenvolvimento de marcadores genéticos distribuídos ao longo do genoma dos bovinos vem permitindo a identificação de genes com efeitos sobre características de produção, favorecendo a maior eficiência de seleção, tendo em vista que tais marcadores podem fornecer maior quantidade de informações sobre os valores genéticos dos animais. Uma das abordagens para identificar esses genes é a avaliação de polimorfismos em genes candidatos. O gene *PIT1* pertence a um grupo de genes que codificam proteínas envolvidas no desenvolvimento, dentre elas o fator de transcrição da pituitária, Pit-1. Há fortes evidências da participação desse gene na ativação de outros genes pituitários relacionados ao crescimento de animais, como os genes GH, PRL, TSH $\beta$ , além de sua ação na ativação do próprio gene *PIT1* (Parmentier et al., 1999). A substituição de um alelo *Hin1* (–) por um alelo *Hin1* (+) no locus *PIT1*, mostrou efeito significativo sobre a DEP direta e materna para o caráter peso ao nascer em um estudo com animais da raça Hereford (Moody et al., 1996). O objetivo

do presente trabalho foi investigar o efeito do polimorfismo *HinfI* do gene *PIT1* sobre caracteres de crescimento na raça Canchim.

### MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de DNA de 509 animais da raça Canchim, nascidos entre os anos de 1998 e 2000 e mantidos em regime de pastagem com suplementação mineral, pertencentes à Embrapa Pecuária Sudeste, situada em São Carlos-SP, foram utilizadas. Foram avaliadas duas populações, uma tradicional, com 232 animais e uma outra, desenvolvida mais recentemente, com 277 animais. A população tradicional, ou grupo genético 1 (GG1) é constituída em média de 5/8 de Charolês e 3/8 de raças zebuínas, dentre elas as raças Guzerá, Nelore e Indubrasil, sendo esta última a que mais contribuiu para a formação do Canchim (Alencar, 1986). Essa população foi formada a partir de 1953 e vem sendo mantida como um rebanho fechado. A população mais nova, teve o início de seu desenvolvimento em 1984, com a obtenção de fêmeas resultantes de cruzamentos Canchim X Nelore. Essas fêmeas, acasaladas com touros da raça Charolesa, resultaram em animais que, quando acasalados entre si, originaram o grupo genético 2. Em 1993, nasceram os primeiros animais da nova linhagem (Barbosa, 2000), com composição, em média, de 21/32 de Charolês e 11/32 de Nelore. As amostras avaliadas pertencem ao Banco de DNA de bovinos da Embrapa Pecuária Sudeste. Os genótipos dos animais foram determinados por reação em cadeia da polimerase (PCR) seguida de digestão com a endonuclease de restrição *HinfI* de acordo com Moody et al. (1995). Os valores fenotípicos para ganho de peso do nascimento à desmama foram fornecidos pelo programa de melhoramento do Canchim. O efeito do genótipo de *PIT1* sobre GMND foi investigado pelo método dos quadrados mínimos, usando o procedimento GLM (SAS, 2000). O modelo linear utilizado foi:  $Y_{ijkl} = \mu + GG_i + GF_j + GP_k + GG^*PIT1 + e_{ijkl}$ ; em que  $Y_{ijkl}$  = valor fenotípico do indivíduo para o caráter;  $\mu$  = média geral da população;  $GG_i$  = efeito do iésimo grupo genético;  $GF_j$  = efeito do grupo de efeitos fixos (grupo de contemporâneos, sexo e idade da mãe como efeito linear e quadrático);  $GP_k$  = efeito fixo do késimo genótipo *PIT1*;  $GG^*PIT1$  = efeito de interação entre grupo genético e genótipos *PIT1*;  $e_{ijkl}$  = efeito aleatório do resíduo. Os efeitos médios de substituição de alelos e desvios de dominância foram estimados de acordo com Falconer & Mackay (1996).

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

O alelo *HinfI* (-) foi o menos freqüente nos dois grupos genéticos, entretanto, a freqüência deste alelo foi maior em GG2 do que em GG1, fato que pode ser atribuído à diferenças nas populações base. Em virtude dessas diferenças, os dados fenotípicos foram investigados quanto à presença de interação entre grupo genético (GG) e genótipo de *PIT1* ( $GG^*PIT1$ ). Essa análise revelou efeitos significativos de interação entre grupo genético e genótipos de *PIT1* para esse caráter ( $p < 0,05$ ), evidenciando comportamento diferente de *PIT1* nos dois grupos genéticos. As diferenças nas médias dos quadrados mínimos entre o genótipo (-/-) e os genótipos (+/+) e (+/-) para GMND foram estatisticamente significativas em GG2 ( $p < 0,05$ ), revelando superioridade do genótipo (-/-). As médias dos genótipos (+/+) e (+/-) não diferiram entre si, sugerindo efeito de dominância do alelo *HinfI* (+). Entretanto, não houve diferenças significativas entre as médias dos três genótipos no grupo genético GG1. A estimativa da média do efeito do alelo *HinfI* (-) foi igual a 0,0184 kg/dia, indicando que esse alelo possa contribuir com 2,38% da média do valor de GMND. A média estimada do efeito de substituição alélica evidenciou que a substituição de um alelo *HinfI* (+) por um alelo *HinfI* (-) poderá conduzir a um aumento de 25,2 g/dia na média de GMND dessa população. Os genótipos *HinfI* (-/-) apresentaram valores genéticos 25,2 e 50,4 g/dia maiores do que os valores dos heterozigotos e dos homozigotos *HinfI* (+/+), respectivamente, indicando que esse alelo expressa-se favoravelmente quando presente em homozigose nos genótipos dos animais. A porção do valor genotípico de *HinfI* (-/-), 83,5 g/dia, atribuído ao desvio de dominância foi igual a 46,7 kg/dia. Os desvios de dominância mostraram-se mais importantes do que os valores genéticos quanto aos genótipos *HinfI* (-/-) e *HinfI* (+/-), implicando em vantagem no uso de seleção, neste caso em favor do alelo *HinfI* (-), para aumentar ganhos médios de peso do nascimento à desmama. Visto que o alelo favorável *HinfI* (-) é recessivo em relação ao alelo *HinfI* (+), o uso de informações moleculares sobre o genótipo pode ser útil ao melhoramento dessa característica nesta população. O efeito de *PIT1* sobre GMND encontrado na linhagem GG2, pode ser o resultado de sua influência sobre a expressão dos genes do hormônio de crescimento e da prolactina, igualmente importantes na fase do crescimento que se estende do nascimento até à desmama, em virtude da grande influência dos efeitos maternos. Estudos conduzidos em suínos por Sun et al. (2002) evidenciaram efeito significativo de genótipos *PIT1* sobre os níveis plasmáticos do hormônio de crescimento e de

prolactina. Não obstante, a diferença de comportamento de *PIT1* observada nos dois grupos genéticos pode sugerir a ação de um QTL (*Quantitative Trait Loci*) ligado ao gene *PIT1* e segregando apenas no GG2 da população estudada, em oposição à hipótese de efeito direto de *PIT1*. Essas diferenças de comportamento do efeito de *PIT1* podem também ser resultantes de interação não alélica do gene *PIT1* e outras seqüências reguladoras do desenvolvimento de animais. Finalmente, a possibilidade de que o pequeno número de animais com genótipo *Hinfl* (-/-) em GG1 possa ter contribuído para que o efeito de *PIT1* não tenha sido detectado nesta população deve também ser considerada. Os resultados evidenciam que antes de sugerir o uso desse polimorfismo em seleção assistida por marcadores, torna-se necessário que o mesmo seja testado nas diferentes populações. Tendo em vista que qualquer efeito favorável deva estar presente não somente à desmama, mas sim durante todo o desenvolvimento, do animal culminando com melhor performance também por ocasião do abate, antes de se sugerir o uso de *PIT1* como um recurso auxiliar à seleção, torna-se fundamental a realização de investigações adicionais quanto ao efeito do polimorfismo em período que decorre do pós desmame até o momento da terminação dos animais.

### CONCLUSÕES

O polimorfismo *PIT1-Hinfl* foi associado com os ganhos de peso médios diários do nascimento à desmama, na linhagem nova de Canchim (GG2), podendo ser indicado na seleção assistida por marcadores nessa população de animais, tendo em vista que a seleção à favor do alelo *Hinfl* (-) pode conduzir a aumento no peso à desmama. A diferença de comportamento de *PIT1* observada nos dois grupos genéticos pode indicar diferenças na regulação de *PIT1* ou na sua ação sobre os genes do hormônio de crescimento e/ou da prolactina, ou de outros genes do eixo somatotrófico sobre os quais *PIT1* pode exercer sua influência. Há a possibilidade, também, da ação de um QTL ligado ao gene *PIT1* segregando apenas em GG2. O uso efetivo desse polimorfismo em seleção assistida por marcadores, entretanto, requer que seus efeitos sejam testados em diferentes populações e que novas pesquisas sejam conduzidas com o objetivo de se buscarem mais evidências quanto ao estabelecimento de associações entre esse polimorfismo e os caracteres economicamente importantes em gado de corte.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALENCAR, M. M. **Bovino Raça Canchim: origem e desenvolvimento**. São Carlos: Embrapa UEPAE, 1986. 102 p.
- BARBOSA, P. F. O Canchim na embrapa pecuária sudeste. In: CONVENÇÃO NACIONAL DA RAÇA CANCHIM, 4., 2000, São Carlos. **Anais...** São Carlos: Embrapa-CPPSE, 2000. p. 55-68.
- FALCONER, D. S. & MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. Edinburg: Longman, 1996. 464 p.
- MOODY, D. E.; POMP, D.; BARENDSE, W. Restriction fragment length polymorphism in amplification products of the bovine *PIT1* gene and assignment of *PIT1* to bovine chromosome 1. **Animal Genetics**, v.26 p.45-47, 1995.
- MOODY, D. E.; POMP, D.; NEWMAN, S. et al. Characterization of DNA polymorphisms in three populations of Hereford cattle and their associations with growth and maternal EPD in line 1 Herefords. **Journal of Animal Science**, v.74 p.1784-1793, 1996.
- PARMENTIER, I.; PORTETELLE, D.; GENGLER, N. et al. Candidate gene markers associated with somatotrophic axis and milk selection. **Domestic Animal Endocrinology**, v.17 p.139-148, 1999.
- SAS Institute. SAS/Stat. **User's guide: statistics**. Cary, 2000.
- SUN, H. S.; ANDERSON, L. L.; YU, T.-P. et al. Neonatal Meishan pigs show POU1F1 genotype effects on plasma GH and PRL concentration. **Animal Reproduction Science**, v.69 p.223-237, 2002.