



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia  
Brasileira de Vanguarda



## QTLs para características de crescimento numa população F2 de bovinos leiteiros<sup>1</sup>

Mohamed Mahmoud Ibrahim Salem<sup>2</sup>, Gerson Barreto Mourao<sup>2</sup>, Marco Antonio Machado<sup>3</sup>, Gustavo Gasparin<sup>2</sup>, Ana Luisa Sousa Azevedo<sup>3</sup>, Rui da Silva Verneque<sup>3</sup>, Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Parte da tese de doutorado do primeiro autor, financiada pela USP

<sup>2</sup>Departamento Zootecnia, ESALQ/USP, Avenida Pádua Dias, 11, 13418-900, Piracicaba, SP, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Gado de Leite, Rua Eugênio do Nascimento 610, Juiz de Fora/MG 36038-330, Brazil

<sup>4</sup>Embrapa Pecuária Sudeste, Rodovia Washington Luiz, km 234, São Carlos/SP 13560-970, Brazil

**Resumo:** O objetivo do presente estudo foi identificar *quantitative trait loci* (QTL) para características de crescimento nos cromossomos 1, 8, 10 e 23 numa população F2 Holandês x Gir. Vinte e quatro marcadores microssatélites foram selecionados a partir mapa genético de bovinos. Seis QTLs foram encontrados em BTA-1, BTA-8, BTA-10 e BTA-23. No BTA-1, um QTL sugestivo foi detectado para o ganho de peso diário de um ano para dois anos (ADG365\_720) em 12 cM. Em BTA 8, um QTL sugestivo foi identificada para o ganho de peso diário do peso ao nascimento e para 60 dias (ADG0\_60) em 143 cM. Em BTA 10, três QTL sugestivo foi detectado para o peso em dois anos (W720), ADG365\_720 e ganho médio diário (ADG total) em a região de 20 – 22 cM com evidência de pleiotropia. Em BTA 23, um QTL sugestivo foi identificado para o ganho de peso diário de 60 dias para 205 dias (ADG60\_205) em 19 cM. Nenhum outro efeito significativo QTL foi detectado para peso ao nascer, peso ao desmame, peso aos 205 dias e peso ao sobreano.

**Palavras-chave:** características de crescimento, gado de leite, QTL.

## QTLs for growth traits in F2 dairy cattle population

**Abstract:** The objective of this study was to identify quantitative trait loci (QTL) affecting growth traits on BTA 1, BTA 8, BTA 10 and BTA 23 using F2 Holstein x Gyr population. Twenty four microsatellite markers were selected from bovine genetic map. Six QTLs were detected on BTA 1, BTA 8, BTA 10 and BTA 23. On BTA 1, a suggestive QTL was detected for the weight gain from one year to two years (ADG365\_720) at 12 cM. On BTA 8, a suggestive QTL was detected for the weight gain from birth to 60 days of age at 143 cM. On BTA 10, three suggestive QTLs were detected for weight at two years (W720), ADG365\_720 and average daily gain (ADG total) in the regain of 20-22 cM with the evidence of pleiotropy. On BTA 23, a suggestive QTL was detected for the weight gain from 60 days to 205 days of age at 19 cM. No other significant QTL effects were detected for birth weight, weight at 60 days, weight at 205 days and weight at 365 days.

**Keywords:** dairy cattle, growth traits, QTL.

## Introdução

A genética molecular pode ser usada para identificar genes ou regiões cromossômicas que afetam as características de importância na produção pecuária. Isto traz oportunidades para reforçar os programas de melhoramento genético em pecuária, utilizando seleção direta sobre os genes ou regiões genômicas que afetam tais características econômico de interesse através de seleção assistida por marcadores (MAS) e introgressão de genes (Dekkers and Hospital, 2002). O objetivo do presente estudo foi identificar *quantitative trait loci* (QTL) para características de crescimento nos cromossomos de bovinos de uma população F2 Holandês x Gir.

## Material e Métodos

A população foi obtida de 28 fêmeas da raça Gir foram artificialmente inseminadas com sêmen de quatro touros da raça Holandesa para produzir os indivíduos F1. Depois disso, cinco machos F1 foram acasaladas com 59 fêmeas F1 para produzir população F2 de 375 animais. As características de crescimento analisadas foram peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD), peso aos 205 dias (P205), peso ao sobreano (PA), peso em 720 dias (P720), ganho médio diário entre cada intervalo e ganho médio diário total (ADG total). Vinte e quatro marcadores microssatélites foram selecionados a partir mapa



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia  
Brasileira de Vanguarda



genético de bovinos relatados em <http://www.marc.usda.gov> (publicado Jan. 20, 2005; Ihara *et al.*, 2004), os vinte e quatro marcadores cobriram 473,8 cM dos cromossomos (BTA 1, 8, 10 e 23). A genotipagem e o mapa de ligação foram descritos em Miyata *et al.* (2007). O número de marcadores, o intervalo médio entre marcadores, heterozigosidade, o conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cromossomos são apresentados na tabela 1.

**A análise estatística.** Todas as características foram analisadas utilizando-se um modelo misto com uso do programa de QxPak versão 3.1 (Pérez-Enciso and Miszta 2004). com modelo geral dado por:

$$y = Xb + Zu + Qg + e,$$

Em que: **y** é vetor de observações, **b** contém os efeitos fixos (sexo e ano-epoca) a serem estimados, **X** representa uma matriz de incidência dos efeitos fixos, **u** representa o vetor de efeitos poligênicos, **Z** e **Q** representam a matriz de incidência para os efeitos poligênicos e dos QTLs respectivamente, **g** contém os efeitos dos QTLs, **e** é o vetor de resíduos aleatórios. O nível de significância para declarar a existência de um QTL foi obtido segundo Lander e Kruglyak (1995). O intervalo de confiança para localização do QTL foi obtido com método de “LOD drop-off” (Lander and Botstein 1989). A variância fenotípica explicada pelo QTL foi estimada de acordo com Sorensen *et al.* (2003).

Tabela 1. Número de marcadores (n), intervalo médio entre marcadores (IMM), heterozigosidade (He), e o conteúdo de informação polimorfismo (PIC) para cromossomos

Cromossomos	n	IMM	He	PIC
1	8	20,25	0,73	0,67
8	7	24,86	0,68	0,63
10	5	25,7	0,80	0,73
23	4	26,66	0,88	0,82

### Resultados e Discussão

Seis QTLs sugestivos foram. Os QTLs detectados em BTA 1 e BTA 8 atingiram o efeito sugestivo nos modelos que incluíram os efeitos aditivo e de dominância, os QTLs detectados no BTA 10 e 23 atingiram o efeito sugestivo no modelo incluem apenas efeito aditivo. No BTA-1, um QTL sugestivo foi detectado para o ganho de peso diário de um ano para dois anos (ADG365\_720). O efeito aditivo e dominância foram -0,0205 e -0,0244 kg, com a variância fenotípica explicada pelo QTL de 3,28%. O maior teste razão de verossimilhanças foi encontrado em 12 cM, com um P-valor associado de 0,0023, flanqueado pelos marcadores BM8139 e BMS711. No BTA-8, um QTL sugestivo foi identificado para o ganho de peso diário do peso ao nascimento e para 60 dias (ADG0\_60). O efeito aditivo e dominância foram de -0,033 e 0,078 kg. A variância fenotípica explicada pelo QTL é 6,18%. O maior teste razão de verossimilhanças foi encontrado em 143 cM com um P-valor associado de 0,0020, flanqueado pelos marcadores BM711 e CSSM047. No BTA 10, três QTL sugestivos foram detectados para o peso aos dois anos (W720), ADG365\_720 total e ganho médio diário (ADG total). O maior teste razão de verossimilhanças foi encontrado a região de 20 – 22 cM flanqueado pelos marcadores BL1035 e BM875. Adicionalmente, um teste para a presença de pleiotropia ou ligação genética foi feita, revelando evidências de efeito pleiotrópico. Em BTA 23, um QTL sugestivo foi identificado para o ganho de peso diário de 60 dias para 205 dias (ADG60\_205). O efeito aditivo foi de -0,025 kg. A variância fenotípica explicada pelo QTL é 2,80%. O maior teste razão de verossimilhanças foi encontrado em 19 cM com um P-valor associado de 0,0037, flanqueado pelos marcadores BM1815 e CYP21. Não QTLs foram identificados para as outras características deste estudo. Detecção de QTL que afetam o crescimento pós-natal, mas não o peso ao nascimento e vice-versa podem ajudar a quebrar a correlação genética entre o peso ao nascimento e crescimento pós-natal (Kim *et al.*, 2003; Grosz and MacNeil, 2001).



47ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

Salvador, BA – UFBA, 27 a 30 de julho de 2010

Empreendedorismo e Progresso Científicos na Zootecnia  
Brasileira de Vanguarda



Tabela 2: QTLs para características de crescimento que apresentaram efeito sugestivo nos cromossomos estudados (BTA-1, BTA-8, BTA-10 e BTA-23).

Característica	BTA	Posição	LRT	Efeito aditivo		V <sub>QTL</sub>	IC 95%	P-valor
					- (EP)			
ADG 365_720	1	12	12,07	-0,02 (0,007)	3,25	1-26	0,0023	
ADG 0_60	8	143	14,74	-0,034 (0,0127)	6,18	133-150	0,0020	
W720	10	20	9,10	-11,3 (4,05)	4,02	4-58	0,0025	
ADG 365_720	10	22	10,40	-0,024 (0,0076)	4,58	2-46	0,0012	
ADG total	10	20	8,69	-0,015 (0,0051)	3,91	4-59	0,0031	
ADG 60-205	23	19	8,40	-0,025 (0,0087)	2,80	3-35	0,0037	

LRT – teste razão de verossimilhanças, IC 95%– intervalo de confiança 95%, V<sub>QTL</sub> – percentual de variância pelo QTL, EP – erro padrão. O valor negativo do efeito aditivo indica que o alelo que contribui para maior valor tem origem na raça Gir.

#### Conclusões

Este estudo revelou que seis QTL sugestivos que alteram o crescimento pós-natal, sendo que estes podem ajudar a reduzir a correlação genética entre o peso ao nascimento e crescimento pós-natal. Adicionalmente, para melhorar a análise de QTL nesses cromossomos é necessário aumentar o tamanho da amostra e/ou realizar aumento na densidade dos marcadores moleculares.

#### Agradecimentos

Este projecto foi apoiado pelas agências brasileiras Embrapa - Prodetab. Os autores agradecem a TWAS-CNPq para a bolsa de doutoramento para M.M.I. Salem. Ao Prof. Dr. Irineu Umberto Packer (in memoriam) pela orientação.

#### Literatura citada

- Dekkers, J. C. M.; and Hospital, F. The use of molecular genetics in improvement of agricultural populations. **Nature Review Genetics**, v. 3, p. 22–32, 2002.
- Grosz, M. D.; and MacNeil, M. D. Putative quantitative trait locus affecting birth weight. **J. Anim. Sci.** v. 79, p. 68–72, 2001.
- Ihara, N.; Takasuga, A.; Mizoshita, K.; et al. A comprehensive genetic map of the cattle genome based on 3802 microsatellites. **Genome Research**, v. 14, p. 1987–1998, 2004.
- Kim, J. J.; Farnir, F.; Savell, J.; et al. Detection of quantitative trait loci for growth and beef carcass fatness traits in a cross between *Bos taurus* (Angus) and *Bos indicus* (Brahman) cattle. **J. Anim. Sci.** v. 81, p. 1933–1942, 2003.
- Lander, E.; and Botstein, D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. **Genetics**, v. 121, p. 185–199, 1989.
- Lander, E.; and Kruglyak, L. Genetic dissection of complex traits: Guidelines for interpreting and reporting linkage results. **Nature Genetics**, v. 11, p. 241–247, 1995.
- Miyata, M.; Gasparin, G.; Coutinho, L. L.; et al. Quantitative trait loci (QTL) mapping for growth traits on bovine chromosome 14. **Genetics Molecular Biology**, v. 30, p. 364-369, 2007.
- Pérez-Enciso, M.; and Misztal, I. QXPAK: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. **Bioinformatics**, v. 20, p. 2792–2798, 2004.
- Sorensen, P.; Lund, M. S.; Gulbrandtsen, B.; et al. A comparison of bivariate and univariate QTL mapping in livestock populations. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p. 605 – 622, 2003.