



## IDENTIFICAÇÃO DE LOCOS CONTROLADORES DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS (QTL) PARA DESEMPENHO E DEPOSIÇÃO DE GORDURA NO CROMOSSOMO 1 DA GALINHA<sup>1</sup>

KÁTIA NONES<sup>2</sup>, MÔNICA C. LEDUR<sup>3</sup>, ANA SILVIA A.M.T. MOURA<sup>4</sup>, DEBORAH C. RUY<sup>2</sup>, ERICA E. BARON<sup>2</sup>, CLAUDIO MANOEL R. DE MELO<sup>5</sup>, LUIZ L. COUTINHO<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Este projeto recebeu suporte financeiro da Embrapa/PRODETAB, Fapesp, FUNCITEC, CNPq

<sup>2</sup> Bolsista FAPESP - Doutorado - Laboratório de Biotecnologia Animal da Esalq/USP. Av. Pádua Dias 11, Piracicaba – SP

<sup>3</sup> Pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves. BR 153, Km 110, Concórdia – SC

<sup>4</sup> Professora da FMVZ - UNESP/Botucatu, bolsista do CNPq

<sup>5</sup> Bolsista CNPq - Laboratório Biotecnologia Animal da Esalq/USP. Av. Pádua Dias 11, Piracicaba – SP

<sup>6</sup> Professor Associado – Bolsista do CNPq - Laboratório de Biotecnologia Animal da Esalq/USP. Av. Pádua Dias 11, Piracicaba – SP, [llcoutin@esalq.usp.br](mailto:llcoutin@esalq.usp.br)

**RESUMO** - O objetivo foi identificar locos controladores de características quantitativas (QTLs) associados a características de desempenho e deposição de gordura no cromossomo 1 da galinha. Utilizou-se uma população F2 gerada a partir do cruzamento de aves de corte e de postura. Foram genotipados 649 indivíduos F2 para 26 marcadores. A análise de mapeamento de QTLs foi efetuada pelo método de regressão linear, empregando o delineamento de meio-irmãos paternos. Foram mapeados QTLs para peso corporal, ganho de peso, consumo de ração, conversão alimentar e peso de gordura abdominal.

**PALAVRAS-CHAVE:** crescimento, frangos de corte, gordura, QTL

IDENTIFICATION OF QUANTITATIVE TRAIT LOCI (QTL) FOR PERFORMANCE AND FATNESS TRAITS IN AVIAN CHROMOSOME 1

**ABSTRACT** - The objective was to identify quantitative trait loci (QTLs) associated with performance and fatness traits in avian chromosome 1. F2 population was generated from a broiler layer cross. A total of 649 F2 animals were genotyped for 26 markers. The regression method was employed in a QTL mapping analysis under the half-sib design. QTLs for body weight, weight gain, feed consumption, feed conversion and abdominal fat weight were mapped.

**KEYWORDS:** chicken, growth, fat, QTL

### INTRODUÇÃO

O progresso genético das aves de corte e postura pode ser atribuído a técnicas tradicionais de melhoramento de características quantitativas, como a seleção de linhagens maternas e paternas especializadas, posteriormente combinadas em programas de cruzamento. O desenvolvimento recente de grande número de marcadores microssatélites, com alto grau de polimorfismo, facilitou a detecção e localização de locos controladores de características quantitativas (QTLs). Os marcadores associados a características de interesse poderão ser empregados na seleção assistida por marcadores, aumentando a eficiência dos programas de melhoramento, especialmente para características difíceis de serem medidas. Enquadram-se neste grupo características como consumo de ração, conversão alimentar e deposição de gordura. A detecção de QTLs também constitui o primeiro passo para identificação de genes candidatos por posição que são responsáveis por parte da variação fenotípica da característica de interesse.

A Embrapa Suínos e Aves e o Laboratório de Biotecnologia Animal da ESALQ/USP estão liderando esforços na condução de um projeto com o objetivo de mapear QTLs para características de importância econômica em um cruzamento de aves de corte e postura. O objetivo deste estudo foi identificar QTLs no cromossomo 1 associados às características de desempenho e deposição de gordura nesta população.

### MATERIAL E MÉTODOS

A população experimental foi desenvolvida na Embrapa Suínos e Aves (Concórdia/SC) a partir do cruzamento de sete machos de uma linhagem de corte (TT) e sete fêmeas de uma linhagem de postura (CC). Sete machos e 21 fêmeas F1 geraram cerca de 100 pintos F2 por família de mãe F1 em 17 incubações, totalizando 2.063 aves F2. Estas aves foram criadas como frangos de corte, em

boxes coletivos, até 35 dias de idade. Nesta idade, cada ave foi pesada e alojada em gaiola individual para teste de conversão alimentar até os 41 dias. As características avaliadas foram: peso aos 35 (P35) e 42 (P42) dias de idade, ganho de peso (GP), consumo de ração (CR) e conversão alimentar (CA) dos 35 aos 41 dias de idade e peso da gordura abdominal (GA). O P42 foi medido após 6 horas de jejum e transporte para o abate e a gordura abdominal foi pesada após resfriamento da carcaça por 4 horas.

Três famílias de meio-irmãos, que abrangeram sete famílias de irmãos completos, totalizando 649 animais F2, foram genotipadas com vinte e seis marcadores microsatélites. O programa CRIMAP (Green et al., 1990) foi utilizado para a construção do mapa de ligação do cromossomo 1. Os dados fenotípicos foram ajustados para os efeitos de incubação. Os resíduos desta análise, bem como os genótipos e o mapa de ligação, foram submetidos ao programa QTL EXPRESS (Seaton et al., 2002) (<http://qtl.cap.ed.ac.uk>), para as análises de mapeamento de intervalos, pelo método de regressão linear (Haley et al., 1994). Testou-se a hipótese alternativa da presença de efeitos do QTL e a hipótese nula de ausência de QTL. A análise inicial utilizou o delineamento de F2 (*line-cross model*), incluindo os efeitos fixos de sexo e família de mãe para todas as características e as covariáveis P35 para GP, CR e CA, e P42 para GA. Como a interação QTL x família foi significativa para a maioria das características, empregou-se o delineamento de meio-irmãos (*half-sib model*). Os QTLs foram mapeados considerando-se todas as famílias em conjunto e também cada família individualmente. Foram utilizadas 10.000 permutações para o cálculo de três níveis de significância (sugestivo, 5 e 1 % no genoma) seguindo Lander e Kruglyak (1995) utilizando correção de Bonferroni para múltiplos testes.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

QTLs para P35, P42 e GA foram mapeados na análise de F2 (dados não apresentados). O delineamento F2 pressupõe que as linhagens fundadoras possuam alelos alternativos dos QTLs fixados para as características de interesse, apesar de poderem compartilhar os mesmos alelos de marcadores. Todavia, a interação QTL x família foi significativa ( $P < 0,05$ ) para estas características. Essa interação indica que os alelos dos supostos QTLs não estão fixados nas linhagens, reduzindo o poder de detecção dos mesmos (Haley et al., 1994). Com o intuito de entender a interação e identificar quais famílias estavam segregando para os QTLs, seguiram-se as análises de meio-irmãos paternos. Este modelo genético não envolve pressuposições a respeito da fixação de alelos dos QTLs. O efeito de substituição (efeito aditivo) de um alelo paterno é ajustado para cada uma das três famílias de meio-irmãos (Knott, et al. 1996).

As análises de meio-irmãos foram efetuadas em duas etapas: primeiro para o conjunto de três famílias e depois dentro de cada família, pois alguns QTLs estão segregando em apenas uma família (Tabela 1). Foram detectados QTLs para P35, P42, GP, CA e GA. O QTL que explicou a maior porcentagem da variância fenotípica (17,6%) foi o QTL para P42 mapeado na família 1. Seu efeito representa aumento de 130 g na média da característica na presença de um alelo. O modelo de meio-irmãos paternos permitiu a identificação de QTLs para GP e CA, que não haviam sido identificados no modelo de F2. Isto ocorreu, provavelmente, porque os QTLs para estas características estão segregando em apenas uma das famílias.

Alguns dos marcadores ligados a QTLs neste estudo já foram associados a QTLs em outras populações. Os marcadores LEI68, MCW18 e LEI106 associados a peso vivo (Tabela 1) foram também associados por Sewalen et al. (2002) ao peso corporal a terceira, sexta e nona semana de idade em um cruzamento entre linhagem de corte e postura. Ikeobi et al. (2002), utilizando a mesma população, associaram o marcador ROS25 à deposição de gordura subcutânea. No presente estudo, este marcador foi associado ao peso da gordura abdominal, sugerindo que nesta região exista um gene ou grupo de genes responsáveis pela deposição de gordura.

Os QTLs mapeados para CA e GA no presente estudo, que parecem ser controlados por genes distintos daqueles que controlam o crescimento (Tabela 1), merecem ser ressaltados pela importância destas características para a indústria avícola. Considerando-se a dificuldade de seleção destas características pelos métodos tradicionais, essas regiões são candidatas a estudos futuros para a identificação de genes ligados à deposição de gordura e conversão alimentar para posterior utilização em programas de seleção.

### CONCLUSÕES

Os resultados deste trabalho atestam que os alelos dos QTLs não estão fixados nas linhagens, apesar dos programas de seleção distintos e divergentes a que foram submetidas. A

existência de variabilidade nestes locos dentro de linhagens confirma a importância do mapeamento de QTLs para o melhoramento genético animal.

TABELA 1. Posição cromossômica e efeito de substituição dos QTLs (g) que excederam o nível de ligação sugestiva nas famílias de meio-irmãos

Família	Posição <sup>1,2</sup>	Marcadores flanqueadores	Efeito do QTL (EP)	% variação fenotípica
Peso vivo 35 dias				
1	80 <sup>†</sup>	LEI68 – MCW297	41,244 (15,709)	3,2
	126 <sup>**</sup>	ADL150 – ADL319	83,421 (16,981)	11,6
2	73 <sup>†</sup>	ADL188 – ADL234	-36,876 (13,477)	2,2
3	292 <sup>†</sup>	LEI169 – LEI106	-83,336 (24,157)	6,1
Peso vivo 42 dias				
1	124 <sup>**</sup>	MCW18 – ADL150	130,311 (20,925)	17,6
2	-	-	-	-
3	292 <sup>†</sup>	LEI169 – LEI106	-82,120 (29,853)	3,78
Ganho de peso 35 a 41 dias				
1	301 <sup>†</sup>	LEI169 – LEI106	-24,160 (8,939)	3,54
2	-	-	-	-
3	-	-	-	-
Conversão alimentar 35 a 41 dias				
1	317 <sup>†</sup>	LEI106 – ADL183	0,376 (0,131)	3,98
2	-	-	-	-
3	-	-	-	-
Gordura abdominal				
1	392 <sup>†</sup>	MCW20 – ROS25	-1,448 (0,559)	3,14
2	249 <sup>†</sup>	ADL148 – MCW36	-2,144 (0,772)	2,36
3	386 <sup>†</sup>	MCW20 – ROS25	2,654 (0,798)	5,71

<sup>1</sup> Posição do QTL relativa ao primeiro marcador no cromossomo 1 (MCW10 a 72 cM no mapa consenso)

<sup>2</sup> Razão F: <sup>†</sup> ligação sugestiva; \* ligação significativa, P < 0,05 no genoma, \*\* ligação significativa, P < 0,01 no genoma

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GREEN, P.; FALLS, K.; CROOKS, S. Programa **CRI-MAP VERSION 2.4**. Washington University School of Medicine, St. Louis. 1990.
- HALEY, C.S.; KNOTT, S.A.; ELSEEN, J.M. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares, **Genetics**, v.136, p.1195-1207. 1994.
- IKEOBI, C.O.N.; WOOLLIAMS, J.A.; MORRICE, D.R. et al. Quantitative trait loci affecting fatness in the chicken. **Animal Genetics**, v.33, p.428-435, 2002.
- KNOTT, S.A.; ELSEEN, J.M.; HALEY, C.S. Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half-sib populations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p.71-80, 1996.
- LANDER, E. e KRUGLYAK, L. Genetic dissection of complex traits: guidelines for interpreting and reporting linkage results. **Nature Genetics**, v. 11, p.241- 247, 1995.
- SEATON, G.; HALEY, C.S.; KNOTT, S.A.; et al. QTL Express: mapping quantitative trait loci in simple and complex pedigrees. **Bioinformatics**, v.18, n.2, p.339-340. 2002.
- SEWALEM, A.; MORRICE, D. M.; LAW, A.; et al. Mapping of quantitative trait loci for body weight at three, six and nine weeks of age in a broiler layer cross. **Poultry Science**, v.81, p.1775-1781. 2002.