



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém - PA, 18 a 21 de Julho de 2011



População referência para validação de estudos genômicos e descoberta de genes em frango de corte¹

Jane de Oliveira Peixoto², Alexandre Luis Tessmann², Márcio Gilberto Saatkamp², Danísio Prado Munari³, Mônica Corrêa Ledur²

¹Pesquisa financiada pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico -CNPq (processo 481755/2007-1);

²Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil; e-mail: jane@cnpqa.embrapa.br

³Departamento de Ciências Exatas FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil

Resumo: A população referência foi desenvolvida para a validação de resultados obtidos nas pesquisas em genômica e descoberta de genes em aves. Essa população foi obtida pela expansão da linhagem paterna de frango de corte TT, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. Aos 42 dias de idade, 1465 aves de ambos os sexos foram abatidas e várias características fenotípicas mensuradas. Essa população apresenta banco de DNA genômico, registro de pedigree e banco fenotípico com cerca de 60 características de interesse para a avicultura. Foi investigada a segregação de marcadores em três genes candidatos na população. Os marcadores estudados apresentaram segregação alélica satisfatória entre os indivíduos TT, indicando o potencial dessa população para validar resultados de pesquisa em genômica aplicados a frango de corte.

Palavras-chave: genômica de aves, melhoramento genético, parâmetros genéticos, segregação alélica

Reference population for validation of genomic studies and gene discovery in broiler

Abstract: The reference population was developed for validating results from genomic studies and for gene discovery in poultry. This population was generated using the TT broiler line developed by the Embrapa Suínos e Aves breeding program. Data from 1465 chickens slaughtered at 42 days of age were used. This population presents DNA bank, pedigree information e phenotypic data from about 60 important traits in poultry. The allelic segregation of markers in three candidate genes was investigated in the population. The markers analyzed had satisfactory allelic segregation among the TT chickens, which indicates the potential use of this population to validate results from genomics research applied to broiler.

Keywords: allelic segregation, chicken genomics, genetic parameters, poultry breeding

Introdução

O grande avanço na geração de conhecimentos sobre os genomas vem contribuindo para decifrar parte do controle genético de características de interesse econômico. A grande maioria desses estudos em animais domésticos utiliza como base populações segregantes F2. Contudo, os resultados obtidos nessas populações experimentais precisam ser validados em populações comerciais. Portanto, a validação é uma etapa importante para a incorporação da tecnologia dos marcadores na avaliação genética.

Para o desenvolvimento de uma população referência é preciso que esta seja representativa da população estudada, tenha um número considerável de características avaliadas em grande número de animais e apresente variabilidade fenotípica e alélica entre os indivíduos. Em aves, são raras as populações referência para estudos genômicos, não existindo outra população no Brasil constituída a partir de linha pura. Além disso, existe a histórica dificuldade em se estabelecer parcerias para ter acesso ao material genético dos rebanhos núcleo de empresas de Genética Avícola, o que impossibilita o uso dessas populações comerciais como referência para estudos genômicos. Dessa forma, objetivou-se neste trabalho divulgar o desenvolvimento da população referência TT para validação de estudos genômicos e descoberta de genes.



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



Material e Métodos

Essa população foi obtida pela expansão da linhagem paterna de frango de corte TT pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. A população referência foi formada pelo acasalamento de 20 machos com 92 fêmeas (1:5) de uma linhagem selecionada desde 1992 para melhorar o peso corporal, conversão alimentar, rendimento de carcaça e de partes, viabilidade, fertilidade e eclodibilidade. Os animais foram criados com programas de vacinação e manejo preconizados para frango de corte. Foram utilizados 1600 pintos de um dia de idade, de ambos os sexos, provenientes de cinco incubações. Para as avaliações fenotípicas, as aves foram mantidas em boxes coletivos até 35 dias de idade e dos 35 aos 41 dias de idade foram alojadas em gaiolas individuais para a avaliação da conversão alimentar. Aos 42 dias de idade, 1465 aves foram abatidas após jejum pré abate de no mínimo de 8 horas. Foram avaliadas cerca de 60 características de diversos grupos, sendo eles: características de crescimento – peso ao nascer, aos 21, 35, 41 e 42 dias de idade; características de carcaça e cortes – peso pós-sangria e depena, peso da carcaça resfriada, gordura abdominal, cabeça, pés, pescoço, asa, meio da asa, coxa da asa, coxa, carne da coxa, sobrecoxa, carne de sobrecoxa, peito, carne do peito, peso do filé de peito e peso do dorso; órgãos internos, pele e ossos – peso do coração, moela, fígado, pulmão, osso do peito, da tíbia e do fêmur, pele da coxa, pele da sobrecoxa e pele do peito. Também foram avaliadas as características consumo de ração, ganho de peso e conversão alimentar dos 35 aos 41 dias de idade e os rendimentos de cortes de carcaça que são características compostas: rendimentos de carcaça, gordura abdominal, cabeça, pés, pescoço, asa, meio da asa, coxa da asa, coxa, carne da coxa, sobrecoxa, carne da sobrecoxa, peito, carne de peito, filé de peito, dorso, coração, moela, fígado, pulmão, osso do peito, tíbia, fêmur, pele da coxa, pele da sobrecoxa e de pele de peito. Os ossos da tíbia e do fêmur foram colhidos para posterior análise de características relacionadas à integridade óssea.

No abate foram coletados cinco ml de sangue para extração do DNA genômico. Para verificar o potencial dessa população para estudos genômicos foram inicialmente investigados três marcadores moleculares nos genes ACTA1 (alfa actina 1), GHRL (grelina) e LEPR (receptor da leptina). Os marcadores ACTA1 e LEPR apresentaram associação com características produtivas na população experimental F2 da Embrapa Suínos e Aves. O marcador GHRL apresentou associação com crescimento e deposição de músculo em uma população experimental (Fang et al., 2007). As condições de amplificação e clivagem com enzima de restrição para os três marcadores estão apresentadas, respectivamente, em Peixoto et al. (2008), Peixoto et al. (2010a) e Fang et al. (2007).

Resultados e Discussão

A população referência desenvolvida apresenta banco fenotípico com diversas características de interesse para a avicultura, registro de pedigree e banco de DNA genômico. Além do conhecimento das médias e variação genética, estimativas de parâmetros como herdabilidades e correlações genéticas são necessários para se avaliar o potencial da população referência para validação de resultados genômicos. Uma vez conhecidos, esses parâmetros permitirão a melhor utilização de estratégias genômicas e a interpretação sobre a influência e natureza da ação dos genes envolvidos na herança de características complexas, como o crescimento e conversão alimentar. Algumas características como peso da carcaça pós-sangria e depena, peso das peles, ossos e as medidas fracionadas dos cortes da coxa, sobrecoxa, peito e asa não são medidas convencionalmente. Porém, essas medidas fracionadas dos cortes podem melhorar o entendimento da arquitetura genética que controla o desenvolvimento do frango de corte.

Em Venturini et al. (2010) e Peixoto et al. (2010b) estão apresentados parâmetros genéticos para algumas características de desempenho e rendimentos da carcaça da população referência TT. De acordo com a observação dos desvios-padrão e existência de herdabilidades moderadas, respectivamente, existe variabilidade fenotípica e genética aditiva considerável entre os indivíduos dessa população, apesar da seleção praticada dentro de linha por vários anos. Isso demonstra que a variabilidade se mantém dentro de linhagens, mesmo em populações intensamente selecionadas em programas de melhoramento genético.

No estudo de marcadores, os três genótipos possíveis foram encontrados na população, indicando a segregação de alelos na linha pura TT. As frequências alélicas e genotípicas são apresentadas



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



na Tabela 1. A elevada heterozigotidade é uma excelente característica dos marcadores ACTA1 e GHRL. Verificou-se que o alelo menos frequente foi o G do marcador LEPR (22,09%), sendo a frequência do homozigoto GG igual a 4,85%. Essas frequências alélicas e genotípicas garantem a precisão nas análises estatísticas e permitem que os valores aditivos e os desvios da dominância possam ser estimados para cada marcador, uma vez que estes são obtidos por meio de contrastes envolvendo todos os genótipos. Além disso, o marcador LEPR foi investigado por Peixoto et. al. (2010a) quanto à associação com características de desempenho. De acordo com os resultados, observou-se associação significativa com os pesos aos 35, 41 e 42 dias de idade, peso pós-sangria e depena e peso da carcaça resfriada. Isso é mais um indicativo da eficiência dessa população como referência para estudos genômicos.

Comprovada a eficiência dessa população, a perspectiva é utilizá-la como base para a validação de marcadores em desenvolvimento para características de crescimento e carcaça em frango de corte e também para o mapeamento fino de regiões importantes com o uso de mapas densos de SNPs. Outra linha de interesse é o mapeamento de QTLs (locos que controlam características quantitativas) associados à integridade óssea em aves, que além de estarem relacionados com problemas metabólicos e de produção, estão diretamente associados ao bem-estar animal.

Tabela 1 – Frequências alélicas e genotípicas dos marcadores ACTA1, GHRL e LEPR na população referência TT.

Marcador	Frequência alélica (%)			Frequência genotípica (%)		
ACTA1	65,73 (G)	34,27 (C)	41,58 (GG)	48,30 (GC)	10,12 (CC)	
GHRL	59,06 (A)	40,94 (B)	34,74 (AA)	48,64 (AB)	16,62 (BB)	
LEPR	77,91 (A)	22,09 (G)	60,68 (AA)	34,47 (AG)	4,85 (GG)	

Conclusões

Existe variabilidade genética para as características analisadas e os marcadores estudados apresentam segregação alélica satisfatória entre os indivíduos TT, indicando o potencial dessa população como referência para estudos genômicos em aves.

Os dados dessa população referência poderão ser utilizados por instituições nacionais ou internacionais, mediante convênios e parcerias com a Embrapa Suínos e Aves, tanto para validação de marcadores como descoberta de genes para uso em programas de melhoramento genético avícola.

Literatura citada

- FANG, M.; NIE, Q.; LUO, C.; ZHANG, D.; ZHANG, X. An 8bp indel in exon 1 of Ghrelin gene associated with chicken growth. **Domestic Animal Endocrinology**, v. 32, n.3, p216-25, 2007.
- PEIXOTO, J. O.; JARDIM, S.N.; AMAZONAS, E. A.; ALVES, H. J.; COUTINHO, L. L.; LEDUR, M. C. Associação entre polimorfismo no gene da alfa actina e características produtivas em galinha. In: CONFERENCIA APINCO DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA AVÍCOLAS, 2008, Santos, SP, **Anais...** FACTA, 2008.
- PEIXOTO, J. O.; PERI, E.; NINOV, K.; JARDIM, S. N.; FONGARO, G.; COUTINHO, L. L.; LEDUR, M. C. Validação do marcador molecular LEPR1 A>G para características de crescimento em linhagem paterna de frango de corte. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010, Maringá, PR. **Anais...** Maringá: SBMA, 2010a.
- PEIXOTO, J. O.; TESSMANN, A.L.; FIGUEIREDO, E. A. P.; MUNARI, D. P.; LEDUR, M. C. Avaliação genética de características de desempenho em população referência para validação de estudos genômicos em frango de corte. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010, Maringá, PR. **Anais...** Maringá: SBMA, 2010b.
- VENTURINI, G. C.; GROSSI, D. A.; BUZANSKAS, M. E.; EL FARO, L.; LEDUR, M. C.; PEIXOTO, J. O.; SCHMIDT, G. S.; MUNARI, D.P. Genetic Evaluation Of Body Weight, Skin Weight And Carcass Yield Of Broilers. In: 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2010, Leipzig, Alemanha, [2010]. (CD-ROM).