



MAPEAMENTO DE QTL PARA PESO AO NASCIMENTO NO CROMOSSOMO 5 DE BOVINOS (BTA 5) EM UMA POPULAÇÃO F₂ GIR X HOLANDÊS¹

GUSTAVO GASPARIN², MARCELO MIYATA², LUIZ LEHMANN COUTINHO³, MÁRIO LUIZ MARTINEZ⁴,
MARCOS VINÍCIUS G. BARBOSA DA SILVA⁴, MARCO ANTÔNIO MACHADO⁴, ANA LÚCIA CAMPOS⁴,
LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO⁵

¹ Apoio financeiro: Embrapa/Prodetab

² Mestrando - Universidade Federal de São Carlos, Departamento de Genética e Evolução, São Carlos, SP, Brasil.

³ Pesquisador - Universidade de São Paulo, Departamento de Produção Animal, Piracicaba, SP, Brasil.

⁴ Pesquisador - Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil.

⁵ Pesquisadora - Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, bolsista CNPq.

RESUMO - A identificação de QTLs (locos de características quantitativas) para características de crescimento pode levar ao aumento da eficiência de seleção. O objetivo do presente trabalho foi detectar QTLs para peso corporal no cromossomo cinco, através de mapeamento de intervalo, utilizando cinco marcadores microssatélites, em um rebanho de 294 animais F₂ Holandês x Gir, pertencente à Embrapa Gado de Leite. Foi identificado um QTL afetando peso ao nascimento (PN) ($P < 0,01$). Esse resultado corrobora trabalhos realizados anteriormente, que demonstraram a presença de pelo menos um QTL para peso corporal nessa região cromossômica.

PALAVRAS-CHAVE: bovinos, cromossomo 5, QTL, peso ao nascimento

QTL MAPPING FOR BIRTH WEIGHT IN THE BOVINE CHROMOSOME 5 (BTA5) IN A GIR X HOLSTEIN F₂ POPULATION

ABSTRACT - The identification of QTLs (Quantitative Trait Locus) for growth characteristics can contribute to the increase of the selection efficiency. The objective of the present work was to detect QTLs for body weight in the chromosome five, through interval mapping, using five microsatellite makers, in a herd of 294 F₂ Holstein x Gir calves. The animals belong to Embrapa Gado de Leite. A QTL affecting birth weight (PN) ($P < 0.01$) was detected. That result corroborates works accomplished previously, that demonstrate the presence of at least one QTL for body weight in this chromosomal region.

KEYWORDS: birth weight, bovine, chromosome 5, QTL

INTRODUÇÃO

A formação de animais mestiços tem sido uma alternativa para a intensificação da produção de carne bovina, por possibilitar a exploração das diferenças genéticas entre as raças e as vantagens da heterose. Devido à necessidade de se obter grupos genéticos de bovinos mais adaptados às condições de produção das regiões tropicais, os produtores de leite procuram aliar os genes da raça holandesa (*Bos taurus*), rigorosamente selecionada para produção de leite há mais de 2000 anos, aos genes zebuínos, adaptados às condições tropicais (Madalena *et al.* 1990). As características de importância econômica em bovinos leiteiros vêm sofrendo seleção por várias gerações, com resultados bastante favoráveis. A maioria dessas características é quantitativa, ou seja, é influenciada por vários genes além dos fatores ambientais. Os avanços nas áreas de biologia molecular e genética têm fornecido aos geneticistas um maior conhecimento da localização de genes, bem como o entendimento de suas ações e interações que contribuem para a variação das características quantitativas. Locos de caracteres quantitativos (QTL – *Quantitative Trait Locus*), responsáveis por uma porção da variância total, podem ser mapeados por sua ligação a marcadores genéticos. A identificação desses QTLs permite a aplicação da seleção assistida por marcadores (MAS – *Marked Assisted Selection*) em programas de seleção, tornando-os mais eficientes.

O desenvolvimento de mapas saturados de marcadores genéticos (Barendse *et al.*, 1997, Kappes *et al.*, 1997) tem permitido a identificação de QTLs que afetam traços de importância econômica, com potencial para aumentar significativamente a taxa de melhoramento genético através da implementação do MAS.

Estudos apontam evidências altamente significativas da presença de um ou mais QTLs

localizados no cromossomo 5 afetando diferentes características, como taxa de ovulação (Kirkpatrick *et al.*, 2000), características de carcaça (Stone *et al.*, 1999; Casas *et al.*, 2000), e mesmo peso ao nascimento (Davis *et al.*, 1998; Casas *et al.*, 2002; Li *et al.*, 2002; Machado *et al.*, 2002).

Nesse cromossomo está localizado o fator de crescimento semelhante à insulina tipo 1 (IGF-1), que atua no crescimento e metabolismo durante o desenvolvimento embrionário. As características de crescimento podem ser afetadas pelo próprio gene do IGF-1, ou por um ou mais genes vizinhos, hipótese reforçada por Machado *et al.* (2002).

O objetivo do presente trabalho foi mapear QTLs para peso ao nascimento no cromossomo 5 de bovinos.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de sangue das fêmeas Gir, de animais F1 e F2 foram coletadas para a extração de DNA. Nos touros Holandeses, o DNA foi extraído a partir de sêmen. Um total de 294 animais F2 provenientes do cruzamento entre touros holandeses e fêmeas Gir, em experimento realizado pela Embrapa Gado de Leite (Juiz de Fora/MG) foram genotipados para cinco marcadores microssatélites. Estes foram escolhidos devido à heterozigosidade dos machos F1, posição no cromossomo, marcação fluorescente e disponibilidade no laboratório de Biotecnologia Animal da Embrapa Pecuária Sudeste (São Carlos/SP), visando cobrir todo o cromossomo cinco dos bovinos, com espaçamento médio de cerca de 20cM entre os marcadores.

As reações continham de 50 ng de DNA genômico, conforme as condições descritas por Machado *et al.* (2002). Ao final das amplificações, os produtos foram analisados em um seqüenciador ABI Prism 3100 Avant (Applied Biosystems).

Os dados genotípicos dos animais foram utilizados para a construção do mapa de ligação dos marcadores, através das funções BUILD e ALL do software CRIMAP (Green *et al.*, 1990).

A análise de QTL no cromossomo estudado foi realizada por mapeamento de intervalos múltiplos em famílias F₂ empregando-se o site <http://qtl.cap.ed.ac.uk/> (Seaton *et al.*, 2002), utilizando testes de permutação para a determinação de limites de significância e o método *Bootstrap*, para determinação do intervalo de confiança.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi detectada a presença de um QTL afetando peso ao nascimento ($P < 0,01$) com valor máximo da estatística F ou seja, a mais provável localização do QTL, à 69 cM do centrômero (Figura 1).

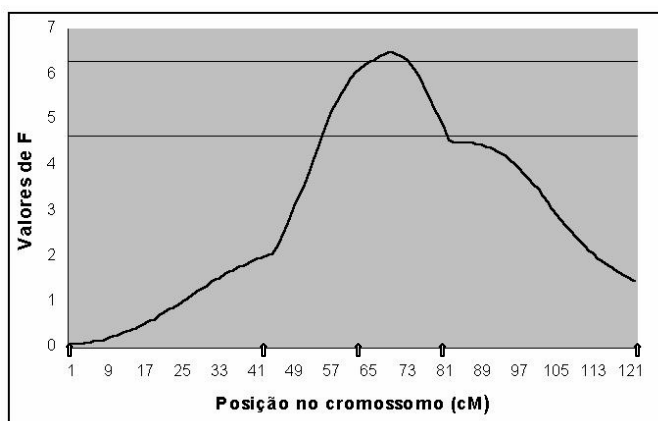


FIGURA 1. Perfil da estatística F para peso ao nascimento no cromossomo cinco. As linhas horizontais superior e inferior representam os níveis de significância à 1% ($F = 6,44$) e à 5% ($F = 4,67$), respectivamente. As setas sob o eixo do x indicam a posição dos marcadores no cromossomo: BMS6026 (0.0 cM), BM321 (43.3 cM), BMS490 (64.4 cM), BMS1617 (81.4 cM) e BMS1248 (121.7 cM). O QTL foi localizado à 69 cM do centrômero ($F = 6,49$)

A relação entre essa região do cromossomo cinco e características de crescimento foi anteriormente relatada. QTLs para peso ao nascimento em populações cruzadas *Bos taurus* x *Bos indicus*, foram descritos por Davis *et al.* (1998) e Machado *et al.* (2002). Stone *et al.* (1999) relataram



QTLs afetando características de carcaça. Casas *et al.* (2002) encontraram QTLs significativos para peso ao nascimento e desenvolvimento muscular em progênie de animais cruzados. Li *et al.* (2002) detectaram dois QTLs para peso ao nascimento em *Bos taurus*, entre 20-20 cM e 65-75 cM.

CONCLUSÕES

Foi mapeado um QTL altamente significativo ($P < 0,01$) para peso ao nascimento no cromossomo cinco, posicionado à 69 cM do centrômero, na população F_2 de animais Gir x Holandês.

A construção de mapas de ligação se mostrou uma ferramenta muito útil para análises de mapeamento de QTLs, assim como, o delineamento experimental adotado. A região analisada nesse trabalho apresenta bom potencial para aplicação em MAS, devido à consistência dos resultados em diferentes populações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARENDSE, W.; VAIMAN, D.; KEMP, S.J.; *et al.* A medium-density genetic linkage map of the bovine genome. **Mammalian Genome**, v.8, p.29-36, 1997.
- CASAS, E.; SHACKELFORD, S.D.; KEELE, J.W.; *et al.* Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate forms of myostatin. **Journal of Animal Science**, v.78, p.560-569, 2000.
- CASAS, E.; KEELE, J.W.; SHACKELFORD, S.D.; *et al.* Quantitative trait loci for birth weight, longissimus muscle area, and marbling on bovine chromosome 5. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON ANIMAL GENETICS, 28., 2002. Goettingen, Germany. **Abstracts...** Goettingen: International Society for Animal Genetics, 2002. p.163.
- DAVIS, G.P.; HETZEL, D.J.S.; CORBET, N.J.; *et al.* The mapping of quantitative trait loci for birth weight in a tropical beef herd. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6, 1998., Armidale, Australia. **Proceedings...**, p.441-444, 1998.
- GREEN, P.; FALLS, K.; CROOKS, S. CRIMAP Documentation version 2.4 <<http://biobase.dk/Embnetut/Crimap>>, 1990.
- KAPPES, S.M.; KEELE, J.W.; STONE, R.T.; *et al.* A second-generation linkage map of the bovine genome. **Genomic Research**, v.7, p.235-249, 1997.
- KIRKPATRICK, B.W.; BECKY, M.B. AND GREGORY, K.E. Mapping quantitative trait loci for bovine ovulation rate. **Mammalian Genome**, v.11, p.136-139, 2000.
- LI, C.; BASARAB, J.; SNELLING, W.N.; *et al.* The identification of common haplotypes on bovine chromosome 5 within commercial lines of *Bos taurus* and their association with growth traits. **Journal of Animal Science**, v.80, p.1187-1194, 2002.
- MACHADO, M.B.B.; ALENCAR, M.M.; PEREIRA, A.P. QTL affecting body weight in a candidate region of cattle chromosome 5. **Genetics and Molecular Biology**, v.26, p.259-265, 2003.
- MADALENA, F.E.; TEODORO, R.L.; LEMOS, A.M.; *et al.* Evaluation of strategies for crossbreeding of dairy cattle in Brazil. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.1887-1901, 1990.
- SEATON, G.; HALEY, C.S.; KNOTT, S.A.; *et al.* QTL Express. < <http://qtl.cap.ed.ac.uk> > 2002.
- STONE, R.T.; KEELE, J.W.; SHACKELFORD, S.D.; *et al.* A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting carcass and growth traits. **Journal of Animal Science**, v.77, p.1379-1384, 1999.