

## IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

### **Análise haplotípica do gene ASAP1 associado com maciez de carne em bovinos da raça Nelore<sup>1</sup>.**

**Polyana Cristine Tizioto<sup>2</sup>, Patrícia Tholon<sup>3</sup>, Maurício de Alvarenga Mudadu<sup>3</sup>, Flavia Aline Bressani<sup>3</sup>, Rede bife de qualidade<sup>4</sup> e Luciana Correia de Almeida Regitano<sup>3</sup>.**

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

<sup>2</sup>Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética Evolutiva e Biologia Molecular – UFSCar/São Carlos, São Paulo.

Bolsista da FAPESP. e-mail: polytizioto@yahoo.com.br

<sup>3</sup>Embrapa Pecuária Sudeste/São Carlos, São Paulo

<sup>4</sup><http://www.macroprograma1.cnptia.embrapa.br/bifequali>

**Resumo:** A maciez da carne tem impacto importante na satisfação dos consumidores, portanto, o conhecimento da variação desta característica, assim como a prospecção de genes ou segmentos genômicos que influenciem a mesma, pode ajudar no desenvolvimento de critérios quantitativos e moleculares para seleção de bovinos de corte. A análise haplotípica com os SNPs do gene ASAP1 representados no *Illumina BovineHD BeadChip* mostram que estes marcadores estão associados com força de cisalhamento medida após 7 dias de maturação da carne nessa população da raça Nelore. A validação desses resultados em outras populações poderá contribuir para inclusão desses marcadores em programas de melhoramento da raça Nelore.

**Palavras-chave:** genes candidatos, força de cisalhamento, *Bos indicus*.

#### **Haplotypic analysis of ASAP1 gene associated with meat tenderness in Nelore breed**

**Abstract:** The meat tenderness has an important impact on consumers satisfaction, therefore, the knowledge of variation of this trait as well as the search for genes and genomic regions that influence this trait can help in the development of quantitative and molecular criteria for selection of beef cattle. The haplotype analysis with the SNPs located in the ASAP1 gene represented in the *Illumina BovineHD BeadChip* showed an association between this gene and shear force measured 7 days post mortem in this population of Nelore breed. The validation of these results in other populations may contribute to inclusion of these markers in breeding programs of Nelore breed.

**Keywords:** candidate genes, shear force, *Bos indicus*.

#### **Introdução**

A variação da maciez da carne bovina afeta a palatabilidade e tem impacto importante na satisfação dos consumidores. Apesar disso, a seleção para maciez e outros atributos de qualidade da carne não tem sido efetiva em programas de melhoramento de gado de corte no Brasil.

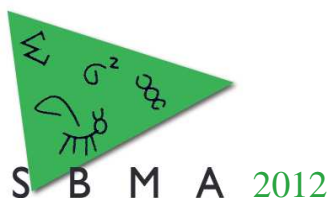
Estudo conduzido por King et al. (1999) indica que ASAP1 (ArfGAP with SH3 domain, ankyrin repeat and PH domain 1), localizado no cromossomo 14, é uma importante proteína de transdução de sinal envolvida na diferenciação de fibroblastos em adipócitos e possivelmente de outros tipos celulares. Estudos anteriores haviam demonstrado a associação entre um SNP nesse gene e medidas de maciez de carne em uma amostra dessa população da raça Nelore (Tizioto, 2010).

O presente estudo objetivou analisar a associação entre 21 combinações haplotípicas do gene ASAP1 e maciez de carne em bovinos da raça Nelore

#### **Material e Métodos**

Foram utilizados 470 animais descendentes de 32 touros registrados da raça Nelore, escolhidos para representar a variabilidade dentro da raça.

Por ocasião do abate, foram coletados bifés de 2,5 cm de espessura do músculo longissimus (contra filé). As análises de maciez foram realizadas quando as amostras de carne apresentaram diferentes fases de maturação: ao serem disponibilizadas pelo frigorífico, aproximadamente 24 horas após o abate (t=0); e após sete dias (t=7) e quatorze dias (t=14) de maturação em câmara fria.



Os animais foram genotipados através do *Illumina BovineHD BeadChip*. Dentre os SNPs que compõem esse chip há 169 SNPs dentro do gene *ASAP1*. Foram inferidas as fases de ligação entre esses SNPs através do software *FastPhase*. Os blocos haplotípicos foram construídos utilizando o programa *Haploview*.

Nas análises para avaliar a influência dos marcadores sobre a maciez de carne foi utilizado um modelo misto com os efeitos fixos de grupo de contemporâneos e genótipos do marcador, a idade do animal na data do abate e o pH foram incluídos como covariáveis, além do efeito aleatório do touro (progenitor). Para formação dos grupos de contemporâneos foram considerados, os efeitos de local de nascimento, local de confinamento e lote de abate. As análises foram realizadas pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) utilizando o programa *SAS*.

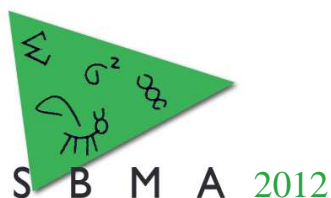
### Resultados e Discussão

Dos 169 SNPs localizados no gene *ASAP1* presentes na plataforma do chip, 48 SNPs não formaram blocos de desequilíbrio de ligação com nenhum dos outros SNPs presentes no chip dentro deste gene. Com a inferência de fase de ligação e construção de blocos, a partir dos 121 SNPs restantes foram construídos 21 haplótipos utilizados para realizar o estudo de associação com maciez da carne.

A maioria dos haplótipos do gene *ASAP1* estão associados com maciez de carne medida após 7 dias de maturação (Tabela 1).

Tabela 1. Efeito dos haplótipos do gene *ASAP1* sobre as diferentes medidas de força de cisalhamento

Fonte de variação	Valor de P		
	Características		
	FC/t=0	FC/t=7	FC/t=14
	(Kg)	(Kg)	(Kg)
<i>Haplótipo 1</i>	0.4991	0.0060**	0.0400*
<i>Haplótipo 2</i>	0.4153	0.2521	0.2672
<i>Haplótipo 3</i>	0.5365	0.0060**	0.0400*
<i>Haplótipo 4</i>	0.4153	0.2521	0.2672
<i>Haplótipo 5</i>	0.5263	0.0191*	0.0594
<i>Haplótipo 6</i>	0.5263	0.0191*	0.0594
<i>Haplótipo 7</i>	0.4109	0.2569	0.2443
<i>Haplótipo 8</i>	0.4698	0.0849	0.0791
<i>Haplótipo 9</i>	0.4683	0.4059	0.6285
<i>Haplótipo 10</i>	0.2342	0.0109*	0.2940
<i>Haplótipo 11</i>	0.1069	0.0054**	0.0813
<i>Haplótipo 12</i>	0.3917	0.1433	0.1838



<i>Haplótipo 13</i>	0.2342	0.0109*	0.2940
<i>Haplótipo 14</i>	0.6709	0.0076**	0.1338
<i>Haplótipo 15</i>	0.1069	0.0054**	0.0813
<i>Haplótipo 16</i>	0.1069	0.0054**	0.0813
<i>Haplótipo 17</i>	0.6709	0.0076**	0.1338
<i>Haplótipo 18</i>	0.2342	0.0109**	0.2940
<i>Haplótipo 19</i>	0.1069	0.0054**	0.0813
<i>Haplótipo 20</i>	0.2342	0.0109**	0.2940
<i>Haplótipo 21</i>	0.2342	0.0109**	0.2940

\*P<0,05; \*\*P<0,01

O gene ASAP1 está localizado no cromossomo 14 bovino aonde existem relatos de QTLs para espessura de gordura e marmoreio (Casas et al., 2003). Um estudo realizado por King et al. (1999) indicaram que o gene ASAP1 tem um papel importante no processo de transdução de sinal, em que um sinal é passado através de uma célula para provocar uma mudança na atividade ou estado de outra célula.

Este gene codifica um sinal de proteínas de transdução envolvidas na diferenciação de fibroblastos em adipócitos e eventualmente, outros tipos celulares. Embora o papel do gene ASAP1 esteja apenas comprovado em diferenciação de adipócitos, o envolvimento no processo de diferenciação de outros tipos celulares é sugerido na literatura (King et al., 1999). A partir dos nossos resultados, é possível especular que este gene pode estar envolvido na diferenciação de fibras musculares também. Outra hipótese é que este poderia estar em desequilíbrio de ligação com os genes funcionais envolvidos na rigidez da carne.

#### Conclusões

O gene ASAP1 está associado com força de cisalhamento medida após 7 dias de maturação da carne nessa população da raça Nelore. A validação em outras populações dessa raça pode contribuir para a inclusão desses marcadores em programas de melhoramento.

#### Agradecimentos

À Empresa Brasileira de pesquisa Agropecuária, à FAPESP e ao CNPq (projeto 476687/2010-1 Edital MCT/CNPq N° 14/2010 – Universal).

#### Literatura citada

CASAS, E., S. D., SHACKELFORD, J. W. KEELE, M. KOOHMARAIE, T. P. SMITH, AND R. T. STONE. Detection of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. *Journal of Animal Science*, v.81, p. 2976-2983, 2003.

KING, F.J.; HU, E.; HARRIS, D.F. ET AL., DDEF-1 A novel SRC SH binding protein that promotes adipogenesis in fibroblastic cell lines. *Molecular Cellular Biology*, v.19, p. 2330-2337, 1999.

Tizioto, P.C. Genes candidatos para famílias de referência da raça Nelore. São Carlos, 2010. 107p. Dissertação de mestrado – Departamento de Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos.