



43ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia
24 a 27 de Julho de 2006
João Pessoa - PB

MAPEAMENTO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS, NO CROMOSSOMO 6 (SSC6) DE SUÍNOS, ASSOCIADOS À COMPOSIÇÃO DE CARCAÇA(1)

PAULO SÁVIO LOPES(2,6), ALDRIN VIEIRA PIRES(2,3,6), SIMONE E. FACIONI GUIMARÃES(2), FAUSTO MOREIRA DO CARMO(2), AUGUSTO ALOÍSIO BENEVENUTO JÚNIOR(4), CLÁUDIA TEIXEIRA GUIMARÃES(5).

(1) Financiado pela FAPEMIG

(2) DZO/UFV, Viçosa, MG, CEP 36571-000, plopess@ufv.br

(3) DZO/UFVJM, Rua da Glória, 187, Centro, Diamantina, MG, CEP 39100-000

(4) DTA/UFV, Viçosa, MG, CEP 36571-000

(5) EMBRAPA Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Caixa Postal 151, CEP 35701-970

(6) Bolsista do CNPq.

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi realizar o mapeamento de QTLs no cromossomo 6 de suínos (SSC6). Para tanto, uma população de 550 animais F2 foi obtida por cruzamento divergente entre machos da raça nativa brasileira Piau e fêmeas comerciais. Os animais foram genotipados para 13 marcadores microsatélites, para se procurar QTLs associados às seguintes características: comprimento de carcaça pelos métodos brasileiro e americano, peso e rendimento de carcaça, espessura de toucinho na região da copa, espessura de toucinho imediatamente após a última costela, espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar e espessura de toucinho imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar, espessura de bacon, profundidade de lombo, área de olho de lombo, pesos de órgãos internos (coração, pulmões, fígado, baço e rim) e comprimento de intestino. Foi utilizado o método de regressão por intervalo de mapeamento por meio do "software" QTL Express. Foram encontrados QTL sugestivos para as características de comprimento de carcaça pelo método brasileiro e espessura de bacon, e QTL significativo para peso do rim. Nas regiões dos picos da estatística F onde se encontraram QTLs sugestivos, devem ser incluídos mais marcadores, para se confirmar a presença de QTLs.

PALAVRAS-CHAVE

cruzamento divergente, genética molecular, marcadores microsatélites, QTL.

MAPPING QUANTITATIVE TRAIT LOCI, ON SWINE CHROMOSOME 6 (SSC6), ASSOCIATED TO CARCASS COMPOSITION.

ABSTRACT

The objective of this study was to accomplish QTL mapping on swine chromosome 6. A total of the 550 F2 animals were produced by outbred cross using two sires of the native brazilian breed Piau and 18 commercial dams. The animals were genotyped for 13 microsatellite markers. The carcass traits evaluated were: carcass length by the brazilian carcass classification method, carcass length by the

american carcass classification method, carcass weight, carcass yield, higher backfat thickness at last 2nd-3rd thoracic vertebrae, backfat thickness after last rib, backfat thickness between last 1st-2nd lumbar vertebrae, lower backfat thickness after last lumbar vertebrae, backfat thickness after last rib, at 6,5 cm from the midline, bacon depth, loin depth, loin eye area internal organs weight (heart, lungs, liver, kidney and spleen), and intestine length. Data were analyzed by multiple regression as developed for analysis of crosses between outbred lines, using the QTL Express software. Suggestive QTL were found for carcass length and bacon depth. A significant QTL for kidney weight was also found. In peak of the suggestive F-values, more markers should be included, to be confirm if they are QTL in fact.

KEYWORDS

outbred cross, molecular genetic, microsatellites markers, QTL.

INTRODUÇÃO

O genoma suíno possui cerca de 2800 cM, distribuídos em 18 pares de cromossomos autossômicos mais o par de cromossomos sexuais. Este genoma tem cerca de 1000 marcadores genéticos efetivos, o que permite um mapeamento genômico com distância média entre marcadores de aproximadamente 2,8 cM.

Um dos principais objetivos do mapeamento genômico é a procura por locos de característica quantitativa (QTL), influenciando as características economicamente importantes na produção animal. Recentemente, a utilização dos marcadores genéticos moleculares tem tornado possível dissecar a variação das características quantitativas e identificar locos individuais controlando as características de importância econômica.

Muitos estudos têm sido voltados para a busca de QTL afetando características de carcaça em suínos (ANDERSSON-EKLUND et al., 1998; WALLING et al., 2000; MALEK, et al., 2001), sendo que a maioria deles tem encontrado QTL com efeitos significativos na variação fenotípica das características, ou QTL com efeitos sugestivos sobre as características quantitativas.

O objetivo deste trabalho foi mapear, no cromossomo 6 suíno, QTL associados às características de carcaça, a partir de uma população F2, obtida por cruzamento divergente.

MATERIAL E MÉTODOS

A população F2 foi produzida a partir da F1 obtida pelo cruzamento divergente de dois machos da raça nativa brasileira Piau com 18 fêmeas de raças comerciais.

As características de carcaça foram avaliadas na geração F2: peso de carcaça com cabeça e pés (PCARC), rendimento de carcaça com cabeça e pés (RCARC), comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) e pelo método americano (MLC); espessura de toucinho em mm, nas posições ETSH (maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar), ETUC (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar), ETUL (espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar), ETL (menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar) e P2 (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar), profundidade de lombo, diâmetro (mm) do músculo "Longissimus dorsi" sobre uma reta traçada da coluna vertebral serrada até posição onde foi medida a P2 (PROFLOMB), área de olho de lombo em cm² (AOL), foi medida em triplicata, com auxílio de um planímetro, no decalque vegetal tomado da seção transversal do músculo "Longissimus dorsi", na altura da última costela. Foi medida também a espessura do bacon (EBACON), imediatamente após a última costela, na altura da divisão carré-bacon. Foram medidos o peso dos seguintes órgãos internos: pulmão (PULMAO), coração (COR), fígado (FIG), baço (BACO) e rim (RIM). Foi medido também o comprimento total do intestino delgado (INTEST). O número de observações, médias e desvios padrão destas características são apresentados na Tabela 1.

Foram utilizados 13 marcadores microsatélites permitindo cobrir o cromossomo 6 de suínos a um

intervalo médio de 12,7 cM.

Foram utilizadas as distâncias de consenso do mapa de ligação suíno (ROTHSCHILD, 2003). O mapeamento de QTL foi feito utilizando-se o “software” QTL Express (SEATON et al., 2002), que emprega o método de regressão por intervalo de mapeamento desenvolvido para análises de cruzamentos entre raças divergentes.

Os níveis de significância ($\alpha=0,10$, 0,05 ou 0,01) ao longo do cromossomo foram obtidos pelo teste de permutação, para um total de 10000 permutações, para cada característica. Desta forma, obteve-se os níveis de significância a 1 e 5% (QTL significativo) e a 10% de probabilidade (QTL sugestivo), a partir das informações de todas as características simultaneamente.

No modelo estatístico foram incluídos os efeitos fixos de sexo, época de nascimento além da covariável peso de carcaça.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 2 é apresentado um resumo das estatísticas F máximas e suas posições (cM) para os prováveis QTLs.

Foi detectado um QTL sugestivo ($P<0,10$) para comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) apresentando um $F_{max} = 5,25$, na posição de 7 cM. No entanto, não houve evidência de QTL para comprimento de carcaça pelo método americano (MLC). Diversos autores encontraram QTLs com efeito significativo para comprimento de carcaça em outros cromossomos, no 8 (ANDERSSON-EKLUND et al., 1998) e nos cromossomos 6, 11 e X (MALEK et al., 2001).

Não foram detectados ($P>0,10$) QTL para peso de carcaça (PCARC) ($F_{max} = 3,83$) e rendimento de carcaça (RCARC) ($F_{max} = 2,38$). MALEK et al. (2001) encontraram QTL com efeito significativo sobre PCARC.

Quanto às características de espessura de toucinho, medidas na região dorso-lombar (ETSH, ETUC, ETUL e ETL), e espessura de toucinho P2, verifica-se que nenhuma delas apresentou QTL significativo ou sugestivo. WALLING et al. (2000) encontraram QTL significativo para espessura de toucinho em vários cromossomos.

Ao se analisar o comportamento da curva da estatística F para espessura de toucinho, ao longo do cromossomo, verificou-se que há tendência de coincidência de picos em algumas regiões. Os maiores picos para ETUL ($F_{max} = 3,50$; 53 cM) e ETL ($F_{max} = 3,46$; 61 cM), estão localizados próximos, sugerindo que este loco poderia estar atuando em ambas as características. Comportamento semelhante é apresentado em outra região cromossômica (resultados não apresentados), onde os picos de ETUC ($F_{max} = 2,62$), ETUL e ETL se apresentam próximos, e bem definidos, na região de 95 a 100 cM.

Espessura de toucinho P2 apresentou um pico ($F_{max} = 4,38$) a 70 cM. Embora não se trate de um QTL sugestivo ($P>0,10$), este pico foi detectado em uma região onde há um intervalo entre marcadores de 24 cM, com o aumento da densidade de marcadores nesta região de 47 a 71 cM, poderia se confirmar se seria um QTL de fato ou apenas uma associação falso-positiva.

QTL sugestivo ($P<0,10$) foi encontrado para espessura de bacon (EBACON) ($F_{max} = 4,88$) localizado na posição 7 cM. Não foram encontrados QTLs significativos para profundidade de lombo (PROFLOMB) ($F_{max} = 1,93$), área de olho de lombo (AOL) ($F_{max} = 3,15$) e comprimento de intestino (INTEST) ($F_{max} = 2,25$). ÓVILO et al. (2000) encontraram QTL significativo para AOL no cromossomo 6.

A característica peso de rim (RIM), apresentou um $F_{max} = 6,99$, significativo ($P<0,05$), indicando haver um QTL na posição 68 cM, do cromossomo 6 suíno, influenciando a variação fenotípica desta característica. Não foram encontrados QTLs significativos para peso de pulmão (PULMAO) ($F_{max} = 2,33$), coração (COR) ($F_{max} = 2,67$), fígado (FIG) ($F_{max} = 2,20$) e baço (BACO) ($F_{max} = 4,45$). ANDERSON-EKLUND et al. (1998) também não encontraram QTL significativo para COR, RIM e BACO; mas encontraram QTL significativo para FIG.

CONCLUSÕES

Foram encontrados QTL sugestivos para as características comprimento de carcaça pelo método brasileiro e espessura de bacon, além QTL significativo para peso de rim.

As regiões dos picos da estatística F, onde se encontraram QTL sugestivos, devem ser mais investigadas, para se confirmar a presença de QTL.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. ANDERSSON-EKLUND, L., MARKLUND, L., LUNDSTRÖM, K., HALEY, C.S., ANDERSSON, K., HANSSON, I., MOLLER, M., ANDERSSON, L. (1998) Mapping quantitative trait loci for carcass and meat quality traits in a Wild Boar x Large White intercross. J. Anim. Sci., v.76, p.694-700.
2. MALEK, M., DEKKERS, C.M.J., LEE, H.K., BAAS, T.J., ROTHCHILD, M.F. (2001) A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig. I. Growth and body composition. Mamm. Genome, v.12, p.630-636.
3. ÓVILO, C., PEREZ-ENCIZO, M., BARRAGÁN, C., CLOP, A., RODRÍGUEZ, C., OLIVER, M.A., TORO, M.A., NOGUERA, J.L. (2000). A QTL for intramuscular fat and backfat thickness is located on porcine Chromosome 6. Mammalian Genome, v.11, p.344-346.
4. ROTHCHILD, M.F. (2003) U.S. Pig gene mapping coordination program. Disponível em: <<http://www.genome.iastate.edu/pig>>. Acessado em: 20 de janeiro de 2003.
5. SEATON, G., HALEY, C.S., KNOTT, S.A., KEARSEY, M., VISSCHER, P.M. (2002) QTL express: mapping quantitative trait loci in simple and complex pedigrees. Bioinformatics applications note, v.18, n.2, p.339-340. Disponível em: <<http://qtl.cap.ed.ac.uk>>. Acessado em 27 e 28 de janeiro de 2003.
6. WALLING, G.A., VISSCHER, P.M., ANDERSSON, L., ROTHCHILD, M.F., WANG, L., MOSER, G., GROENEN, M.A.M., BIDANEL, J.-P., CEPICA, S., ARCHIBALD, A.L., GELDERMANN, H., de KONING, D.J., MILAN, D., HALEY, C.S. (2000) Combined analyses of data from quantitative trait loci mapping studies: chromosome 4 effects on porcine growth and fatness. Genetics, v.155, p.1369–1378.