



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Influência de alguns polimorfismos genéticos sobre características de carcaça em bovinos da raça Nelore

Fernanda Marcondes de Rezende¹, José Bento Sterman Ferraz², Saulo da Luz Silva²,
Júlio Cesar Balieiro², Joanir Pereira Eler², Flávio Vieira Meirelles², Jaime Urdapilleta
Tarouco², Francisco Rodrigo Martins², Victor Breno Pedrosa²

¹Mestranda em Zootecnia pela FZEA/USP, e-mail: frezende@usp.br, bolsista da FAPESP

²Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Departamento de Ciências Básicas da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga-SP

Resumo – Características de carcaça mensuradas por ultra-sonografia em 1.751 animais e de carcaça ao abate de 630 animais da raça Nelore foram consideradas neste estudo para a avaliação da influência de polimorfismos genéticos associados aos genes CAPN316, CAPN530, CAPN4751, DGAT1, FABP4, TFAM1 e TFAM2. Os marcadores CAPN4751 e TFAM1 tiveram efeitos estatisticamente significativos sobre medidas obtidas por ultra-sonografia e sobre a área de olho de lombo ($P < 0,06$), enquanto CAPN316, DGAT1 e TFAM2 tiveram influência significativa na espessura de gordura em P8 medida por ultra-som (EGP_US), EGP_US e área de olho de lombo medida por ultra-som (AOL_US), respectivamente ($P < 0,10$).

Palavras-chave: bovinos de corte, qualidade de carcaça, marcador molecular, ultra-sonografia, SNPs

Influence of some genetic polymorphisms on carcass traits of Nelore beef cattle

Abstract – Carcass traits, measured by ultrasound in 1,751 animals and measured on carcass of 630 animals, both from Nelore young bulls, were used to study their relationship with genetic polymorphisms related with CAPN316, CAPN530, CAPN4751, DGAT1, FABP4, TFAM1, and TFAM2 genes. CAPN4751 and TFAM1 influenced traits measured by ultrasound and carcass ribeye ($P < 0.06$) and CAPN316, DGAT1, and TFAM2 were significantly associated ($P < 0.10$) to some ultrasound and carcass traits.

Keywords: beef cattle, carcass quality, molecular marks, ultrasound, SNPs

Introdução

Muitos são os polimorfismos genéticos descritos na literatura que têm seu efeito associado às características de qualidade e composição da carcaça e da carne bovina. Dentre eles, três polimorfismos devido a mutações em um simples nucleotídeo (SNP) no gene da calpaína, identificados como CAPN316, CAPN4751 e CAPN530 foram inicialmente associados à maciez da carne em bovinos de corte por White et al. (2005).

Recentemente, Thaller et al. (2003) sugeriram que uma substituição aminoácida não conservativa de uma lisina por uma alanina associada à enzima diacilglicerol

aciltransferase (DGAT1) possa influenciar a deposição de gordura na carne. Outros dois polimorfismos ligados aos genes das proteínas de ligação dos ácidos graxos (FABP4) e do fator mitocondrial de transcrição A (TFAM) tiveram seu efeito relacionado à deposição de gordura subcutânea e ao marmoreio em animais F₂ Wagyu x Limousin (Jiang et al., 2005; Michal et al., 2006).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar as frequências gênicas e genóticas de polimorfismos associados aos genes CAPN316, CAPN530, CAPN4751, DGAT1, FABP4, TFAM1 e TFAM2, bem como avaliar a associação entre esses e características de qualidade da carcaça mensuradas *in vivo* por ultra-sonografia e na carcaça após o abate de bovinos da raça Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações de 1.751 animais da raça Nelore pertencentes ao projeto de melhoramento genético da Agro-Pecuária CFM Ltda.. As mensurações da área de olho de lombo (AOL_US), espessura de gordura subcutânea (EGS_US) e espessura de gordura na P8 (EGP_US) foram feitas por ultra-sonografia nos animais com idade média de 433 dias. Para tanto, foi utilizado um aparelho de ultra-sonografia Piemedical Scanner 200 VET, com imagens colhidas entre a 12^a e a 13^a costelas e no sítio anatômico entre os músculos *Biceps femoris* e *Gluteus medius*, na região lombar P8. Posteriormente, 630 novilhos inteiros com idades entre 21 a 28 meses, dos quais 483 faziam parte do grupo de animais medidos com ultra-som, foram abatidos, em abatedouro comercial, ao atingirem peso vivo final de, aproximadamente, 560 kg, após serem confinados recebendo alimentação a base de silagem de milho e concentrado de média energia para a terminação. Após o abate as carcaças foram serradas longitudinalmente ao meio, pesadas para obtenção do peso da carcaça quente (PCQ) e armazenadas em câmara de resfriamento a 2° C ± 1° C por 24 horas. Passado o período de resfriamento, a hemi-carcaça esquerda de cada animal teve o contra-filé separado e esse foi utilizado para mensuração da área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS) no músculo *Longissimus* na altura da 12^a e 13^a costelas. Para medição da AOL foi utilizada uma grade transparente, graduada em centímetros, que ao ser sobreposta ao músculo permite a determinação de sua área em cm². A EGS foi determinada com o auxílio de uma régua graduada em milímetros.

Amostras de DNA foram extraídas a partir de 10 mL de sangue venoso por precipitação em NaCl. Os animais foram genotipados para oito marcadores do tipo SNP (CAPN316, CAPN530, CAPN4751, DGAT1, FABP4, TFAM1 e TFAM2) em laboratórios terceirizados *Geneseek Molecular Solutions for Breeding and Genetics*, de Lincoln, Nebraska (<http://www2.geneseek.com>).

As frequências gênicas e genóticas para cada marcador foram estimadas por contagem simples dos alelos e dos diferentes genótipos. O modelo estatístico misto considerou como efeitos fixos os marcadores moleculares e o grupo de contemporâneos, além das covariáveis idade à mensuração ou idade ao abate e, como efeitos aleatórios, o touro (pai do animal mensurado) e o efeito residual. As análises foram realizadas com a utilização dos procedimentos *FREQ* e *MIXED* do programa estatístico SAS, versão 9.1.

Resultados e Discussão

As frequências gênicas e genóticas para os marcadores analisados estão descritas na Tabela 1. Numa análise geral dos resultados descritos abaixo se observa uma tendência a fixação de alguns polimorfismos, principalmente daqueles associados aos genes DGAT1 e FABP4, dos quais, um dos homozigotos não foi encontrado na população avaliada.

Comparando os resultados descritos na Tabela 1 com as frequências gênicas relatadas por White et al. (2005) para os marcadores CAPN316 ($f(C) = 21,9\%$), CAPN4751 ($f(C) = 63,9\%$) e CAPN530 ($f(A) = 14,0\%$), em 597 animais do ciclo 8 do Projeto de Avaliação de Germoplasma do MARC - Clay Center, nota-se que as frequências gênicas observadas neste trabalho para os mesmos alelos são inferiores.

Tabela 1 - Frequências gênicas e genotípicas de marcadores moleculares analisados em bovinos da raça Nelore.

Marcador	Frequência genotípica	Frequência gênica
CAPN316 n = 1.749	F(CC) = 0,11 F(CG) = 0,29 F(GG) = 99,60	f(C) = 0,26 f(G) = 99,74
CAPN4751 n = 1.709	F(CC) = 3,04 F(CT) = 31,71 F(TT) = 65,24	f(C) = 18,90 f(T) = 81,10
CAPN530 n = 1.687	F(AA) = 0,47 F(AG) = 12,74 F(GG) = 86,78	f(A) = 6,84 f(G) = 93,15
DGAT1 n = 1.736	F(AA) = 99,48 F(AG) = 0,52 F(GG) = 0,00	f(A) = 99,74 f(G) = 0,26
FABP4 n = 1.730	F(CC) = 99,48 F(CG) = 0,52 F(GG) = 0,00	f(C) = 99,74 f(G) = 0,26
TFAM1 n = 1.718	F(CC) = 89,35 F(CT) = 10,07 F(TT) = 0,58	f(C) = 94,38 f(T) = 5,62
TFAM2 n = 1.709	F(AA) = 76,71 F(AC) = 21,18 F(CC) = 2,11	f(A) = 87,30 f(C) = 12,70

Para o marcador DGAT1, a frequência do alelo “A” foi superior à da forma alélica “G” diferindo dos resultados observados por Thaller et al. (2003) de frequências alélicas iguais a $f(A) = 44,6\%$ e $f(G) = 11,1\%$, respectivamente, em 28 animais da raça German Holstein e 27 da raça Charolês.

No estudo de Michal et al. (2006), as frequências genotípicas para o marcador FABP4 foram $F(CC) = 59,91\%$ e $F(GC) = 31,03\%$ em 232 animais F_2 Wagyu X Limousin, resultado esse inferior ao observado no estudo atual.

Jiang et al. (2005), ao genotiparem 237 animais F_2 Wagyu X Limousin para dois polimorfismos associados ao TFAM obtiveram frequências gênicas iguais a $f(C) = 60,76\%$ e $f(T) = 39,24\%$ para o TFAM1 e $f(A) = 43,67\%$ e $f(C) = 56,33\%$ para o TFAM2, frequências inferiores às observadas neste estudo.

Na Tabela 2 estão apresentados os níveis de significância para os marcadores moleculares analisados em relação às características AOL_US, EGS_US, EGP_US, PCQ, AOL e EGS. A análise dessa tabela indica que considerando o nível de significância igual a 6% o polimorfismo CAPN4751 teve influência sobre EGS_US, EGP_US e AOL. O marcador TFAM1 foi estatisticamente associado à característica EGP_US. Ao se considerar o nível de significância igual a 10%, os polimorfismos CAPN316, DGAT1 e TFAM2 tiveram influência significativa na EGP_US, EGP_US, e

AOL_US, respectivamente. Na Tabela 3 estão descritas as médias das características analisadas e a influência significativa dos marcadores moleculares, considerando o nível de significância de 6%.

Tabela 2 - Níveis de significância para os marcadores moleculares analisados em relação a olho de lombo (AOL_US), espessura de gordura subcutânea (EGS_US), e espessura de gordura em P8 (EGP_US); medidas por ultra-sonografia; e peso da carcaça quente (PCQ), área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea (EGS).

Marcadores	AOL_US	EGS_US	EGP_US	PCQ	AOL	EGS
CAPN316	0,3430	0,7366	0,0997*	0,5590	0,8335	0,6868
CAPN4751	0,2516	0,0166**	0,0197**	0,7393	0,0551**	0,8240
CAPN530	0,4615	0,4767	0,8534	0,1387	0,2040	0,2477
DGAT1	0,7669	0,8149	0,0908*	0,9430	0,4177	0,7173
FABP4	0,3477	0,5903	0,1152	0,7078	0,4339	0,1272
TFAM1	0,6480	0,1394	0,0509**	0,2149	0,7456	0,4123
TFAM2	0,0956*	0,7464	0,2085	0,5853	0,4067	0,3798

* significativo a 10%; ** significativo a 6%

Tabela 3 - Médias de área de olho de lombo (AOL_US), espessura de gordura subcutânea (EGS_US) e espessura de gordura em P8 (EGP_US), medidas por ultra-sonografia; e área de olho de lombo (AOL) e sua relação com os marcadores moleculares CAPN4751 e TFAM1 ($P < 0,06$) em bovinos da raça Nelore.

Marcadores	Genótipos	EGS_US, cm	EGP_US, cm	AOL, cm ²
CAPN4751	CC	1,92±0,17 ^b	3,46±0,24 ^b	70,54±1,80 ^b
	TC	2,03±0,07 ^b	3,57±0,10 ^b	72,46±1,07 ^b
	TT	2,19±0,06 ^a	3,81±0,09 ^a	71,13±1,01 ^a
TFAM1	CC		3,66±0,08 ^b	
	CT		3,99±0,15 ^a	
	TT		4,16±0,52 ^a	

Conclusões

Apenas os marcadores CAPN4751 e TFAM1 influenciaram ($P < 0,06$) as características medidas por ultra-som e a área do olho de lombo na amostra analisada. Se considerado o nível de significância de 10%, CAPN316, DGAT1 e TFAM2 tiveram influência significativa na EGP_US, EGP_US e AOL_US, respectivamente.

Literatura Citada

- JIANG, Z.; KUNEJ, T.; MICHAL, J.J. et al. Significant associations of the mitochondrial transcription factor A promoter polymorphisms with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v.334, p.516-523, 2005.
- MICHAL, J.J.; ZHANG, Z.W.; GASKINS, C.T. et al. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. **Animal Genetics**, v.37, p.400-402, 2006.
- THALLER, G.; KÜHN, C.; WINTER, A. et al. DGAT1, a new positional and functional candidate gene for intramuscular fat deposition in cattle. **Animal Genetics**, v.34, p.354-357, 2003.
- WHITE, S.N.; CASAS, E.; WHEELER, T.L. et al. A new single nucleotide polymorphism in CAPN1 extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. **Journal of Animal Science**, v.83, p.2001-2008, 2005.