



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

INVESTIGAÇÃO DE REGIÕES CROMOSSÔMICAS CANDIDATAS PARA ASSOCIAÇÃO COM A DEPOSIÇÃO DE GORDURA EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

SARAH LAGUNA MEIRELLES (1), GISELE BATISTA VENERONI (2), HENRIQUE DE OLIVEIRA NUNES (3), MAURÍCIO MELLO DE ALENCAR (4), LUCIANA CORREIA DE ALMEIDA REGITANO (4)

(1) Doutoranda em Zootecnia - Unesp - Universidade Estadual Paulista - Jaboticabal SP

(2) Mestranda em Genética e Evolução - UFSCar - Universidade Federal de São Carlos - São Carlos SP

(3) Professor Doutor da Unesp - Universidade Estadual Paulista - Botucatu SP

(4) Pesquisadores da Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos SP. Pesquisadores do CNPq.

RESUMO

Este trabalho teve o objetivo de investigar a associação entre os marcadores BMS490, ETH10 do cromossomo 5; INRA133, ILSTS090 do cromossomo 6 e RM222, BMS2142 do cromossomo 19 de bovinos e a característica espessura de gordura subcutânea (EGS) na raça Canchim. Foi estudada uma amostra de 392 animais, composto por dois grupos genéticos: Canchim (5/8 Charolês + 3/8 Zebu) e MA, criados em regime de pasto na Embrapa Pecuária Sudeste, em São Carlos – SP, e na Fazenda Ipameri, em Jussara - GO.

O DNA foi extraído de amostras de sangue pelo método de precipitação das proteínas com sal como descrito por Regitano (2001). Os microssatélites foram amplificados por reação em cadeia da polimerase (PCR) e analisados no equipamento ABI 3100 Avant (Applied Biosystems). As análises de variância foram realizadas usando o método de quadrados mínimos, com modelo estatístico que incluiu os efeitos de sexo, grupos genéticos; fazenda, mês e ano de nascimento, manejo adotado e genótipo do marcador.

Apesar dos marcadores terem sido escolhidos para delimitar regiões associadas à deposição de gordura em outras populações de bovinos de corte, não foram encontrados efeitos significativos dos marcadores em relação à EGS, na população da raça Canchim estudada.

PALAVRAS-CHAVE

espessura de gordura, marcador molecular, quantitative trait loci

INQUIRY OF CHROMOSOMIC REGIONS CANDIDATES FOR ASSOCIATION WITH THE FAT DEPOSITION OF CANCHIM BEEF CATTLE BREED

ABSTRACT

This work had the objective to investigate the association between markers BMS490, ETH10 of chromosome 5; INRA133, ILSTS090 of the chromosome 6 and RM222, BMS2142 of chromosome 19 of bovines and the characteristic backfat thickness (EGS) in the Canchim breed. A sample of 392 animals was studied, composition for two genetic groups: Canchim (5/8 Charolais + 3/8 Zebu) and MA, raised in pasture in the Embrapa Southeast - Cattle Research Center, in São Carlos - SP, and in the Ipameri Farm, Jussara - GO.

DNA was extracted from blood samples using a protein salting out method as described by Regitano (2001). The microsatellites were amplified by polymerase chain reaction (PCR) and analyzed in a capillary Sequencer ABI 3100 Avant (Applied Biosystems). An analysis of variance was performed, using the least squares method, with a statistical model that included the effects of sex, genetic groups; farm, month and year of birth, adopted handling and genotype of the marker.

Despite the markers having been chosen to delimit regions associated to the backfat thickness in other populations of bovines, significant effect of the markers in relation to the EGS, in the studied population of Canchim breed.

KEYWORDS

backfat thickness, molecular marker, quantitative trait loci

INTRODUÇÃO

Para que a genética molecular possa ser incorporada nos programas de melhoramento de bovinos de corte, é essencial que se realizem estudos da associação entre marcadores moleculares e características de produção na população em que se deseja utilizá-los, de maneira a se definirem estratégias de seleção assistida por marcadores (MAS).

A gordura externa da carcaça é o principal parâmetro para determinar o ponto de abate. Este fator é também indispensável para conferir ao produto condições mínimas de maneabilidade e palatabilidade, sendo também responsável pela redução da velocidade de resfriamento das carcaças.

A raça bovina Canchim tem sido utilizada para produção de carne no Brasil, principalmente em cruzamentos com animais zebuínos. Apesar do bom desempenho em produção, a raça apresenta baixa deposição de gordura. A identificação de quantitative trait loci (QTLs) visa auxiliar os programas de melhoramento permitindo a seleção de características economicamente importantes, principalmente aquelas em que a avaliação exige manejo de difícil incorporação aos programas de melhoramento, é realizada em idades avançadas ou após o abate do animal.

O objetivo deste trabalho foi investigar a relação existente de seis marcadores microsatélites: BMS490 e ETH10 no cromossomo 5; RM222 e ILSTS090 no cromossomo 6 e INRA133 e BMS2142 no cromossomo 19, com a espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos da raça Canchim criados em regime de pastagem.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram estudadas duas populações de animais da raça Canchim, num total de 392 animais. Uma pertencente à Embrapa Pecuária Sudeste, em São Carlos – SP, e outra na Fazenda Ipameri, em Jussara – GO. Estes animais foram avaliados quanto a EGS, dada em centímetros. As avaliações foram realizadas por equipamento de ultra-som Piemedical Scanner 200 Vet, com transdutor linear de 18 cm e 3,5 MHz. Os animais foram criados em regime de engorda a campo, e aos 18 meses em média foram submetidos à medida ultra-sonográfica.

O DNA foi extraído de amostras de sangue, conforme protocolo descrito por Regitano (2001). As regiões correspondentes aos microsatélites foram amplificadas por reação em cadeia da polimerase (PCR). Os produtos dessas amplificações foram analisados e genotipados em um seqüenciador capilar modelo ABI 3100 Avant (Applied Biosystems).

Foram estudadas as relações existentes entre seis marcadores microsatélites: BMS490 e ETH10 no cromossomo 5; RM222 e ILSTS090 no cromossomo 6 e INRA133 e BMS2142 no cromossomo 19, com a EGS, devido à existência de estudos que comprovaram que havia associações entre estas regiões com a EGS (Li et al, 2004).

As análises de variância foram realizadas usando o método de quadrados mínimos, com o modelo estatístico incluindo os efeitos de sexo, grupos genéticos; fazenda, mês e ano de nascimento, manejo adotado e o genótipo do marcador.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A média observada, o desvio padrão e o coeficiente de variação para a espessura de gordura subcutânea foi de 1,467 mm, 0,805 e 54,89%, respectivamente. Esta EGS é pequena provavelmente pelo fato desses animais terem sido criados à pasto, podendo ser devida ao próprio consumo de energia diária do animal, inadequado para promover a alta deposição de tecido adiposo subcutâneo.

Foram encontrados 16 genótipos para o marcador BMS490, 9 para o ETH10, 28 para o INRA133, 7 para o ILSTS090, 22 para o RM222, e 42 para o BMS2142. A média observada da EGS para cada genótipo encontrado está representada na tabela 1.

Não foram encontrados efeitos significativos dos marcadores em relação à EGS. É possível que a expressão do potencial genético para deposição de gordura tenha sido prejudicada nos animais estudados por esses terem sido criados em regime de pastagem. Nessas condições, a ultra-sonografia pode não ser a melhor ferramenta de avaliação, visto que a espessura de gordura em muitos animais está abaixo do nível de detecção do equipamento.

Porém Li et al (2004) descreveram a existência de conjuntos de genes responsáveis pela variação de EGS com efeitos detectáveis, tendo observado 12 haplótipos significativos, com média de efeito de 0,62 desvios padrão do valor genético (VG) para EGS, medida na região lombar, variando de 0,38 DP a 1,33 DP. Os 12 haplótipos significativos mediram nove regiões cromossômicas, uma no cromossomo 5 (65,4 a 70,0 cM), três no 6 (8,2 a 11,8 cM, 63,6 a 68,1 cM, e 81,5 a 83,0 cM), três no 19 (4,8 a 15,9 cM, 39,4 a 46,5 cM, e 65,7 a 99,5 cM), uma no 21 (46,1 a 53,1 cM), e uma no 23 (45,1 a 50,9 M). Entre as nove regiões cromossômicas, seis eram regiões novas de QTL e três mostraram acordo notável com regiões de QTL que foram relatadas previamente.

Neste presente trabalho estudou-se as regiões do cromossomo 5, entre 65,4 a 70,0 cM, onde localiza-se o BMS490 (66,207 cM), a região entre 8,2 a 11,8 cM, onde localiza-se o INRA133 (8.053cM) e a região entre 39,4 a 46,5 cM, onde localiza-se o RM222 (41,561cM) e o BMS2142 (43,319cM).

Casas et al. (2000) encontraram um QTL para espessura de gordura na região compreendida entre 40 e 80 cM do cromossomo 5 em bovino.

Taylor et al. (1998) encontraram QTL para gordura subcutânea e para gordura em extrato etéreo nas regiões cromossômicas aproximadamente 60 a 80 cM no cromossomo 19.

CONCLUSÕES

Para esta população da raça Canchim, não foram encontradas associações entre esses marcadores e a espessura de gordura subcutânea. Mais estudos nessa área devem ser realizados, pois esta é uma característica muito importante para se obter uma carcaça de qualidade e de difícil mensuração, para a qual a aplicação de seleção assistida por marcadores teria grande impacto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CASAS, E. S. D. et al. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternative forms of myostatin. *J. Anim.Sci.*, Champaign, v. 78, p. 560-569, 2000.

Li, C et al. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for backfat on bovine chromosomes 2, 5, 6, 19, 21, and 23 in a commercial line of *Bos taurus*. *J. Anim.Sci.*, Champaign, v. 82, p. 967-972, 2004.

REGITANO, L.C.A. (2001) Extração de DNA para aplicação em reação de cadeia da polimerase. In: REGITANO LCA and COUTINHO LL (Eds.) *Biologia molecular aplicada à produção animal*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, pp 179-186.

TAYLOR, J. F. L. L. et al. Candidate gene analysis of GH1 for effects on growth and carcass

composition of cattle. Anim. Genet. v.29, p.194-201, 1998.