

Mapeamento de QTL para características biométricas e percentual de matéria seca da tíbia de aves F2 oriundas do cruzamento entre linhagem de corte e postura

QTL mapping for biometric traits and dry matter percentage in the tibia of a broiler x layer cross F2 population

Juliana Cantos Faveri¹, Luís Fernando Batista Pinto¹, Jane de Oliveira Peixoto², Victor Breno Pedrosa³, Adriana de Farias Juca¹, Kátia Nones⁴, Mônica Corrêa Ledur²

¹Docente do Departamento de Zootecnia – UFBA, Av. Adhemar de Barros, 500, Ondina, Salvador/BA, Brasil, 40170-110. e-mail: jfaveri@ufba.br

²Pesquisadora da EMBRAPA Suínos e Aves, Embrapa Suínos e Aves. Distrito de Tamanduá, Concórdia/SC, Brasil, 87900-000.

³Docente do Departamento de Zootecnia da Universidade Estadual de Ponta Grossa. Av. General Carlos Cavalcanti, 4748, Uvaranas, Ponta Grossa/PR – Brasil, 84030-900.

⁴Queensland Centre for Medical Genomics, Institute for Molecular Bioscience, University of Queensland, St Lucia, Brisbane, QLD, Australia.

Resumo: Este estudo teve por objetivo mapear locos de características quantitativas (QTL) associados a características biométricas e matéria seca da tíbia, em aves de uma população F2 desenvolvida pela Embrapa Suínos e Aves, através do cruzamento entre machos de corte e fêmeas de postura. Para tanto, foram mensurados os teores de matéria seca, peso, comprimento e espessura dos ossos da tíbia em 478 animais, aos 42 dias de idade. Para todas as características foram incluídos no modelo os efeitos fixo de sexo e incubação e os efeitos aleatórios aditivo direto e materno. O mapeamento de QTL foi realizado considerando os efeitos aditivo e de dominância, além de serem testados modelos com e sem interação QTL x Sexo. Houve efeito de sexo ($P < 0,05$) sobre todas as características estudadas, tendo machos valores ligeiramente superiores. Foram mapeadas três ligações sugestivas, uma para o percentual de matéria seca no cromossomo 2, em 188 cM, e duas para peso da tíbia nos cromossomos 2 (182 cM) e 26 (66 cM).

Palavras-chave: avicultura, F2, genes candidatos, integridade óssea

Abstract: This study aimed to map quantitative trait loci (QTL) associated to biometric measures of tibia bone, in an F2 population developed by Embrapa Swine and Poultry, by crossing male broilers x female layers. Dry matter percentage, weight, length and thickness of the tibia at 42 days of age were studied. For all traits, the fixed effects of sex and hatch and the random additive direct and maternal effects were included in model. The QTL mapping was performed considering the additive and dominance effects, and models with and without QTL x Sex interaction were tested. There was sex effect ($P < 0.05$) on all traits studied, with males having slightly higher values than females. Three suggestive linkages were mapped: one for the dry matter percentage on chromosome 2 at 188 cM, and two for tibia weight on chromosomes 2 (182 cM) and 26 (66 cM).

Keywords: bone integrity, candidate genes, F2, poultry

Introdução

A avicultura tem se destacado no cenário mundial de produção de carne. Os índices zootécnicos atualmente apresentados são muito superiores aqueles encontrados em meados do século XX, como pode ser observado em Havenstein et al. (1994). Contudo, a seleção de aves tem provocado problemas como: perda de resistência imunológica, aumento da mortalidade e fragilidade óssea. Assim, os estudos no âmbito do melhoramento genético de aves também devem direcionar esforços para corrigir essas deficiências. Neste contexto, a genética molecular pode ser utilizada para melhorar as características relacionadas à integridade óssea, através da identificação de regiões cromossômicas associadas a estas características e posterior uso da informação na seleção dos animais. Assim, o objetivo deste estudo foi mapear locos de características quantitativas (QTLs) para peso, comprimento, espessura e matéria seca da tíbia, em aves F2 oriundas do cruzamento entre uma linhagem de corte e uma de postura.

Material e Métodos

Para a realização de estudos genômicos, a Embrapa Suínos e Aves, juntamente com outras instituições, estabeleceu o cruzamento entre uma linha de corte (TT) e uma de postura (CC) para formar uma população F2, a qual foi utilizada no presente estudo para mapear QTL. O arquivo de dados incluiu registros de 478 animais, oriundos da população TCTC (cruzamento de machos de corte com fêmeas de postura). Os ossos da tíbia, após serem acondicionados a temperatura de 0°C por 24 horas e retirados os excessos de carne, gordura e cartilagem, foram avaliados quanto ao peso úmido, comprimento entre as extremidades e espessura na região mediana. A matéria seca (%) foi determinada por método gravimétrico, segundo IAL (1985). Para todas as características foram incluídos no modelo os efeitos fixo de sexo e incubação e o efeito aleatório infinitesimal. A covariável peso da ave aos 42 dias foi incluída na análise do peso, comprimento e espessura da tíbia. O mapeamento de QTL foi realizado segundo Pérez-Enciso e Misztal (2004) e neste caso foram testados modelos com e sem interação QTL x Sexo. O nível de significância no mapeamento de QTL foi obtido segundo Lander e Kruglyak (1995).

Resultados e Discussão

Pode-se observar na Tabela 1 que machos apresentaram valores maiores que as fêmeas para todas as características estudadas, sendo em todos os casos a diferença altamente significativa. Os coeficientes de variação da análise de variância foram baixos para a maioria das características e um pouco maiores para matéria seca e peso da tíbia (Tabela 1). Assim, a realização do cruzamento F2 para gerar alta variabilidade a ser estudada no mapeamento de QTL, parece não ter tido grande efeito sobre as características ósseas aqui estudadas. Isso dificulta a detecção de QTLs, pois nesta amostra não houve grande variabilidade para detecção de efeitos.

Tabela 1. Médias em função do sexo para as diferentes características estudadas.

Característica	Sexo	Média	LI	LS	R2	CV	P
Matéria Seca (%)	M	60,78	60,24	61,32	0,47	10,01	<0,0001
	F	58,22	57,68	58,76			
Comprimento da tíbia (mm)	M	90,04	89,81	90,26	0,73	2,77	<0,0001
	F	89,74	89,52	89,77			
Espessura da tíbia (mm)	M	6,56	6,53	6,60	0,68	6,01	<0,0001
	F	6,26	6,22	6,29			
Peso da tíbia (g)	M	6,33	6,26	6,40	0,75	13,03	<0,0001
	F	5,69	5,62	5,76			

M – Machos; F – Fêmeas; LI e LS - Limites inferior e superior da média, com 95% de confiança; R2 - Coeficiente de determinação da análise de variância; CV - Coeficiente de variação da análise de variância; P - probabilidade do teste F para efeito de sexo na análise de variância.

Nas análises de mapeamento de QTL não foram observados efeitos para comprimento e espessura do osso (Tabela 2), mas para MS (%) e peso da tíbia foi possível mapear três ligações sugestivas. A dificuldade de se mapear QTL nessa amostra já era esperada, visto que a variabilidade não foi expressiva para a maioria das características.

Tabela 2. QTLs mapeados para características relacionadas com integridade óssea, com diferentes modelos de análise.

Variável	Modelo	GGA	cM	IC	a(EP)	a(EPM)	a(EPF)	d(EPM)	d(EPF)	LRT	P
% MS	A	2	188	183 – 199	-2,38(0,63)					12,73†	3,60E-004
Peso Tíbia (g)	A	2	182	171 – 189	0,29(0,08)					12,72†	3,62E-004
Peso Tíbia (g)	AD_S	26	66	35 – 72,6		0,21(0,15)	-0,25 (0,15)	-1,16(0,33)	0,22(0,37)	17,11†	1,84E-003

%MS=porcentagem de matéria seca; A=efeito genético aditivo; AD_S=efeito genético aditivo e de dominância em relação ao sexo; a(EP)=efeito aditivo; a(EPF)=efeito aditivo para fêmea e erro padrão da estimativa; d(EPM)=efeito de dominância para machos e erro padrão da estimativa; d(EPF)=efeito de dominância para fêmeas e erro-padrão da estimativa. LRT=Teste da razão de verossimilhança; P=Probabilidade. † - Efeito sugestivo, GGA – cromossomo de *Gallus gallus*

A ligação sugestiva mapeada para MS (%) no cromossomo GGA2, em 188 cM, tem efeito aditivo negativo e comum para os dois sexos. O fato do efeito ser negativo indica que o alelo que aumenta o percentual de matéria seca tem origem na linha de postura (CC). Nessa mesma região do GGA2 foi mapeada uma segunda ligação sugestiva, com efeito sobre peso da Tibia. Isso reforça a indicação de que esta região deve ser melhor explorada em futuros estudos. Até porque é possível que exista um QTL pleiotrópico nesta região, o qual teria alelos na linha CC para aumentar percentual de MS e alelos na linha TT que aumentar o peso dos ossos. Ambo et al. (2009) identificaram QTL para peso vivo, nessa mesma população, em 200 cM do GGA2 para peso aos 35 dias e em 205 cM para peso aos 41 dias de idade. Assim, é possível que o mesmo cromossomo que influencia peso vivo esteja influenciando percentual de matéria seca. Não foi possível avaliar esta hipótese no presente estudo, pois apesar da população ser a mesma, o banco de dados avaliado no presente estudo difere do banco de dados utilizado por Ambo et al. (2009). A terceira e última ligação sugestiva aqui mapeada tem efeito sob peso da tibia e foi localizada em 66 cM do cromossomo 26. Neste caso tem-se efeito de dominância, mas apenas nos machos. Assim, mesmo que seja um QTL, por ter efeito apenas de dominância, seu uso em um programa de seleção não seria viável.

O modelo com interação QTL x Sexo só mapeou uma posição e apenas com efeito de dominância significativo. Modelos com essa interação apresentam mais parâmetros, pois os efeitos aditivo e de dominância são estimados separadamente para cada sexo e isso pode dificultar o mapeamento de QTL. Como pode ser observado na Tabela 2, mesmo o LRT sendo maior para ligação sugestiva mapeada no cromossomo 26, o valor de probabilidade deste teste foi maior que aqueles encontrados para as outras duas ligações sugestivas. Logo, é mais difícil encontrar um efeito significativo com modelos que incluem a interação QTL x Sexo, a menos que essa interação seja realmente muito expressiva.

Por se tratarem de ligações sugestivas, as posições mapeadas aqui devem ser avaliadas em posteriores estudos, seja nesta mesma população, ampliando o número de animais, ou em outras populações, a fim de se validar os resultados do presente estudo.

Conclusões

Para percentual de matéria seca e peso da tibia foram mapeadas três ligações sugestivas, duas no cromossomo 2 e uma no cromossomo 26. Contudo, devido ao fato das análises terem indicado apenas efeitos sugestivos, maiores estudos são necessários para confirmar tais achados.

Agradecimentos

Este estudo foi financiado pelo projeto 02.10.06.003.00 do Macroprograma 2 da EMBRAPA.

Literatura citada

- AMBO, M.; MOURA, A.S.A.M.T.; LEDUR, M.C.; PINTO, L.F.B.; BARON, E.; RUY, D.; NONES, K.; CAMPOS, R.L.R.; BOSCHIERO, C.; BURT, D.; COUTINHO, L. L. Quantitative trait loci for performance traits in a broiler x layer cross. **Animal Genetics**, v.40, p 200-208, 2009.
- GROENEVELD, E., KOVAC, M., MIELENZ, N. **VCE User's guide and reference manual**. Version 6.0. Department of Animal Science, University of Illinois, Urbana, IL, 2008.
- HAVENSTEIN G.B., FERKET P.R., SCHEIDELELER S.E., LARSON B.T. Growth, livability and feed conversion of 1957 vs. 1991 broiler when fed "Typical"1957 and 1991 broiler diets. **Poultry Science**, v.73, p.1785-1794, 1994.
- IAL - Normas Analíticas do Instituto Adolfo Lutz. V. 1: **Métodos químicos e físicos para análise de alimentos**, 3. ed. São Paulo: IMESP, p. 98-99, 1985.
- KNOTT, S.A., HALEY, C.S. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. **Heredity**, v.69, p.315-324, 1992.
- LANDER, E.S.; KRUGLYAK, L. Complete multipoint sib-pair analysis of qualitative and quantitative traits. **The American Journal of Human Genetics**, v.57, p.439-454, 1995.
- PÉREZ-ENCISO, M.; MISZTAL, I. Qxpak: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. **Bioinformatics**, v.20, p.2792-2798, 2004.