

## VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

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

### Detecção de locos de características quantitativas associadas a características de corte de carcaça no cromossomo 5 de suínos<sup>1</sup>

Miguel Inácio da Silva Filho<sup>2</sup>, Katiene Régia Silva Souza<sup>4</sup>, Marcos Soares Lopes<sup>3</sup>, Ana Paula Gomes Pinto<sup>2</sup>, Priscila Vendramini Silva<sup>2</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; priscilavendra@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** – Experimentos que visam à detecção de QTL em suínos têm permitido o aumento de informações sobre características importantes economicamente na indústria suinícola. Essas informações podem ser utilizadas na Seleção Assistida por Marcadores (MAS), o que permite selecionar os animais que estão associados com os alelos favoráveis do QTL. Dessa maneira, objetivou-se com esse estudo a detecção de QTL relacionados a características de corte de carcaça no cromossomo cinco de suínos pertencentes a uma população F2. Os animais foram genotipados com três marcadores microssatélites (SJ024, SW1987 e SW378) distribuídos ao longo do cromossomo cinco. Após a genotipagem dos animais, a detecção de QTL foi realizada por meio do programa QTLEXPRESS. Foram encontrados dois QTL a 5% de significância em nível cromossômico, sendo que um dos QTL encontrados foi para peso do pernil sem pele e sem capa de gordura e o outro para peso da paleta sem pele e sem capa de gordura. Tais QTL explicaram, respectivamente, 5,7% e 5,8% da variância fenotípica na população estudada. Ambas as características apresentaram efeito aditivo influenciado pelos alelos da linhagem comercial.

**Palavras-chave:** cromossomo 5, microssatélites, marcadores moleculares, suínos, QTL

### Detection of quantitative traits loci associated with carcass cut traits in chromosome eight of pigs

**Abstract** – Experiments that aim the detection of QTL in swine had allowed the increase of information about important economical traits in swine industry. This information can be used in Marker Assisted Selection (MAS) that allows to select the animals that have the advantageous allele of QTL. In this way, we aimed with this study the detection of QTL connected to carcass cuts traits in the chromosome 5 of swine of a F2 population Piau X

Commercial. The animals were genotyped for 3 microsatellite markers (SJ024, SW1987 e SW378) covering the chromosome 5. Subsequently, the detection was made through the program QTLEXPRESS and two QTL were detected at the 5% chromosome level for carcass cuts traits. One of this QTL was for skinless and fatless ham weight (kg), and the other was for skinless and fatless picnic shoulder weight (kg). Those QTL explained 5,7% and 5,8%, respectively, of the phenotypical variance in the population studied. Both characteristics showed additive effect influenced by alleles of commercial lineage.

**Keywords:** chromosome 5, microsatellite, molecular markers, swine, QTL

### Introdução

Muitos experimentos têm sido realizados para ajudar a identificar regiões genômicas ligadas a características economicamente importantes na indústria suinícola. Para identificar tais regiões faz-se uso dos marcadores moleculares. Esses devem estar ligados aos locos que controlam as características em estudo, a fim de que segreguem de uma geração para outra junto com o gene que afeta tal característica (Arús et al., 1993 citado por Nones, 2004).

Assim, as informações obtidas desses marcadores podem ser utilizadas na Seleção Assistida por Marcadores (MAS), o que permite selecionar os animais que possuem os alelos favoráveis do QTL. Essas informações também podem ser utilizadas nos programas de Introgessão Assistida por Marcadores (MAI), sendo que com esta estratégia é possível introduzir o alelo desejável em uma população na qual este não existia (Andersson, 2001).

Nesse sentido, objetivou-se com este estudo detectar QTL relacionados a características de corte de carcaça no cromossomo cinco de suínos pertencentes a uma população F2.

### Material e Métodos

Os dados fenotípicos foram obtidos na Granja de Melhoramento do Departamento de Zootecnia da UFV. A população experimental 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.

As características de cortes obtidas desses animais foram: peso total do pernil (PP), peso do pernil limpo (PPL), peso total da copa (PCOPA), peso da copa limpa (PCOPAL), peso total da paleta (PPA), peso da paleta limpa (PPAL), peso total do carré (PC), peso do lombo (PL), peso total do bacon (PB), peso das costelas (PCOST), peso total da papada (PAPADA), peso do filezinho (PF) e peso da banha rama (PBR).

As análises genotípicas foram conduzidas no Laboratório de Biotecnologia Animal do DZO-UFV. Foram utilizados três locos de microssatélites (SJ024, SW1987 e SW378), para cobrir o cromossomo cinco de suínos. As amplificações foram realizadas em termocicladores MJ Research PTC 100-96® e os produtos desta reação foram submetidos a 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 programa QTL EXPRESS (<http://ww.qtl.cap.ed.ac.uk>). O referido programa mapeia QTL por análise de intervalos utilizando a regressão linear. Foram estimados os

efeitos genéticos aditivos e de dominância para as características de desempenho relacionadas ao cromossomo em estudo.

### Resultados e Discussão

As associações, níveis de significância e as estimativas dos efeitos genéticos aditivos e de dominância, com seus respectivos erros padrão, para as regiões em que se encontram os QTL para características de corte de carcaça estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1- Valores máximos do teste de razão de variância (Fmax), com suas posições em cM, o intervalo de confiança (IC), as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de corte de carcaça significativas no cromossomo 5.

Caract. <sup>1</sup>	N <sup>2</sup>	Posição (IC <sup>3</sup> )	a ± se	d ± se	h <sup>2</sup> <sub>Q</sub> (%)	Fmax
PPL	539	146 (134 - 146)	-0,13 ± 0,04	-0,12 ± 0,08	5,7	5,68*
PPAL	540	114 (43 - 140)	-0,11 ± 0,03	-0,09 ± 0,06	5,8	5,99*

<sup>1</sup>Características de Corte de Carcaça: PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (Kg) e PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (Kg).

<sup>2</sup>Número de animais utilizados na análise, <sup>3</sup>Intervalo de Confiança a 95% dado em centiMorgan; a- efeito aditivo, d- efeito de dominância, se- erro padrão; h<sup>2</sup><sub>Q</sub> - fração da variância fenotípica na F<sub>2</sub> explicada pelo QTL em porcentagem.

\*, significativo a 5% (F=4,70), em nível cromossômico.

Foi identificado um QTL, que explica 5,7% da variância fenotípica na população, para peso do pernil limpo (PPL), na posição 146, e um para peso da paleta limpa (PPAL), na posição 114 cM, que explica 5,8% da variância fenotípica na população estudada. Ambos QTL apresentaram efeito aditivo, influenciado pelos alelos da linhagem comercial.

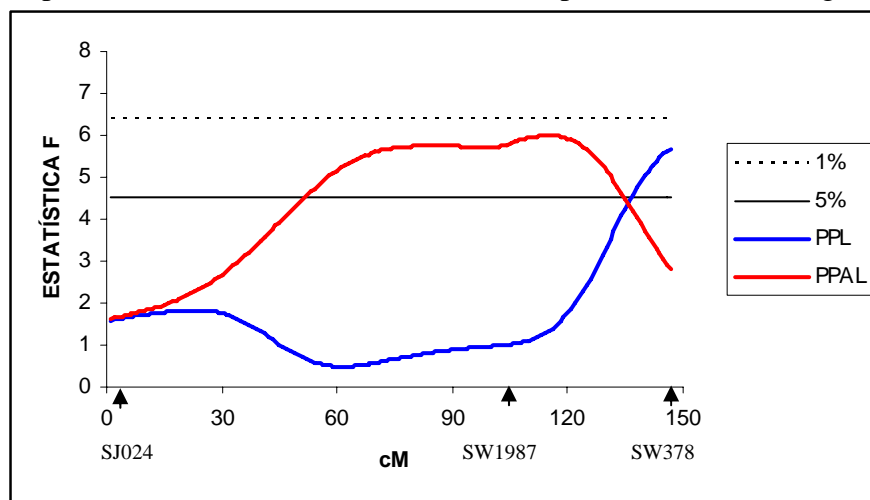


Figura 1- Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de corte de carcaça no cromossomo 5. As características incluídas foram PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura e PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura. As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Resultados semelhantes aos do presente estudo foram obtidos por Milan et al. (2002), que encontraram QTL para peso de pernil sem pele e sem gordura neste mesmo cromossomo evidenciado em população de Meishan e Large White na posição 118 cM e, por Van Wijk et al. (2006) na posição 93 cM, numa população oriunda do cruzamento de uma linha sintética de varrões Pietrain/Large White e fêmeas Comercial. Faz-se necessário a inclusão de outros marcadores para melhor delimitar o intervalo de confiança da região do QTL para PPL.

### Conclusões

Os dois QTL encontrados servem para aumentar o conhecimento sobre os mecanismos genéticos que controlam tais características. Estudos posteriores são necessários para determinar se esses QTL serão úteis nas populações comerciais de suínos e na identificação de genes responsáveis pelo efeito observado.

### Literatura Citada

- ANDERSON, L. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. **Nature**, v.2, p.130-138, 2001.
- CARCELLER, A.M. **Mapeo fino de QTL y análisis de genes candidatos relacionados com el metabolismo lipídico em um cruce de Ibérico x Landrace**. Disponível em: <[http://www.tesisenxarxa.net/TESIS\\_UAB/AVAILABLE/TDX-1109106-131749/amc1de1.pdf](http://www.tesisenxarxa.net/TESIS_UAB/AVAILABLE/TDX-1109106-131749/amc1de1.pdf)>. Acesso em: 29 de março de 2007.
- MILAN, D.; BIDANEL, J.P.; IANNUCELLI, N.; RIQUET, J.; AMIGUES, Y.; GRUAND, J.; LE ROY, P.; RENARD, C.; CHEVALET, C. Detection of quantitative trait loci for carcass composition traits in pigs. **Genetics Selection Evolution**, v.34, n.6, p.705-28, 2002.
- NONES, K. **Mapeamento de QTLs no cromossomo 1 de Gallus gallus que influenciam características de desempenho e carcaça**. 2004. 110p. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2004.
- 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.
- VAN WIJK, H.J.; DIBBITS, B.; BARON, E.E.; BRINGS, A.D.; HARLIZIUS, B.; GROENEN, M.A.M.; KNOL, E.F.; BOVENHUIS, H. Identification of quantitative trait loci for carcass composition and pork quality traits in a commercial finishing cross. **Journal of Animal Science**, v.84, p.789-799, 2006.