



A PRODUÇÃO ANIMAL E O FOCO NO AGRONEGÓCIO

42ª Reunião Anual da SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA

25 a 28 de Julho de 2005 - Goiânia, Goiás

[Voltar](#)

MAPEAMENTO DE QTLS PARA PESO AO NASCIMENTO NO CROMOSSOMO 14 DE BOVINOS¹

MARCELO MIYATA², GUSTAVO GASPARIN³, LUIZ LEHMANN COUTINHO⁴, MÁRIO LUIZ MARTINEZ⁵, MARCO ANTÔNIO MACHADO⁵, MARCOS VINICIUS G. BARBOSA DA SILVA⁵, ANA LÚCIA CAMPOS⁵, TAD S. SONSTEGARD⁶, LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO⁷

¹ 1- Apoio financeiro: CNPQ – Embrapa - Prodetab

² 2- Mestrando no Departamento de Genética e Evolução: UFSCar – São Carlos – SP - Bolsista CNPQ

³ 3- Doutorando no Departamento de Genética e Evolução: UFSCar – São Carlos – SP - Bolsista CNPQ

⁴ 4- Professor: Universidade de São Paulo – ESALQ – Departamento de Produção Animal – Piracicaba-SP

⁵ 5- Pesquisador: Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora – MG

⁶ 6- Pesquisador: Beltsville Agriculture Research Center - ARS – USA

⁷ 7- Pesquisadora: Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos – SP – Bolsista CNPQ

RESUMO O mapeamento de QTLs (“Quantitative Trait Loci”) possibilita identificar genes que promovem a variação genética nas características de interesse econômico. Diversos QTLs para características de crescimento são descritos na literatura, indicando a possibilidade de mapear QTLs para estas características através de uma varredura no cromossomo 14 (BTA14) dos bovinos. Neste trabalho, 293 animais F2, resultantes do cruzamento das raças Gir e Holandesa, foram analisados para sete marcadores do BTA14. Os dados de genótipos foram associados aos dados fenotípicos de peso ao nascimento, que indicaram a presença de um QTL ($P < 0,05$) a 18 cM do centrômero, com efeito aditivo de 1,57 +/- 0,55 kg. Esses resultados reforçam resultados anteriores, nos quais uma associação entre peso ao nascimento e o marcador ILSTS011, situado a 25,7 cM desse cromossomo, foi observada para a mesma amostra de animais do presente estudo. A região cromossômica onde o QTL foi encontrado é descrita na literatura como responsável por algumas características de crescimento, quantidade e composição do leite, deposição de gordura. Além disso, alguns genes já conhecidos foram mapeados a esta região, como o gene da tireoglobulina, DGAT1 e o fator de transcrição myc.

PALAVRAS-CHAVE Produção de leite, raças Holandesas, marcador molécula

QTL MAPPING FOR BIRTH WEIGHT ON BOVINE CHROMOSOME 14

ABSTRACT QTL (Quantitative Trait Loci) mapping allows for the identification of genes that promote the genetic variation in characteristics of economic interest. Diverse QTLs for growth characteristics are

described in literature, indicating the possibility of QTL mapping for these traits through the scan of bovine chromosome 14 (BTA14). In this work, 293 F2 animals, obtained from crosses between Gir and Holstein breeds, were analyzed for seven markers of BTA14. The genotype data was analyzed and associated to the phenotypic data of birth weight, resulting in the presence of a QTL ($P < 0.05$) at 18 cM from the centromere, with additive effect of 1.56 ± 0.55 kg. These results agree with previous association between birth weight and the marker ILSTS011, mapped to 25.7 cM of BTA14, observed for the same animals. The region to which the QTL was assigned is described in literature as responsible for some characteristics of growth, yield and composition of milk, deposition of fat. Moreover some known genes were mapped to this chromosome region, such as the gene of the thyroglobulin and the transcription factor myc.

KEYWORDS Milk production, Holstein bred, molecular marker

INTRODUÇÃO

Nos animais domésticos, a principal função do mapeamento genômico é identificar e caracterizar genes que controlam a variação nas características de interesse econômico. A variação associada aos marcadores moleculares possibilita auxiliar os programas de melhoramento genético, visando a obtenção de animais economicamente mais produtivos. Densos mapas de marcadores moleculares e avançados métodos estatísticos têm possibilitado a procura pelos QTLs ("Quantitative Trait Loci") através do genoma.

QTLs para características de crescimento em gado de corte têm sido relatados em numerosos estudos (Casas et al., 2000). Hetzel et al. (1997) encontraram uma região significativa no cromossomo 14 (BTA14) para duas características, peso ao nascimento e peso dos seis aos 12 meses. Morris et al. (2002) encontraram dois QTLs no BTA14 que foram significativamente associados a uma série de características de crescimento, tendo sido demonstrados efeitos aditivos entre os dois QTLs para ganho precoce de peso.

Este trabalho teve como objetivo mapear possíveis QTLs para peso ao nascimento no cromossomo 14 de bovinos (BTA14) em uma população experimental F2, obtida a partir do cruzamento das raças Gir e Holandesa.

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do experimento, animais F2 foram obtidos do cruzamento de animais F1 das raças Gir e Holandesa, realizados na Fazenda Santa Maria, pertencente à Embrapa, situada em Vassouras, no estado do Rio de Janeiro.

O cruzamento dos animais parentais foi feito com 28 fêmeas Gir que foram inseminadas por quatro touros da raça Holandesa, resultando em 150 animais F1 (incluindo machos e fêmeas). Cinco machos F1, com base no seu vigor, foram escolhidos para serem os pais da geração F2. Estes machos se acasalaram com 18 fêmeas F1, evitando-se parentesco entre o reprodutor e as fêmeas, resultando em quatro famílias. Cada uma das quatro famílias produziu cerca de 95 animais F2, totalizando 382 animais.

Amostras de sangue ou sêmen foram coletadas para a extração do DNA de todos os animais. A escolha dos marcadores foi baseada na sua posição no mapa, no número de alelos e no mínimo de 50% de heterozigosidade, de acordo com do mapa produzido pelo Meat Animal Research Center (MARC). Foram selecionados sete marcadores microssatélites visando cobrir 100% do cromossomo 14, com um espaçamento de 20 cM, em média, entre os marcadores. Estes marcadores selecionados foram utilizados para a análise do genótipo dos 382 animais da população F2.

As reações constaram de 25 ng de DNA genômico; de 0,20 mM de dNTPs; 1,5 mM MgCl₂; 0,1 μM de cada primer e 0,25 unidades de Taq polimerase num volume total de 12,5 μL. As amplificações foram feitas em um termociclador, com as temperaturas de anelamento específicas para cada primer. Ao final das amplificações, os produtos foram analisados no seqüenciador ABI Prism 3100 Avant (Applied Biosystems).

As análises estatísticas foram feitas pelo método de regressão linear (Halley & Knott, 1992) utilizando o software QTL Express através do site <http://qtl.cap.ed.ac.uk>. As informações de mapa do cromossomo 14 foram as produzidas pelo MARC.

Os dados fenotípicos de peso ao nascimento de 293 animais foram utilizados na opção de análise de F₂, onde se considera que as linhagens parentais são fixadas para alelos alternativos do QTL em estudo. O programa realiza testes de permutação para obtenção dos valores de significância de 1 e 5% e procedimentos de permutação com reamostragem (“bootstrap”) para a definição do intervalo de confiança para a localização do QTL.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os sete marcadores analisados para o BTA14 foram polimórficos, com número de alelos variando entre quatro e nove.

A análise de intervalos nesse cromossomo pelo método de Halley & Knott (1992) resultou em um QTL indicativo ($P < 0,05$) a 18 cM no BTA14 (Figura 1), com um efeito aditivo de 1,57 +/- 0,55 kg.

Esses resultados reforçam resultados anteriores, nos quais uma associação entre peso ao nascimento e o marcador ILSTS011, situado a 25,7 cM desse cromossomo, foi observada para a mesma amostra de animais do presente estudo.

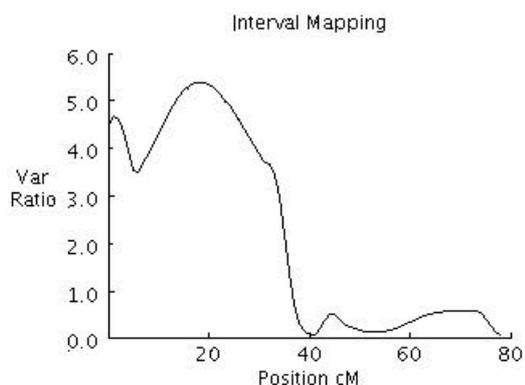


FIGURA 1: Distribuição dos valores do teste F ao longo do BTA14. A posição do QTL (eixo x) encontrado a 18 cM, com um valor de F (eixo y) de 5,40. Valor crítico a 5% = 5,40.

A posição do QTL encontrado neste trabalho coincide com a região do QTL encontrado por Morris *et al.* (2002), que verificaram um QTL entre aproximadamente 10 a 30 cM no cromossomo 14, influenciando características de crescimento como peso aos 250 dias, peso aos 600 dias, ganho de peso dos 250 a 400 dias, ganho de peso dos 400 aos 600 dias e também peso de carcaça quente, significativos a 5%.

Nesta região, há genes candidatos como o *myc*, um fator de transcrição que promove ou inibe o crescimento, ativando ou reprimindo genes, o gene da tireoglobulina (TG), que está associado com escore de marmoreio (Barendse, 1997) e o gene da

diacilglicerolaciltransferase (DGAT1).

Coppieters *et al.* (1998) encontraram forte evidência para a presença de um QTL com um grande efeito sobre a quantidade e composição do leite em uma região similar ao gene TG, cujo resultado está de acordo com outros trabalhos, que relataram efeitos muito significativos na mesma área do cromossomo 14.

Casas *et al.* (2000) identificaram um possível QTL para deposição de gordura também nesta região, resultado da interação entre a miostatina no cromossomo 2 e um ou mais genes localizados no BTA14, estreitamente ligados ao marcador microssatélite RM180.

A extremidade centromérica do BTA14 corresponde à extremidade telomérica do cromossomo 8 de humanos. A definição mais precisa dos limites dessa região ortóloga deve possibilitar a identificação de uma lista de genes candidatos e ESTs nessa região.

Futuros estudos serão desenvolvidos com a finalidade de associar os dados genotípicos obtidos no presente trabalho com outros dados fenotípicos, para mapeamento de QTLs afetando um maior número de características, possibilitando também o estudo de genes candidatos nestas regiões.

CONCLUSÕES

A região telomérica do BTA14 influencia características de crescimento na população F2 (Gir X Holandês) analisada. A região onde o QTL foi mapeado corrobora resultados da literatura e cria perspectivas para futuros estudos, como o de genes candidatos TG, myc e DGAT1.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. BARENDSE, W. J., 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.
2. CASAS, E., SHACKELFORD, S. D., KEELE, J. W. et al. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition o cattle segregating alternative forms of myostatin. **Journal Animal Science**. v.78, p.560-569, 2000.
3. COPPIETERS, W., RIQUET, J., ARRANZ, J. et al. A QTL with major effect on milk yield and composition maps to bovine chromosome 14. **Mammalian Genome**. v.9, p.540-544, 1998.
4. HALEY, C.S., KNOTT, S.A.. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. **Heredity**. v.69, p.315–324, 1992.
5. HETZEL, J., DAVIS, G., CORBET, N. et al. Localization of quantitative trait loci (QTL) for growth traits in *Bos taurus*X *Bos indicus* cattle. In: PLANT & ANIMAL GENOME V CONFERENCE. 12-18, 1997.
6. MORRIS, C. A., PITCHFORD, W. S., CULLEN, N. G. et al. Addictive effects of two growth QTL on cattle chromosome 14. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION. 7: 19-23, 2002.