



47<sup>a</sup> 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



UFBA –  
Salvador, BA

### Estudo da associação entre um SNP do gene *FABP4* e espessura de gordura subcutânea em uma população de bovinos da raça Canchim<sup>1</sup>

Polyana Cristine Tizioto<sup>2</sup>, Gisele Batista Veneroni<sup>2</sup>, Sarah Laguna Meirelles<sup>3</sup>, Adriana Mércia Guaratini Ibelli<sup>2</sup>, Maurício Mello de Alencar<sup>4</sup>, Henrique Nunes de Oliveira<sup>5</sup>, Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Parte do projeto de doutorado do segundo autor, financiada pela FAPESP e CAPES.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução – UFSCar/São Carlos. Bolsista da FAPESP. e-mail: [polytizioti@yahoo.com.br](mailto:polytizioti@yahoo.com.br)

<sup>3</sup>Pós doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética e Evolução – UFSCar/São Carlos. Bolsista da Capes.

<sup>4</sup>Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste/São Carlos. Bolsista do CNPq.

<sup>5</sup>Professor do Departamento de Zootecnia – UNESP/Jaboticabal

**Resumo:** O Canchim é uma raça composta, que foi criada procurando reunir a rusticidade do Nelore com a produtividade do Charolês. Esta raça vem sendo incorporada como uma opção para produção de carne no Brasil, entretanto é tardia em relação à deposição de gordura quando criada somente a pasto. Pesquisas têm sido realizadas com o objetivo identificar marcadores moleculares associados com a variação da espessura de gordura subcutânea (EGS) em bovinos de corte. O gene *FABP4* é candidato para influenciar a característica em questão. O objetivo deste trabalho foi investigar a associação entre um polimorfismo de única base (SNP) localizado no gene *FABP4* e EGS em bovinos da raça Canchim. Para essa análise foram utilizados 558 bovinos da raça Canchim criados a pasto. A associação entre os genótipos dos marcadores e medidas de espessura de gordura subcutânea foi analisada com um modelo animal, usando o método de máxima verossimilhança restrita através do programa ASREML. Foi observado efeito significativo ( $P < 0,05$ ) do SNP estudado sobre EGS nesta população da raça Canchim. Os resultados sugerem que a substituição de um alelo G por um alelo A pode conduzir à uma diminuição de 0,11 mm na média de EGS dessa população da raça Canchim.

**Palavras-chave:** Canchim, espessura de gordura, marcador molecular

### Association study between a SNP of *FABP4* gene and backfat thickness in a population of Canchim breed.

**Abstract:** The Canchim cattle is a synthetic breed which was developed aimed gather the Nelore rusticity and Charolais productivity. This breed has been incorporated as an option for meat production in Brazil, however have latter fat deposition under pasture. Studies has been conducted aiming identify molecular markers associated with variation in backfat thickness (BFT) in beef cattle. The gene *FABP4* is a candidate for influencing this trait. The aim of this study was to investigate the association between a single nucleotide polymorphism (SNP) located in the *FABP4* gene and BFT in Canchim cattle. We used 558 bovines of Canchim breed created in the pasture grazing. The association between the genotypes and phenotypic measures was analyzed with an animal model by restricted maximum likelihood method using the software ASREML. We found a significant effect ( $P < 0.05$ ) of SNP studied on EGS in this population of Canchim breed. The results suggest that the substitution of allele G by the allele A may lead to a decrease of 0.11 mm of EGS mean in this population of Canchim breed.

**Keywords:** Canchim, fat deposition, molecular marker

### Introdução

Um dos maiores desafios dos produtores brasileiros é a melhoria das características determinantes da qualidade das carcaças bovinas. A espessura de gordura subcutânea (EGS) é importante na conservação da carne, pois diminui os efeitos *post-mortem*, atuando como isolante térmico impede que as fibras musculares sofram intensa contração e reduz as perdas por desidratação durante o resfriamento, ajudando a conservar assim a cor e maciez da carne.



47<sup>a</sup> 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*



Pesquisas têm sido realizadas com o objetivo de identificar marcadores moleculares associados com a variação de EGS em bovinos de corte. Com o uso dos marcadores moleculares pretende-se aumentar a eficiência da seleção, antecipando o tempo de seleção, ou aumentando a acurácia da seleção (Davis & Danise, 1998). O gene *FABP4* (*fatty acid binding protein 4*) está localizado no cromossomo 14 de bovinos, no qual há relatos de QTLs para características de produção. Este gene codifica uma pequena proteína citoplasmática que liga longas cadeias de ácidos graxos e outros ligantes hidrofóbicos e desempenha papel na regulação da homeostase de lipídeos e glicose (Michal et al., 2006).

O objetivo deste estudo foi investigar a associação entre um SNP localizado no exon 2 do gene *FABP4* e a variação da EGS em bovinos da raça Canchim.

### Material e Métodos

Para este estudo foram utilizados 558 animais da raça Canchim (5/8 Charolês 3/8 Zebu) e do grupo genético MA (filhos de touros Charolês e vacas 1/2 Canchim + 1/2 zebu), com média de 18 meses de idade, criados a pasto. As imagens ultrassonográficas que fornecem as medidas de EGS (mm) foram coletadas transversalmente no músculo *Longissimus* na região entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup> costelas.

As amostras utilizadas para obtenção de DNA dos touros foram oriundas de palhetas de sêmen congelado e, a extração do DNA foi realizada através do método de desproteínação com solventes orgânicos. Para os novilhos foram coletadas amostras de sangue dos animais, por punção da jugular. As extrações do DNA foram realizadas a partir de leucócitos através do método *salting out*.

Para amplificação da região do exon 2 do gene *FABP4* que contém o SNP de interesse foi utilizado os seguintes primers: *forward*: 5'AATACACACACACACCTGCTC 3' e *reverse*: 5'AATACACACACACACCTGCTC 3'. A endonuclease de restrição *NmuCI* foi utilizada para genotipagem pelo método de PCR/RFLP. Animais que apresentam o genótipo GG, possuem uma substituição de uma base adenina por uma guanina, que produz um sítio de restrição adicional na região amplificada e apresentam um padrão de restrição com três fragmentos (72, 121 e 160 pares de bases). Animais com o genótipo AA são caracterizados pelo padrão de restrição de dois fragmentos (160 e 193 pares de bases).

A associação entre o genótipo do marcador e as medidas de EGS foi investigada utilizando um modelo animal, através do método de máxima verossimilhança restrita. Esta análise foi realizada com a utilização do programa ASREML. Foram formados grupos contemporâneos (GC) com as variáveis: ano de nascimento, rebanho, grupo genético (CA ou MA) e sexo. O modelo incluiu os efeitos fixos de GC e genótipos, a idade do animal na data da medida (efeito linear) como covariável e os efeitos aleatórios genéticos aditivo direto e residual.

O efeito de substituição de alelo foi calculado como desvio do alelo com maior frequência. Foi estimado pela substituição do efeito de genótipo por covariáveis representando o número de cada alelo no genótipo. Uma comparação entre o modelo contendo os genótipos do marcador e o modelo usado nas análises de efeito de substituição alélica foi realizada pelo teste de razão de verossimilhança para testar a presença de desvios de dominância do modelo aditivo.

### Resultados e Discussão

Foi encontrado para o marcador *FABP4* frequência de 49,1% para o alelo A e 50,9% para o alelo G, o que indica que o marcador tem boa distribuição alélica, o que é desejável para estudos de associação. Foi observado efeito significativo do marcador *FABP4* ( $P < 0,05$ ) sobre EGS (Tabela 1).

Tabela 1. Resultado da análise de Máxima Verossimilhança Restrita para o SNP avaliado em *FABP4*

Fontes de variação	Grau de liberdade	Valor de P
Média	1	<,001
GC	29	<,001
<i>FABP4</i>	2	0,014*
Idade	1	<,001

GL= Grau de liberdade; GC= Grupo de contemporâneos; \*P<0,05.

O gene *FABP4* é um candidato posicional e funcional para afetar a deposição de gordura, tendo sido previamente associado com características de gordura e composição de ácidos graxos na carne. Hoashi et al., (2008) encontraram associação entre o gene *FABP4* e composição de ácido palmítico e ácido linoleico, presentes na gordura intramuscular em bovinos. Michal et al., (2006) encontraram associação significativa entre este gene e escores de marmoreio e deposição de gordura subcutânea em animais F2 originados do cruzamento Wagyu x Limousin. Cho et al., (2008) encontraram associação entre dois SNPs localizados no gene *FABP4* e deposição de gordura em bovinos nativos coreanos, sendo que um dos SNPs é o mesmo abordado neste estudo.

A análise de substituição alélica indicou efeito significativo ( $P=0,004$ ). A média do efeito de substituição alélica foi igual a 0,11 mm. Os resultados sugerem que a substituição de um alelo G por um alelo A pode conduzir à uma diminuição de 0,11 mm na média de EGS dessa população da raça Canchim. O teste de comparação dos modelos completo (genótipo como efeito fixo) e reduzido (alelos como co-variável em uma regressão), realizado por máxima verossimilhança restrita (REML), não demonstrou diferença significativa entre os mesmos. Fato que indica que o efeito do marcador em *FABP4* é somente aditivo, não possuindo efeitos de desvios de dominância.

### Conclusões

Foi encontrada associação significativa do *FABP4* sobre EGS, caso esta associação sejam comprovada em outras populações, esta informação pode ser utilizada para seleção destas características em programas de melhoramento da raça Canchim.

O marcador *FABP4* apresentou efeito aditivo nesta análise, o que o torna mais interessante para utilização na seleção assistida por marcadores.

### Agradecimentos

Agradecemos o apoio da CAPES, FAPESP, CNPq e Embrapa pelos auxílios cedidos para a realização deste trabalho e todas as fazendas que nos cederam os animais para que fossem obtidas as medidas de espessura de gordura.

### Literatura citada

- CHO, S.; PARK, T.S.; CHEONG, H.S. et al. Identification of genetic polymorphisms in *FABP3* and *FABP4* and putative association with back fat thickness in Korean native cattle. **BMB Rep.** v.41, n.1, p.29-34, 2008.
- DAVIS, G. P & DANISE S. K. The Impact of Genetic Markers on Selection. **J. Anim. Sci.** v. 76 p. 2331–2339, 1998.
- HOASHI, S.; HINENOYA, T.; TANAKA, A. et al. Association between fatty acid compositions and genotypes of *FABP4* and *LXR-alpha* in Japanese Black cattle. **BMC Genetics**, v. 9, p. 2156-2159, 2008.
- MICHAL, J.J.; ZHANG, Z.W.; GASKINS, C.T. et al. The bovine fatty acid binding protein 4 gene is significantly associated with marbling and subcutaneous fat depth in Wagyu x Limousin F2 crosses. **Animal Genetics**, v. 37, p. 400-402, 2006.