



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

### **Detecção de *Quantitative Trait Loci* (QTL) associados a características de qualidade de carne no cromossomo 9 de suínos<sup>1</sup>**

Miguel Inácio da Silva Filho<sup>2</sup>, Ana Paula Gomes Pinto<sup>2</sup>, Marcos Soares Lopes<sup>3</sup>, Katiene Régia Silva Souza<sup>4</sup>, Débora Martins Paixão<sup>4</sup>, Paulo Sávio Lopes<sup>5</sup>, Simone Eliza Facioni Guimarães<sup>5</sup>, Mário Sérgio Pereira<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Financiamento: CAPES, CNPq, FAPEMIG

<sup>2</sup>Estudante de mestrado em Genética e Melhoramento – UFV. E-mail: miguelisf@yahoo.com.br;

paulagommes11@yahoo.com.br

<sup>3</sup>Estudante de graduação em Zootecnia – UFV. E-mail: marcosmsl@hotmail.com

<sup>4</sup>Estudante de doutorado em Zootecnia – UFV. E-mail: katiene\_regia@hotmail.com; debzootec@hotmail.com

<sup>5</sup>Professor (a) do Departamento de Zootecnia – UFV. E-mail: plopes@ufv.br; sfacioni@ufv.br

<sup>6</sup>Técnico do Departamento de Zootecnia – UFV. E-mail: mariosepe@yahoo.com.br

**Resumo:** *Quantitative Trait Loci* (QTL) são regiões cromossômicas relacionadas com a variação das características quantitativas. Se um marcador molecular polimórfico estiver próximo e ligado a um QTL, é possível associar a variação de uma característica quantitativa de interesse com o genótipo do marcador, que será indicativo do genótipo do QTL. Nesse sentido, objetivou-se com este estudo mapear QTL para características de qualidade de carne no cromossomo nove de suínos pertencentes a uma população F2 piau x comercial. Para realização de tal mapeamento, os dados genotípicos e fenotípicos da citada população foram submetidos ao *software* QTL EXPRESS. Não foram detectados QTL significativos ( $\alpha = 1\%$ ,  $\alpha = 5\%$ ) para características de qualidade de carne no referido cromossomo, segregando na população em estudo.

**Palavras-chave:** cromossomo nove, microssatélites, QTL, suínos

### **Detection of *Quantitative Trait Loci* (QTL) affecting meat quality in pig chromosome nine**

**Abstract:** *Quantitative Trait Loci* (QTL) are chromosomal regions related to the variation in quantitative traits. If a polymorphic molecular marker is close and linked to a QTL, it is possible to relate the variation of a quantitative trait of interest with the genotype of the marker and this marker will be an indicator of the QTL genotype. In this sense, the objective of this study was map QTL affecting meat quality on chromosome nine of pigs in a F2 population piau x commercial. With this intention, genotypic and phenotypic data of that population were submitted to software QTL EXPRESS. There was no detected QTL for meat quality in chromosome nine, in the studied population.

**Key words:** chromosome nine, microsatellites, QTL, pigs

## Introdução

Apesar de algumas características serem controladas por um ou poucos genes relativamente sem influência do meio ambiente, segundo Carrijo (2004), os caracteres de interesse econômico em animais domésticos, em geral, apresentam-se como quantitativos e são transmitidos às gerações subseqüentes conforme um padrão de herança poligênica. Como a segregação desses genes não pode ser acompanhada individualmente, houve a necessidade do desenvolvimento de metodologias essencialmente estatísticas para o estudo desses caracteres métricos.

Por definição, *Quantitative Trait Loci* (QTL) são regiões cromossômicas relacionadas com a variação das características quantitativas. Os QTL têm sido identificados como associações estatísticas entre dados relativos a uma região genômica e a variabilidade fenotípica existente entre populações segregantes (Liu, 1998).

A hipótese empregada para a localização de um QTL é de que marcadores moleculares polimórficos estejam próximos e ligados ao QTL, de forma que, na maioria da progênie de um indivíduo heterozigoto para o marcador, seja possível associar a variação na característica quantitativa de interesse com o genótipo do marcador, que será indicativo do genótipo do QTL. A frequência de ocorrência de recombinação causada por *crossing-over* nos cromossomos dos indivíduos parentais permitirá estabelecer a estimativa da distância genética entre o marcador e o QTL. Como a localização do marcador é conhecida, desta forma será possível conhecer a estimativa da localização do QTL (Mota et al., 2006).

Assim, uma das situações de escolha é o mapeamento cromossômico por meio de marcadores anônimos, como os locos de microssatélites.

Objetivou-se com este estudo, mapear QTL para características de qualidade de carne no cromossomo nove de suínos pertencentes a uma população F2 piau x comercial.

## Material e Métodos

A formação da população F2 e a obtenção dos dados fenotípicos foram realizadas na Granja de Melhoramento de Suínos e as análises genotípicas, no Laboratório de Biotecnologia Animal (LABTEC), ambos pertencentes ao Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (DZO-UFV). Para tanto foi formada uma população experimental que era composta por 20 animais parentais, sendo dois machos da raça naturalizada Piau e dezoito fêmeas de uma linha comercial (Landrace x Large White x Pietrain), além de 65 animais da geração F1 e 614 da F2.

Foram avaliadas as seguintes características de qualidade de carne: pH 45 minutos após o abate (pH45), pH 24 horas após o abate (pH24), porcentagem de gordura intramuscular (GORINT), perda por gotejamento (GOTEJ), perda por cozimento (COZ), perda total (PTOT), força de cisalhamento (MACIEZ), luminosidade (L), índice de vermelho (A), índice de amarelo (B) e índice de saturação (C).

Foram utilizados cinco locos de microssatélites (SW21 a 0cM, SWR1848 a 42,6 cM, SW940 a 60,9 cM, S0295 a 98,4 cM, SW2116 a 138,1 cM), com espaçamento médio entre marcador de 34,5 centiMorgan (cM), para cobrir o cromossomo nove. As amplificações foram realizadas em termocicladores MJ Research PTC 100-96® e os produtos desta reação foram submetidos à eletroforese em géis de poliacrilamida 8%, que posteriormente foram corados com nitrato de prata 0,2%. As amostras foram então submetidas à análise de fragmentos em seqüenciador automático ABI PRISM 310, utilizando-se o programa GeneScan® (Applied Biosystems) para a análise dos fragmentos amplificados.

O mapa de ligação contendo as distâncias entre os marcadores na presente população, os genótipos para os diversos marcadores e os dados fenotípicos foram submetidos ao QTL EXPRESS (<http://ww.qtl.cap.ed.ac.uk>). Os limiares de significância cromossômica ( $\alpha=0,05$  e  $\alpha=0,01$ ) foram determinados a partir de testes de 10.000 permutações. Os efeitos aditivos e de dominância foram estimados de acordo com Pérez-Enciso et al. (2000).

### Resultados e Discussão

Não foram encontrados QTL significativos para características de qualidade de carne no cromossomo nove de suínos da população F2 Piau x Comercial. Na Tabela 1 é apresentado um resumo das estatísticas F máximas e suas posições (cM), além das estimativas dos efeitos aditivos e de dominância, com os respectivos erros-padrão.

Tabela 1 – Resumo dos valores máximos do teste de razão de variância, suas posições (cM) para os QTL e respectivas estimativas dos efeitos aditivos e de dominância

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	Aditivo ( $\pm$ EP) <sup>1</sup>	Dominância ( $\pm$ EP) <sup>1</sup>
pH45	0	2,37	-0,0126 $\pm$ 0,0561	-0,2307 $\pm$ 0,1061
pH24	25	1,55	0,0562 $\pm$ 0,040	0,0967 $\pm$ 0,0850
L	127	1,29	-0,4283 $\pm$ 0,2975	0,3302 $\pm$ 0,6028
A	9	0,76	-0,276 $\pm$ 0,2440	0,2066 $\pm$ 0,5222
B	138	3,41	-0,1276 $\pm$ 0,0547	0,086 $\pm$ 0,0944
GORINT	0	2,74	-0,2124 $\pm$ 0,0964	-0,1687 $\pm$ 0,1825
GOTEJ	95	3,35	-0,2864 $\pm$ 0,1441	-0,4166 $\pm$ 0,2424
COZ	93	2,06	-0,0124 $\pm$ 0,2225	-0,7928 $\pm$ 0,3910
MACIEZ	25	2,67	40,6496 $\pm$ 104,2112	509,5039 $\pm$ 221,8774
PTOT	93	3,29	-0,305 $\pm$ 0,2966	-1,2459 $\pm$ 0,5211
C	135	2,91	-0,1949 $\pm$ 0,0818	0,0186 $\pm$ 0,1487

<sup>1</sup> EP = erro-padrão

Não foram encontrados na literatura consultada relatos de trabalhos utilizando pH45, talvez pela dificuldade de mensuração desta característica, que deve ser realizada ainda no frigorífico. No entanto, o pH45 é muito importante, pois influencia várias outras características de qualidade de carne, principalmente a capacidade de retenção de água, a coloração e a maciez.

De Koning *et al.* (2001), ao realizarem uma varredura genômica com o auxílio de 132 marcadores microssatélites, em uma população F2 formada pelo cruzamento entre a raça chinesa Meishan e linhas comerciais da Holanda, composta por 785 animais, encontraram QTL sugestivos ( $P>0,05$ ) para pH24 e MACIEZ, próximos ao marcador S0295. No presente estudo, tais QTL foram detectados e também não atingiram o limiar de significância.

Roher *et al.* (2005), ao utilizarem uma população F2 Duroc–Landrace em uma varredura genômica, não encontraram QTL significativos para características de qualidade de carne no cromossomo nove.

### Conclusões

Não foram encontrados QTL significativos para características de qualidade de carne no cromossomo nove de suínos da população F2 Piau x Comercial.

### Literatura Citada

- CARRIJO, S.M. Associação de polimorfismo do gene PIT1 com características de produção de carne em bovinos da raça Canchim. São Carlos, SP: UFSCar, 2004. 98 p. **Tese** (Doutorado) – Universidade Federal de São Carlos, 2004.
- De KONING, D.J.; RATTINK, A.P.; HARLIZIUS, B.; GROENEN, M.A.M.; BRASCAMP, E.W.; VAN ARENDONK, J.A.M. Detection and characterization of quantitative trait loci for meat quality traits in pigs. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2812-2819, 2001.
- LIU, B.H. Computacional tools for study of complex traits. In: **Molecular Dissection of Complex Traits**. Editor: Paterson, A. H., CRC Press, Nova York, 1998. p.43-80.
- MOTA, A.F.; MARTINEZ, M.L.; COUTINHO, L.L. **Localização de locos gênicos de características quantitativas (QTLs) em gado de leite – premissas e estratégias**. Disponível em: <[http://www.saudeanimal.org.br/trab\\_cientifico/locos\\_genicos/locos\\_genicos.pdf](http://www.saudeanimal.org.br/trab_cientifico/locos_genicos/locos_genicos.pdf)>. Acesso em: 22 ago. 2006.
- PÉREZ-ENCISO, M.; CLOP, A.; NOGUERA, J.L.; ÓVILO, C.; COLL, A.; FOLCH, J.M.; BABOT, D.; ESTANY, J.; OLIVER, I.D.; SÁNCHEZ, A. A QTL on pig chromosome 4 affects fatty acid metabolism: evidence from Iberian by Landrace intercross. **Journal of Animal Science**, v.78, p.2525-2531, 2000.
- ROHRER, G.A.; THALLMAN, R.M.; SHACKELFORD, S.; WHEELER, T.; KOOHMARAIE M. A genome scan for loci affecting pork quality in a Duroc–Landrace F2 population. **Animal Genetics**, v.37, p.17–27, 2005.