



VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008

SNPs associados à qualidade de carcaça e de carne em bovinos da raça Nelore¹

Luís Fernando Batista Pinto², José Bento Sterman Ferraz³, Julio César de Carvalho Balieiro³, Joanir Pereira Eler³, Flávio Vieira Meirelles³, Saulo da Luz Silva², Fernanda Marcondes de Rezende⁴, Marina de Nadai Bonin⁴, Diego de Córdova Cucco⁴, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira³

¹Parte do projeto de pós-doutorado do primeiro autor, financiado pela FAPESP (processo 07/50736-2).

²Pós-Doutorando do Departamento de Ciências Básicas – FZEA/USP – Pirassununga/SP. Bolsista FAPESP. e-mail: luisfernando@zootecnista.com.br

³Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da FZEA/USP

⁴Pós-graduando da FZEA/USP

Resumo - O objetivo do presente estudo foi testar associações entre oito SNPs (*EXON2FB*, *LEPA1457*, *LEPT945M*, *TFAM2*, *TFAM1*, *TFAM3*, *UCP1SNP1* e *GHR2*) e as características espessura de gordura subcutânea (EGS) e área de olho de lombo (AOL) medidas na região entre a 12^a e 13^a costela (músculo *Longissimus dorsi*), além de peso da carcaça quente (PCQ) e do pH da carcaça obtido 24 horas após o abate (pH24). Dados de 468 animais da raça Nelore foram submetidos ao teste razão de verossimilhanças entre um modelo reduzido (efeitos fixos: média geral e grupo de contemporâneos) e um modelo completo (efeitos do modelo reduzido mais efeitos de QTL). Os marcadores *LEPT945M*, *UCP1SNP1*, *GHR2* e *TFAM2* foram associados com AOL, PCQ, PCQ e pH24, respectivamente. Os marcadores *UCP1SNP1* e *GHR2* apresentaram apenas efeito aditivo significativo para PCQ, enquanto o *LEPT945M* e o *TFAM2* apresentaram efeitos aditivo e de dominância significativos para AOL e pH24, respectivamente. As frequências gênicas dos diferentes alelos destes marcadores indicam que se pode esperar resposta positiva com a seleção assistida, entretanto, a variância residual explicada por eles foi geralmente baixa, logo a magnitude da resposta a seleção pode ser pequena.

Palavras-chave: *Bos indicus*, Leptina, Qualidade de carne, TFAM, UCP1

SNPs associated to carcass and meat traits in Nellore cattle

Abstract - This study aims testing associations between seven SNPs (*EXON2FB*, *LEPA1457*, *LEPT945M*, *TFAM2*, *TFAM1*, *TFAM3* and *UCP1SNP1*) with the traits backfat thickness (EGS) and rib eye area (AOL) evaluated among 12nd and 13th rib region (*Longissimus dorsi* muscle), besides hot carcass weight (PCQ) and carcass pH obtained 24 hours after slaughter (pH24). Carcass data from 468 Nellore (*Bos indicus*) animals were tested with likelihood ratio between a reduced model (fixed effects: general average and contemporary group) and a full model (effects of reduced model and SNP genotype

effects). The markers *LEPT945M*, *UCP1SNP1*, *GHR2* and *TFAM2* were associated with AOL, PCQ, PCQ and pH24, respectively. The *UCP1SNP1* and *GHR2* presented only additive effect, while the *LEPT945M* and *TFAM2* showed additive and dominance effects. The frequencies of different alleles indicate that these markers can be used in assisted selection, however, the residual variance explained by them was generally low, and thus the magnitude of the response may be small.

Keywords: *Bos indicus*, meat quality, Leptin, TFAM, UCP1.

Introdução

Dentre as características que evidenciam qualidade de carcaça em bovinos, a área de olho de lombo, a espessura da gordura subcutânea e o peso da carcaça quente são muito estudadas, pois são fortes indicadores do rendimento da carcaça e das partes nobres da carcaça. Por outro lado, o pH medido na carcaça 24 horas após o abate tem grande associação com características que determinam qualidade da carne como coloração, maciez e perdas de água por exsudação. Todas essas características têm em comum o fato de serem de difícil mensuração, principalmente, o pH24 e o peso da carcaça quente. Portanto, as informações oriundas de marcadores moleculares podem ser de grande utilidade no processo de identificação e seleção dos animais com maiores valores genéticos. Este tipo de seleção é conhecido como seleção assistida por marcadores e tem como característica não requerer o abate dos animais, além de poder ser conduzida precocemente, mesmo antes da expressão fenotípica, por exemplo no nascimento do animal.

Os marcadores associados à leptina (*EXON2FB*, *LEPA1457* e *LEPT945M*), ao fator de transcrição mitocondrial (*TFAM1*, *TFAM2* e *TFAM3*), ao receptor do hormônio do crescimento (*GHR2*) e à síntese de proteínas transportadoras de prótons e anions através da membrana mitocondrial (*UCP1SNP1*) são bons candidatos para estudos de associação com qualquer uma das características supracitadas, pois estão envolvidos com importantes etapas do metabolismo celular de diversos tecidos (Bouillaud et al. (2001), Dos Santos et al. (2004), Nkrumah et al. (2005) e Kang et al. (2007)). Assim, o presente estudo tem por objetivo detectar associação entre estes marcadores moleculares e a área do músculo *Longissimus dorsi*, espessura de gordura subcutânea no *Longissimus dorsi*, peso da carcaça quente e pH da carcaça 24 horas após o abate, em animais da raça Nelore.

Material e Métodos

Foram utilizados dados de 468 animais machos não castrados da raça Nelore, criados em pastagem até cerca de 18 meses de idade e então confinados até o abate entre 22 e 26 meses. De amostras do músculo *Longissimus dorsi* foram obtidas as medidas de área de olho de lombo e espessura de gordura subcutânea. Além disso, o peso da carcaça quente e o pH da carcaça, medido 24 horas após o abate também foram considerados nos testes de associação. Os marcadores utilizados foram: *LEPT945M*, *E2FB*, *LEPA1457* (todos associados a leptina), *TFAM1*, *TFAM2* e *TFAM3* (todos associados ao fator de transcrição mitocondrial), *GHR2* (associado ao receptor do hormônio do crescimento) e o *UCP1SNP1* associado a síntese de proteínas transportadoras situadas na membrana mitocondrial. As frequências gênicas e genotípicas foram obtidas no *statistical analysis system - SAS* (2004).

As associações entre os marcadores SNPs e as características foram avaliadas com o programa QXPAK segundo Perez-Enciso e Misztal (2004). Foi realizado um teste razão de verossimilhança (LRT) entre o modelo reduzido $Y_{ij} = \mu + GC_i + e_{ij}$, onde Y_{ij} é o valor

fenotípico, μ é a média geral, GC_i é o efeito fixo de grupo de contemporâneo obtido da data de abate e e_{ij} é o resíduo aleatório. Para testar o efeito aditivo e o efeito de dominância foram utilizados os modelos completos $Y_{ij} = \mu + GC_i + \beta_{ij}A + e_{ij}$ e $Y_{ij} = \mu + GC_i + \lambda_{ij}D + e_{ij}$, respectivamente, onde os termos novos são: o efeito aditivo A associado ao coeficiente β_{ij} e o efeito de dominância D associado ao coeficiente λ_{ij} . Também foi utilizado o modelo completo $Y_{ij} = \mu + GC_i + \beta_{ij}A + \lambda_{ij}D + e_{ij}$, onde os efeitos A e D são testados simultaneamente.

Resultados e Discussão

Os marcadores associados às características aqui estudadas estão segregando satisfatoriamente na raça Nelore (Tabela 1). Todas as três classes genóticas possíveis de cada marcador SNP foram encontradas na amostra de 468 animais. Entretanto, para o marcador *LEPT945M* o genótipo *T/T* foi bastante raro (encontrado em apenas dois animais). Essa reduzida frequência é um problema para cálculo do efeito aditivo, que foi obtido por meio do contraste dos valores médios dos dois homozigotos, pois a média fenotípica do genótipo raro pode ter sido sub ou superestimada. A frequência do genótipo heterozigoto foi de no mínimo 20,98% (98 animais heterozigotos para o *TFAM2*) e de no máximo 32,59% (146 animais heterozigotos para o *UCP1SNP1*). A boa frequência de heterozigotos indica que a frequência gênica não será um empecilho para a seleção assistida utilizando qualquer marcador aqui estudado.

Tabela 1. Frequências gênicas e genóticas dos marcadores com associação significativa com características de carcaça em bovinos da raça Nelore.

Marcador	Frequência gênica		Genótipo – número de animais		
UCP1SNP1	C – 0,81	G – 0,19	(C/C - 289)	(C/G - 146)	(G/G - 13)
GHR2	G – 0,84	A – 0,16	(G/G - 331)	(G/A - 122)	(A/A - 14)
TFAM2	A – 0,87	C – 0,13	(A/A - 356)	(A/C - 101)	(C/C - 9)
LEPT945M	C – 0,89	T – 0,11	(C/C - 367)	(C/T - 98)	(T/T - 2)

O *LEPT945m* é um marcador cuja mutação está localizada no cromossomo 3 na posição 115 do exon 20 do gene do receptor da leptina, um hormônio que está relacionado com o metabolismo e controle do apetite. Este marcador apresentou efeitos aditivo e de dominância significativos ($P < 0,05$) para AOL (Tabela 2) e o genótipo *C/C* apresentou maior média de área de olho de lombo

O *TFAM2* é um marcador cuja mutação está localizada no cromossomo 28 e está relacionado com a atividade de transcrição mitocondrial, através da regulação do número de cópias do mtDNA de tecidos específicos incluindo os tecidos adiposos, auxiliando a marmorização e a gordura subcutânea. Aqui este marcador foi associado com pH medido na carcaça 24 horas após o abate e o genótipo *C/C* apresentou maior média de pH.

O *GHR2* é um marcador cuja mutação está localizada no cromossomo 20 no Exon 1 da região promotora do gene do receptor do hormônio do crescimento, portanto está relacionado com o desenvolvimento de vários tecidos. Aqui este marcador foi associado com PCQ e o genótipo *G/G* apresentou maior média para peso de carcaça quente.

O *UCP1SNP1* é um marcador cuja mutação está localizada no cromossomo 17. O gene *UCP1* (*uncoupling protein*), se expressa exclusivamente nos adipócitos marrom e em

humanos está associado ao controle do peso corporal segundo Bouillaud *et al.* (2001). Aqui este marcador foi associado com PCQ e o genótipo G/G apresentou maior média de PCQ.

Os marcadores que foram significativamente associados às características do presente estudo precisam ser mais estudados, para verificar a possibilidade de emprego dessas informações em programas de melhoramento da raça Nelore. Podem ser esperados ganhos genéticos na qualidade da carne e da carcaça na referida raça, entretanto, é necessário mencionar que o fator limitante pode ser o reduzido percentual de variância residual explicado por estas marcas, geralmente inferior a 1% (Tabela. 2).

Tabela 2. QTLs significativos para área de olho de lombo (AOL), pH final (pH24) e peso da carcaça quente (PCQ) em bovinos da raça Nelore.

Característica	Marcador	TE ¹	Efeito ± EP ²	LRT ³	Probabilidade	% ⁴
PCQ	UCP1SNP1	a	3,27 ± 1,15	7,92	0,0049	1,57
PCQ	GHR2	a	2,48 ± 1,21	4,19	0,0407	0,89
PH24	TFAM2	a	0,13 ± 0,04	11,48	0,0032	0,20
		d	0,16 ± 0,05			
AOL	LEPT945M	a	-1.82 ± 0,73	6,12	0,0134	0.39
		d	-1,93 ± 0,76	6,35	0,0117	0,44

1 – Tipo de Efeito aditivo (a) e dominância (d); 2 – Erro-padrão; 3 – Teste Razão de Verossimilhanças; 4 - Percentual de variância residual no modelo reduzido que é explicado pelo QTL.

Conclusões

Os marcadores *UCP1SNP1*, *GHR2*, *LEPT945M* e *TFAM2*, estão associados a características que evidenciam qualidade de carcaça e de carne na raça Nelore, porém, isoladamente explicam reduzidos percentuais de variância.

Agradecimentos

Os autores agradecem a FAPESP pela concessão de bolsa (Projeto - 07/50736-2).

Literatura Citada

- BOUILLAUD, F.; COUPLAN, E.; PECQUEUR, C. et al. Homologues of the uncoupling protein from brown adipose tissue (UCP1): UCP2, UCP3, BMCP1 and UCP4. **Biochimica et Biophysica Acta**, v.1504, p.107-119, 2001.
- Dos SANTOS, C.; ESSIUX, L.; TEINTURIER C. et al. A common polymorphism of the growth hormone receptor is associated with increased responsiveness to growth hormone. **Nature Genetics**, v.36, p.720-724, 2004.
- KANG, D.; KIM, H.S.; HAMASAKI, N. Mitochondrial transcription factor A (TFAM): Roles in maintenance of mtDNA and cellular functions. **Mitochondrion**, v.7, p.39-44, 2007.
- NKURUMAH, J.D.; LI, C.; YU, J. et al. Polymorphisms in the bovine leptin promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. **Journal of Animal Science**, v.83, p.20-28, 2005.
- PÉREZ-ENCISO, M.; MISZTAL, I. Qxpak: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. **Bioinformatics**, v.20, p.2792-2798, 2004.
- SAS. **SAS/STAT User's Guide**: version 9.1. North Caroline, SAS Institute, 2004. 5136p.