

**ANA PAULA GOMES PINTO**

**DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS NOS  
CROMOSSOMOS 9 E 10 DE SUÍNOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

**VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2008**

**ANA PAULA GOMES PINTO**

**DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS NOS  
CROMOSSOMOS 9 E 10 DE SUÍNOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 28 de julho de 2008

---

Prof.<sup>a</sup> Simone E. Facioni Guimarães  
(Co-orientador)

---

Prof. Paulo Luiz Souza Carneiro

---

Prof. Aldrin Vieira Pires

---

Pesq. Marco Antônio Machado

---

Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

Aos meus pais, Ildevando e Raimunda.

“Não basta ensinar ao homem uma especialidade. Porque se tornará assim uma máquina utilizável, mas não uma personalidade. É necessário que adquira um sentimento, um senso prático daquilo que vale a pena ser empreendido, daquilo que é belo, do que é moralmente correto. A não ser assim, ele se assemelhará, com seus conhecimentos profissionais, mais a um cão ensinado do que a uma criatura harmoniosamente desenvolvida. Deve aprender a compreender as motivações dos homens, suas quimeras e suas angústias para determinar com exatidão seu lugar exato em relação a seus próximos e à comunidade.”

Albert Einstein

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelas oportunidades, encontros e desencontros que definem a minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais, Ildevando e Raimunda, pelo amor e apoio incondicionais.

Ao Prof. Paulo Sávio Lopes, pela orientação, confiança e ensinamentos.

À Prof<sup>ª</sup>. Simone, pelas contribuições e auxílios.

Aos estagiários Marcos e Miguel pela amizade e indispensáveis auxílios.

Às amiga Débora e Katiene, pelo apoio, ensinamentos e pelas angústias e aprendizagens compartilhadas.

Ao pessoal do LABTEC, Priscila, Bruna, Carlos, Kleibe, Nicola, Gustavo, André e Mayara, pela agradável convivência.

Ao funcionário do LABTEC, Mário, pela amizade, conselhos e auxílios.

Às companheiras de república Cris, Su, Deisy e Bebel por terem se tornado a minha segunda família.

À turma da ZOO 2001, especialmente aqueles que conseguiram transformar coleguismo em amizade.

Aos funcionários da Granja de Melhoramento Genético de Suínos/DZO.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho

## **BIOGRAFIA**

ANA PAULA GOMES PINTO, filha de Ildevando Tito Pinto e Raimunda Gomes Pinto, nasceu em João Monlevade, Estado de Minas Gerais, em 12 de julho de 1982.

Em abril de 2001, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, concluindo-o em maio de 2006.

Em outubro de 2006, iniciou o curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa.

Em 28 de julho de 2008, submeteu-se ao exame final de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Genética e Melhoramento, na Universidade Federal de Viçosa.

## ÍNDICE

RESUMO .....	viii
ABSTRACT .....	ix
1 INTRODUÇÃO .....	i
2 REVISÃO DE LITERATURA .....	2
2.1 Marcadores Moleculares .....	2
2.2 Mapas Genéticos .....	3
2.3 Locos de Características Quantitativas - QTL .....	3
2.4 Mapeamento de QTL .....	4
2.5 Procedimentos Estatísticos para Detecção de QTL .....	7
2.6 Seleção Assistida por Marcadores .....	8
2.7 Cromossomo 9 .....	10
2.8 Cromossomo 10 .....	11
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	13
3.1 Coleta de Material para Análise .....	13
3.2 Extração do DNA .....	18
3.3 Locos de Microssatélites .....	18
3.4 Amplificação .....	19
3.5 Análises Estatísticas .....	20
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	22
4.1 Otimização das Reações de PCR .....	22
4.2 Análise dos Locos Microssatélites .....	23
4.3 Mapa de Ligação .....	25
4.4 Detecção de QTL .....	27
4.4.1 Características de Desempenho .....	27
4.4.2 Características de Carcaça, Órgãos e Vísceras .....	29

4.4.3 Características de Corte de Carcaça.....	35
4.4.4 Características de Qualidade da Carne.....	37
5 CONCLUSÕES .....	40
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	41

## RESUMO

PINTO, Ana Paula Gomes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Julho de 2008.  
**Detecção de Locos de Características Quantitativas nos Cromossomos 9 e 10 de Suínos.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Co-Orientadores: Simone Eliza Facioni Guimarães e Robledo de Almeida Torres.

QTL são associações estatísticas entre dados relativos a uma região genômica e a variabilidade fenotípica existente entre populações segregantes. Para identificação e avaliação dos efeitos de tais associações, foi feito o mapeamento dos cromossomos 9 e 10 de suínos pertencentes a uma população F2, oriunda do cruzamento entre as raças Piau e Comercial (Landrace X Large White X Pietrain), composta por 714 animais. A população foi avaliada em relação a características de desempenho, carcaça, órgãos e vísceras, cortes de carcaça e qualidade da carne. Foram estudados um total de 9 locos microssatélites distribuídos nos cromossomos, sendo seis localizados no cromossomo 9 e três no cromossomo 10. Os locos foram avaliados em relação à frequência alélica, heterozigosidade observada, heterozigosidade esperada e conteúdo de informação polimórfica, sendo que aqueles considerados informativos foram utilizados na construção dos mapas de ligação, a partir do programa CRIMAP versão 2.4. A ordem dos marcadores no presente mapa foi semelhante àquela apresentada pelo mapa do USDA-MARC. No entanto, os mapas médios entre sexos dos cromossomos 9 e 10 obtidos no presente estudo possuem comprimentos superiores, respectivamente, 27,75% e 124,60% em relação aos mapas do USDA-MARC. As análises de associação foram feitas utilizando mapeamento de intervalo por regressão para detecção de QTL, com o auxílio do programa QTL EXPRESS. Foram detectados três QTL significativos ao nível cromossômico no cromossomo 9 para peso total do carré ( $P < 0,01$ ), peso do lombo ( $P < 0,05$ ) e comprimento total do intestino delgado ( $P < 0,05$ ), respondendo, respectivamente, por 6,7%, 4,0% e 4,9% da variação fenotípica. No cromossomo 10, foram detectados dois QTL significativos ao nível cromossômico para maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar ( $P < 0,05$ ) e índice de vermelho ( $P < 0,05$ ), ambos respondendo por 2,4% da variação fenotípica, e um QTL significativo ao nível genômico para peso de fígado ( $P < 0,01$ ), respondendo por 6,9% da variação fenotípica. As informações dos QTL significativos encontrados servem para estudos futuros como o mapeamento fino e a identificação de genes que ajudem no melhor entendimento da fisiologia e das características de produção de suínos.

## ABSTRACT

PINTO, Ana Paula Gomes, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July 2008.  
**Detection of Quantitative Trait Loci on Pig Chromosome 9 and 10.** Adviser:  
Paulo Sávio Lopes. Co- Advisers: Simone Eliza Facioni Guimarães and Robledo de  
Almeida Torres.

QTL are statistical associations of a genomic region and the phenotypic variation between segregating populations. The variation in a quantitative trait of interest can be related with the genotype of a molecular marker if this marker is close and linked to quantitative trait loci (QTL). To identify these associations, the mapping of chromosomes 9 and 10 was conducted in a F<sub>2</sub> population composed of 714 animals derived from Piau X Commercial (Large White Landrace X Pietrain) crosses. The population was evaluated by performance, carcass, internal organs, viscera, carcass cuts and meat quality traits. Six microsatellites loci on chromosome 9 and three microsatellites loci on chromosome 10 were studied. The loci were analyzed for genic frequency, observed heterogosity, expected heterozigosity and polymorphic information content. Linkages maps were also constructed through the CRIMAP 2.4 program for the informative markers. The orders of all microsatellite loci were in accordance with the published USDA-MARC map. However, sex average maps of chromosomes 9 and 10 were, respectively, 27.75% and 124.60% longer than the published USDA-MARC. Association analyses were performed using interval mapping by regression for QTL detection. Three significant QTL to chromosomal levels were detected on chromosome 9 for total (bone-in) loin weight ( $P < 0.01$ ), boneless loin weight ( $P < 0.05$ ) and small intestine length ( $P < 0.05$ ), responding, respectively, by 6.7%, 4.0% and 4.9% of phenotypic variance. Two significant QTL to chromosomal levels have been detected on chromosome 10 for higher backfat thickness on the shoulder region ( $P < 0.05$ ) and redness ( $P < 0.05$ ), both responding by 2.4% of phenotypic variance and one significant QTL to genomic level for liver weight ( $P < 0.01$ ) responding by 6.9% of phenotypic variance. The generated information of significant QTL will be useful for future studies dealing with fine mapping and identification of genes that could provide a better understanding of physiology and production traits of pigs.

## **1 INTRODUÇÃO**

A suinocultura brasileira deixou de ser uma atividade complementar nas pequenas propriedades familiares, tornando-se uma atividade tecnicizada e empresarial. Segundo a Pork Expo, as exportações brasileiras seguem em ritmo de crescimento, representando em 2007, 2,68% do total de carne suína produzida no mundo e garantindo ao Brasil o posto de quarto maior produtor mundial. O Brasil tem atualmente um plantel de 34 milhões de cabeças e estima-se que 400 mil pessoas dependam diretamente da cadeia produtiva da suinocultura brasileira.

O maior desafio para os suinocultores é a crescente exigência do mercado por eficiência, rapidez e qualidade, o que leva estes criadores a utilizar novas tecnologias com o objetivo de aumentar a competitividade de seus produtos. Dentre as tecnologias disponíveis, estão as técnicas de avaliação do DNA dos animais domésticos, permitindo a compreensão da relação biológica existente entre os genes e as características de interesse comercial. Nesse sentido, polimorfismos de DNA são usados como marcadores genéticos, possibilitando a identificação de regiões do genoma que influenciam a variação fenotípica de características quantitativas, sendo estas regiões denominadas locos de características quantitativas (QTL).

O mapeamento genômico para detecção de QTL utiliza marcadores genéticos espalhados por todo o genoma para a identificação de genes. Para tal, é necessário estabelecer uma população que esteja segregando para a característica de interesse, utilizando um delineamento apropriado. Com a utilização de métodos estatísticos adequados, é possível identificar o QTL, bem como estimar sua posição e efeito. A vantagem desse procedimento é que não exige conhecimento prévio dos genes envolvidos na expressão fenotípica.

Objetivou-se, com este estudo, detectar e avaliar o efeito de QTL localizados nos cromossomos 9 e 10, para características de desempenho, carcaça, órgãos e vísceras, cortes de carcaça e qualidade de carne, em uma população F2 de suínos formada a partir do cruzamento divergente entre machos da raça naturalizada Piau e fêmeas comerciais (Landrace X Large White X Pietrain).

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Marcadores Moleculares

Marcador molecular é qualquer fenótipo molecular resultante de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA correspondente a regiões do genoma expressas ou não (Ferreira e Grattapaglia, 1996). Caso comporte-se conforme as Leis Mendelianas, um marcador molecular pode ser considerado um marcador genético e assim, regiões polimórficas de DNA podem ser utilizadas para a localização relativa de segmentos cromossômicos ou de genes responsáveis por variações fenotípicas observadas em características de interesse.

Antes dos marcadores moleculares, características morfológicas eram freqüentemente relacionadas como marcadores e a partir de 1950, as proteínas se tornaram úteis por meio das análises isoenzimáticas.

Dentre os marcadores mais utilizados, estão os microssatélites, que segundo Guimarães (2001), são seqüências curtas, compostas de repetições em tandem de um a seis nucleotídeos. Os microssatélites são flanqueados por seqüências supostamente únicas no genoma e conservados entre indivíduos da mesma espécie e até entre espécies relacionadas. Essas seqüências únicas servem como molde para a síntese de primers de microssatélites, que permitirão a amplificação do segmento de DNA que possui a região repetitiva, ou seja, a amplificação do loco único de microssatélite.

Marcadores microssatélites têm sido bastante utilizados em projetos de mapeamento por apresentar alto grau de polimorfismo alélico e co-dominância. Além disso, estão amplamente distribuídos pelo genoma de eucariotos, permitem a automação das análises, sendo que estas possuem confiabilidade e reprodutibilidade, e os mapas genéticos de algumas espécies domésticas de interesse econômico possuem alta densidade. O alto grau de polimorfismo observado nos microssatélites ainda não é totalmente compreendido, mas sugere-se que sua origem esteja associada à ocorrência de *crossing-over* desigual entre as cromátides irmãs ou a erros de replicação do DNA, em um processo conhecido como *slippage* ou deslizamento da DNA polimerase.

Outra classe de marcadores moleculares que vem sendo muito utilizada em análises genômicas são os SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*), que consistem em alterações, com freqüência mínima de 1% na população, de uma única base entre

fragmentos homólogos de DNA, podendo ocorrer tanto em regiões codificadoras como em regiões não codificadoras do genoma. Os SNPs mais comuns, encontrados em diferentes espécies, são os de transição (em que uma base púrica é substituída por outra púrica) e de transversão (em que uma base púrica é substituída por uma pirimídica, ou vice-versa). Os SNPs são mais frequentes que os polimorfismos de microssatélites e estão uniformemente distribuídos pelo genoma de eucariotos.

## **2.2 Mapas Genéticos**

O mapa genético de um organismo é um modelo abstrato do arranjo linear de um grupo de genes ou marcadores (Schuster e Cruz, 2004), sendo que a sua construção constitui o primeiro passo para pesquisas em análise genômica.

Um mapa genético de ligação é construído pela análise de segregação de uma família, ou seja, a herança dos marcadores genéticos é traçada a partir dos progenitores heterozigotos para a progênie. Por meio da genotipagem dos pais e da progênie de uma população, em relação a um par de marcadores, é possível determinar se eles estão sendo herdados ligados num mesmo cromossomo, ou independentemente, em cromossomos diferentes. Assim, a construção de um mapa genético baseia-se na informação das recombinações genéticas, sendo estas recombinações resultantes do processo meiótico denominado *crossing-over*. Dessa forma, a distância entre locos é expressa em porcentagem de recombinação, podendo ser convertida em unidades de mapeamento (centiMorgans - cM) através da utilização de diferentes funções de mapeamento.

O mapeamento genético possibilita a cobertura e a análise completa de genomas, a decomposição de características genéticas complexas nos seus componentes Mendelianos, a localização de regiões genômicas que controlam caracteres de importância econômica, a quantificação do efeito dessas regiões na característica estudada e a canalização de toda essa informação para uso em programas de melhoramento (Lee, 1995).

## **2.3 Locos de Características Quantitativas - QTL**

Caracteres quantitativos caracterizam-se por apresentarem, em uma determinada população, uma infinidade de diferentes valores, cuja variação se distribui conforme um padrão contínuo, sem uma separação nítida entre as classes. São também conhecidos

como caracteres contínuos ou métricos e suas avaliações são dependentes de mensurações. As características de interesse econômico em animais domésticos, em geral, são quantitativas e transmitidas às gerações subseqüentes conforme um padrão de herança poligênico, cujos princípios genéticos envolvidos são os de segregação Mendeliana simples. Como a segregação desses genes não pode ser acompanhada individualmente, houve a necessidade do desenvolvimento de metodologias essencialmente estatísticas para o estudo desses caracteres métricos, as quais requerem avaliações realizadas em populações, utilizando-se de valores de médias, variâncias e covariâncias.

Por definição, *Quantitative Trait Loci* (QTL) são regiões cromossômicas relacionadas com a variação das características quantitativas. Os QTL têm sido identificados como associações estatísticas entre dados relativos a uma região genômica e a variabilidade fenotípica existente entre populações segregantes (Liu, 1998).

A hipótese empregada para a localização de um QTL é de que marcadores moleculares polimórficos estejam próximos e suficientemente ligados ao QTL, de forma que, na maioria da progênie de um indivíduo heterozigoto para o marcador, seja possível associar a variação na característica quantitativa de interesse com o genótipo do marcador, que será indicativo do genótipo do QTL. A frequência de ocorrência de recombinação causada por *crossing-over* nos cromossomos dos indivíduos parentais permitirá estabelecer a estimativa da distância genética entre o marcador e o QTL. Como a localização do marcador é conhecida, será possível conhecer a estimativa da localização do QTL. Assim, uma das premissas para a detecção e a correta avaliação dos efeitos de um QTL é que exista um forte desequilíbrio de ligação entre este QTL e o marcador.

## **2.4 Mapeamento de QTL**

Essencialmente, o ponto central na detecção de QTL depende do tipo de marcadores empregados, sua distribuição (incluindo as fases de aproximação e repulsão), o delineamento experimental e a magnitude do efeito do QTL (Lynch e Walsh, 1998).

Falconer e Mackay (1996) afirmaram que o número de QTL encontrados é sempre subestimado, devido ao fato de que dois QTL muito próximos podem aparecer como apenas um, se eles estiverem em associação (ligação entre alelos favoráveis à

característica nos dois marcadores), ou ainda não serem detectados se os QTL estiverem ligados em repulsão (ligação entre alelo favorável em um loco e um desfavorável no outro loco).

O tamanho da população avaliada e o número de marcadores utilizados são fatores relevantes para se obter ligação verdadeira entre o marcador e o QTL. Para a determinação do tamanho da população a ser avaliada, deve-se levar em consideração a herdabilidade da característica em estudo e o delineamento experimental escolhido. Além disso, quanto menor a magnitude do efeito do QTL, maior será o número de animais necessário para a sua detecção.

Com relação ao número de marcadores, segundo Hillel (1997), quanto mais marcadores regularmente espaçados forem utilizados na busca de QTL, maior a probabilidade de se identificar ligações verdadeiras. Assim, o estabelecimento de mapas de ligação bem saturados é fundamental. No entanto, é importante selecionar marcadores que possuam informatividade suficiente para maximizar a probabilidade de detecção da co-segregação entre marcadores e QTL. A informatividade de um marcador é comumente avaliada pelo seu conteúdo de informação polimórfica (PIC) que, segundo Zhu et al. (2001), representa a probabilidade de um parental ser heterozigoto num loco e o outro parental ter um genótipo diferente. Outro importante parâmetro para avaliação de locos marcadores é a heterozigosidade.

Em relação ao delineamento experimental, uma opção é a construção de populações formadas a partir do cruzamento entre linhagens consangüíneas ou entre raças puras divergentes (P1 x P2), originando uma geração de indivíduos teoricamente heterozigotos (F1). A partir da geração F1, há duas opções de novos cruzamentos e progênes (Soller e Beckmann, 1983). A primeira delas é o delineamento experimental de retrocruzamento (BC), quando a geração F1 será cruzada novamente com os parentais (P1 ou P2, sendo BC1 ou BC2, respectivamente). A segunda delas é a produção de uma geração F2, obtida pelo cruzamento entre indivíduos da geração F1 (F1 x F1). Segundo Andersson et al. (1997), existem vantagens na utilização de cruzamento entre populações divergentes em estudos de QTL, pois os alelos de grande efeito estão segregando nos animais inter cruzados, havendo um aumento no poder de detecção das análises estatísticas devido à alta heterozigosidade dos QTL e à consistência na fase de ligação entre marcadores e QTL. Porém, um QTL detectado em uma população experimental derivada de um inter cruzamento pode não estar segregando em populações comerciais, portanto, antes de as informações moleculares

serem implementadas em um programa de melhoramento, devem ser testadas na população comercial alvo.

A utilização de populações F2 para estudos de QTL apresenta vantagens em relação à utilização de BC. Segundo Andersson-Eklund et al. (1998), a partir do momento em que se planeja usar marcadores de DNA co-dominantes, um intercruzamento fornece duas vezes mais meioses informativas para os locos marcadores, do que um BC. Além disso, segundo Schuster e Cruz (2004), estudos a partir de um BC não permitem a estimativa isolada dos componentes genéticos associados aos efeitos aditivos e aos desvios de dominância de um determinado QTL.

Com base nos mapas de ligação e nos dados de populações F2 de cruzamentos entre raças, vários estudos têm reportado QTL afetando características de crescimento e composição corporal em suínos em uma variedade de cromossomos (Malek et al., 2001a) e também características reprodutivas e de qualidade de carne. Um total de 110 artigos identificaram 1.809 QTL até o ano de 2006, segundo Rothschild et al. (2007) (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1- Número de artigos e QTL em suínos publicados por ano

Ano	Número de artigos	Número de QTL
1994	1	5
1995	1	5
1996	2	6
1997	4	11
1998	8	102
1999	7	42
2000	12	91
2001	13	246
2002	15	190
2003	27	528
2004	2	42
2005	6	145
2006	13	262

Fonte: Rothschild et al. (2007)

Tabela 2 – Número de QTL por cromossomo suíno

Cromossomo	Número de QTL
Y	1
X	108
1	207
2	159
3	71
4	231
5	60
6	221
7	207
8	80
9	58
10	43
11	36
12	42
13	69
14	66
15	69
16	18
17	34
18	29
Total	1.809

Fonte: Rothschild et al. (2007)

## 2.5 Procedimentos Estatísticos para Mapeamento de QTL

Várias metodologias estatísticas foram desenvolvidas para detectar QTL e responder a questões como sua localização e magnitude de efeito, possibilitando a utilização destas informações genômicas em programas de melhoramento.

Uma das metodologias utilizadas para detectar QTL é a análise por marca simples, em que a distribuição dos valores da característica é examinada individualmente para cada loco marcador, ou seja, independentemente da informação dos demais marcadores. Segundo Lynch e Walsh (1998), a análise de marcas simples não exige métodos computacionais complexos e não requer o conhecimento da posição dos marcadores no genoma. No entanto, de acordo com Lander e Botstein (1989), o referido método possui os seguintes problemas: os efeitos fenotípicos do QTL são sistematicamente subestimados; a localização do QTL não é bem definida, já que a distância entre marcador e QTL não pode ser distinta de efeitos fenotípicos pequenos; o número de progênies para a detecção do QTL é maior; e o teste de vários marcadores genéticos independentes aumenta o risco de falso-positivos.

Para superar os problemas supracitados, Lander e Botstein (1989) propuseram o método de intervalo de mapeamento, em que a localização de um eventual QTL é estimada dentro do intervalo flanqueado por dois marcadores. De acordo com Schuster e Cruz (2004), a idéia de utilizar um par de marcadores como unidade de análise, e não um único marcador é a base dos métodos de mapeamento de QTL utilizados atualmente.

A partir do método de intervalo de mapeamento, ajusta-se o modelo para um QTL em apenas uma localização e, conseqüentemente, surgem problemas de detecção, especialmente quando houver outros QTL de grande efeito presentes. Segundo Schuster e Cruz (2004), se houver mais de um QTL no grupo de ligação, o teste estatístico, na posição em que está sendo avaliado, é afetado por todos estes QTL, e a posição e os efeitos estimados do(s) QTL identificado(s) por este método podem ser viesados e o poder do teste é reduzido. Se houver QTL em outros grupos de ligação, sua influência não será computada no modelo de regressão, constituindo-se em fonte de variação não explicada pelo modelo, reduzindo o poder do teste no intervalo analisado.

Assim, a solução ideal seria ajustar um modelo que contivesse os efeitos de todos os QTL. Entretanto, a localização dos QTL não é inicialmente conhecida e a busca simultânea de dois ou mais QTL acarreta um grande problema computacional.

Neste sentido, alternativas foram propostas por ZENG (1993) e JANSEN (1992, 1993). Estes autores propuseram que o intervalo de mapeamento fosse desenvolvido da maneira usual, à exceção que a variância devida a outros QTL fosse levada em consideração pela inclusão de coeficientes de regressão parciais, oriundos de marcadores localizados em outras regiões do genoma. Estes procedimentos são referidos, de maneira geral, como método de intervalo de mapeamento composto.

Em teoria, o intervalo de mapeamento composto apresenta maior poder e precisão que o intervalo de mapeamento simples. Isto porque os efeitos de outros QTL não são considerados na variância residual e o viés, proveniente dos possíveis QTL que estão ligados à posição genômica que está sendo testada, é removido. Assim, tal metodologia é o procedimento mais utilizado atualmente para mapear QTL.

## **2.6 Seleção Assistida por Marcadores**

A eficiência de um programa de melhoramento genético depende diretamente da precisão com que os indivíduos são avaliados. Segundo Martinez e Machado (2002), em muitas situações o fenótipo não é uma indicação precisa do genótipo, pois

características produtivas dependem da variação alélica em um grande número de locos, e a expressão gênica destes locos é altamente afetada por fatores de meio ambiente. Assim, a seleção de indivíduos baseada na associação entre dados fenotípicos e informações genômicas, é de grande valia.

A seleção de indivíduos, que possuem alelos favoráveis para os genes controlando as características em questão, baseada na avaliação direta de seu DNA, é denominada de seleção assistida por marcadores – MAS.

Marcadores moleculares possuem várias características que os tornam atraentes para utilização em programas de melhoramento. Além de gerar um aumento da precisão na avaliação genética, devido ao fato de se estar analisando diretamente o DNA do animal, a utilização de marcadores moleculares possibilita a seleção de indivíduos de ambos os sexos logo após o seu nascimento, possibilita também a avaliação de características normalmente feitas *post-mortem* sem haver o abate do animal e facilita a avaliação de características de difícil mensuração, como é o caso das características para qualidade de carne. Proporciona ainda um melhor controle sobre os processos de produção e também sobre os produtos gerados, fazendo com que aumente a qualidade e diminua a variação da matéria produzida.

De acordo com Goddard e Hayes (2002), a eficiência da MAS depende dos seguintes fatores: precisão com que são estimados os valores genéticos dos animais, quantidade de variância explicada pelo QTL, acurácia com que os efeitos dos alelos do QTL são estimados e custo da genotipagem. A resposta adicional a partir da MAS é proporcional à variância genética explicada pelo QTL (Spelman et al., 1999) e ao efeito aditivo do referido QTL.

Segundo Dekkers e Hospital (2002), o mérito econômico da seleção assistida não é questionável em situações em que o custo molecular é compensado pelas economias na avaliação fenotípica, como na seleção para resistência a doenças e qualidade da carne, e também no caso da seleção precoce, que compensa o custo extra da seleção assistida, especialmente em mercados competitivos.

Atualmente, a indústria suinícola conta com vários marcadores em uso, como por exemplo, o gene do receptor de rianodina (RYR) e o gene da carne ácida, o que permite aos produtores remover os alelos indesejáveis para estas características (Rothschild et al., 2007).

## 2.7 Cromossomo 9

O mapa de ligação do USDA-MARC do cromossomo nove de suínos (SSC9) está baseado em 51 locos espalhados em 138,5 cM de comprimento (Rohrer et al., 1996), enquanto o do PIGMAP chega a 133 cM com 18 locos (Groenen et al., 1996) e o do NORDIC possui 123 cM com 18 locos (Marklund et al., 1996). Tais mapas se encontram disponíveis no endereço eletrônico <http://www.thearkdb.org>. O referido cromossomo apresenta regiões homólogas aos cromossomos 1, 7 e 11 de humanos.

Existem genes no SSC9 (Figura 1) que podem influenciar o fenótipo dos animais em relação às características de interesse econômico. Como exemplo, podem-se citar os genes da miogenina (MYOG), da apolipoproteína A1 (APOA1), do receptor da calcitonina (CALCR), da hemoglobina beta (HBB) e epsilon (HBE), da interleucina 6 (IL6) e da sarcolipina (SLN).

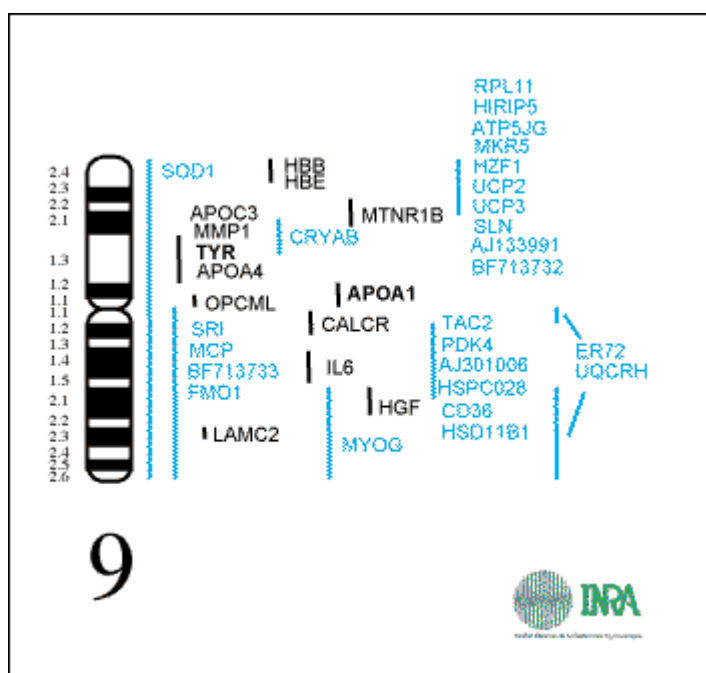


Figura 1: Mapa genético do cromossomo 9 de *Sus scrofa*

Fonte: INRA, 2008

O gene da miogenina pertence a uma família de genes regulatórios da miogênese denominada MyoD. O referido hormônio é um dos fatores requeridos para a diferenciação bioquímica e morfológica do tecido muscular esquelético.

A interleucina 6 é uma citocina que possui função controladora dos sistemas imune e hematopoiético. Ela induz a proliferação e a diferenciação das células B,

estimula a produção de proteínas de fase aguda e atua em conjunto com a interleucina 3 na hematopoiese medular. Adicionalmente, a interleucina 6 atua na hipófise estimulando a produção do hormônio adrenocorticotrófico (ACTH).

A apolipoproteína A1 é o principal componente protéico da partícula HDL (Lipoproteína de Alta Densidade). Ela participa da remoção do excesso de colesterol dos tecidos, sendo responsável pela ativação da colesterolaciltransferase que esterifica o colesterol plasmático. De acordo com Cymerowska-Prokopczyk et al. (1999), um microssatélite polimórfico localizado no íntron do referido gene pode ser utilizado para identificação de QTL para deposição de gordura e taxa de crescimento no SSC 9.

Têm sido mapeados QTL no SSC9 para taxa de ovulação (Rohrer et al., 1996), peso corporal e taxa de crescimento (Paszek et al., 1999; Wada et al., 2000; Malek et al., 2001a; Quintanilla et al., 2002), deposição de gordura (Rohrer e Keele, 1998; Rohrer, 2000), características de carcaça (Malek et al., 2001a; Millan et al., 2002; Rohrer et al., 2005) e características de qualidade de carne (De Koning et al., 2001).

## **2.8 Cromossomo 10**

O mapa de ligação do USDA-MARC para o SSC10 foi construído com o auxílio de 34 marcadores e possui 124,1 cM (Rohrer et al., 1996), enquanto o do PIGMAP possui 124,4 cM com 8 locos (McQueen et al., 1995) e o do NORDIC possui 134,6 cM com 8 locos (Marklund et al., 1996). Tais mapas se encontram disponíveis no endereço eletrônico <http://www.thearkdb.org>. O referido cromossomo apresenta regiões homólogas aos cromossomos 9 e 10 de humanos.

Assim como no SSC9, existem genes no SSC 10 (Figura 2) que podem influenciar o fenótipo dos animais em relação às características de interesse econômico. Como exemplo, podem-se citar os genes do Fator Beta 2 de Transformação de Crescimento (TGF- $\beta$ 2), da catepsina L (CTSL), da família de histonas H3 (9H3F3A), do RNA ribossomal (RNR2), entre outros.

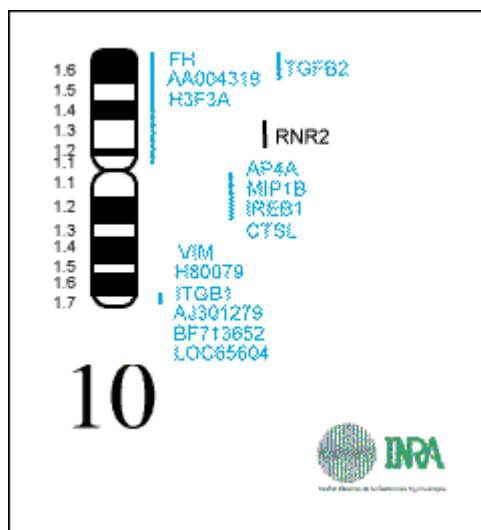


Figura 2: Mapa genético do cromossomo 10 de *Sus scrofa*

Fonte: INRA, 2008

Os Fatores Transformadores de Crescimento compreendem um grande número de proteínas reguladoras da proliferação e diferenciação, tendo como função principal a regulação do desenvolvimento embrionário e a manutenção dos tecidos em animais adultos. São classificados conforme suas funções biológicas. Um grande grupo de fatores de crescimento foi classificado como superfamília dos fatores de crescimento e transformação beta ou TGF- $\beta$  ("Transforming Growth Factor Beta"). Os membros desta superfamília, entre eles a miostatina (GDF-8) e o TGF- $\beta$ 2, exercem múltiplos efeitos na função celular e são amplamente expressos (McPherron et al., 1997; Bass et al., 1999; Thomas et al., 2000; Wehling et al., 2000).

As catepsinas são uma família de proteases de cisteína composta por aproximadamente 12 membros que se distinguem em relação à estrutura e ao substrato, podendo ser encontradas em muitos tipos de células. Sintetizadas a partir de pré-pro-catepsinas, são ativadas sob o pH ácido dos lisossomos, sendo que as catepsinas L, B, D e H representam a maior parte das proteases lisossomais, determinando primariamente a capacidade proteolítica desta organela. As referidas catepsinas possuem distribuição específica nos diversos tecidos, sendo que altos níveis são encontrados em tecidos que apresentam alta taxa de *turnover* protéico. Segundo Prates (2001), há forte indício da relação entre a atividade das endopeptidases cisteína e a tenrificação da carne durante seu armazenamento a temperaturas de refrigeração, em mamíferos. De acordo com De Vries et al. (2000), muitos estudos com suínos estão investigando o papel das catepsinas B, B+L e H sobre a proteólise de produtos condimentados, como o presunto curado.

Trabalhos anteriores ao presente estudo reportam o mapeamento de QTL no SSC10 para características reprodutivas (Rohrer et al., 1999), número de tetas (Rohrer 2000; Hirooka et al., 2001), taxa de crescimento (Knott et al., 1998; Wada et al., 2000; Evans et al, 2003), características de qualidade de carne (Malek et al., 2001b; Ovilo, 2002; Dekkers, 2003; van Wijk, 2006), características de deposição de gordura (Rohrer e Keele, 1998; Bidanel et al., 2001; Evans et al., 2003) e características de carcaça (Dragos-Wendrich et al., 2003).

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Coleta de material para análise**

A formação da população F<sub>2</sub> e a obtenção dos dados fenotípicos foram feitas na Granja de Melhoramento de Suínos do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG, Brasil, no período de novembro de 1998 a julho de 2001.

A geração parental originou-se do cruzamento entre dois machos da raça naturalizada brasileira Piau e 18 fêmeas oriundas de linhagem desenvolvida na UFV pelo acasalamento de animais das raças comerciais, Landrace x Large White x Pietrain, selecionadas para características de desempenho. A geração F<sub>1</sub> nasceu entre os meses de março e maio de 1999. Dentre os machos F<sub>1</sub>, foram selecionados ao acaso 11 varrões provenientes de diferentes leitegadas, que foram acasalados (monta natural) com 54 fêmeas. Estes animais foram acasalados entre os meses de fevereiro e outubro de 2000, para a produção da geração F<sub>2</sub>, nascida entre junho de 2000 e fevereiro de 2001. Assim, foi obtida a população F<sub>2</sub>, dividida em cinco lotes:

lote 1 = animais nascidos entre 20/06/00 e 03/07/00;

lote 2 = animais nascidos entre 03/08/00 e 23/08/00;

lote 3 = animais nascidos entre 16/09/00 e 01/11/00;

lote 4 = animais nascidos entre 30/11/00 e 25/12/00;

lote 5 = animais nascidos entre 19/01/01 e 12/02/01.

Os animais tiveram o manejo padrão da Granja de Melhoramento de Suínos da UFV, sendo os machos castrados aos 10 dias de idade. Os animais foram desmamados

aos 21 dias de idade e dos 77 aos 105 dias de idade foram submetidos ao teste de conversão alimentar individual e após este período, criados em baias coletivas até atingir o peso de abate, 65 ( $64,84 \pm 5,53$ ) kg de peso vivo ( $147,83 \pm 9,95$  dias de idade). Anteriormente ao abate, os animais foram submetidos a um período de jejum ( $19 \pm 1$  horas), com livre acesso à água fresca. A insensibilização foi realizada a partir de choque elétrico de 300 volts, por aproximadamente 5 segundos, tendo sido os eletrodos do insensibilizador (Sulmaq, Modelo 7654) posicionados atrás da orelha. A sangria foi realizada a partir da punção do coração por meio de inserção na axila esquerda do animal. Posteriormente, as carcaças foram dissecadas e analisadas.

As seguintes características de desempenho foram mensuradas na geração F2: número de tetas (NT); peso ao nascer (PN); peso aos 21 dias (P21); peso aos 42 dias (P42); peso aos 63 dias (P63); peso aos 77 dias (P77); peso aos 105 dias (P105); peso ao abate (PA); ganho de peso médio diário (GPD); consumo de ração (CR); conversão alimentar (CA) dos 77 aos 105 dias; idade ao abate (IDA) aos 65 kg de peso médio do lote. As médias, os desvios padrão e os valores máximos e mínimos destas características foram obtidos por meio do PROC MEANS do SAS (2000) (Tabela 3).

Tabela 3– Número de observações (N), média, desvio padrão e valores mínimos e máximos para as características de desempenho em uma população F2 de suínos

Característica	Unidade	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
NT	nº	800	13,167	1,280	9,000	17,000
PN	kg	800	1,200	0,282	0,430	2,130
P21	kg	665	4,874	1,180	1,150	8,690
P42	kg	665	8,245	1,988	1,950	17,860
P63	kg	656	16,210	3,432	3,720	26,530
P77	kg	602	21,423	4,381	6,050	34,500
P105	kg	595	36,262	6,742	11,250	55,000
PA	kg	510	64,749	5,629	39,090	79,500
CR	kg	598	39,806	8,355	13,540	59,070
GPD	kg	591	0,530	0,139	0,010	0,970
CA	kg/kg	591	2,799	0,650	1,995	4,882
IDA	dias	521	147,942	10,616	116,000	192,000

NT - número de tetas; PN - peso ao nascer; P21, P42, P63, P77 e P105 - peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade, respectivamente; PA - peso ao abate; GPD - ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias; CR - consumo de ração dos 77 aos 105 dias; CA - conversão alimentar dos 77 aos 105 dias e IDA - idade ao abate aos 65 kg de peso médio do lote.

As características de carcaça em estudo foram divididas em dois grupos: 1) carcaça, órgãos internos e vísceras e 2) cortes de carcaça, para facilitar a descrição e posterior discussão.

Desta forma, as seguintes características foram avaliadas na meia-carcaça direita na geração F2: rendimento de carcaça com cabeça e pés (RCARC); comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) e pelo método americano (MLC); espessura de toucinho em mm, nas posições ETSH (maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar), ETUC (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar), ETUL (espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar), ETL (menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar) e ETO (espessura de toucinho imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar).

Na meia-carcaça resfriada, foram tomadas as medidas de PROLOM (profundidade de lombo, diâmetro do músculo *Longissimus dorsi* na região da última costela a 6,5 cm da linha dorso lombar, a partir de um corte transversal no carré) e a área de olho-de-lombo em cm<sup>2</sup> (AOL). Esta área foi medida em triplicata com auxílio de um planímetro, no decalque vegetal tomado da seção transversal do músculo *Longissimus dorsi*, na altura da última costela. Foi medida também a espessura do bacon (EBACON), imediatamente após a última costela, na altura da divisão carré-bacon e o peso de alguns órgãos internos: pulmão (PULMAO), coração (CORAC), fígado (FIGADO), baço (BACO), rim (RIM) e o comprimento total do intestino delgado (INTEST). O número de observações, médias, desvios padrão e os valores máximos e mínimos das características foram obtidos por meio do PROC MEANS do SAS (2000) (Tabela 4).

Tabela 4 – Número de observações (N), média, desvio-padrão e valores máximos e mínimos em características de carcaça, órgãos internos e vísceras avaliadas em uma população F2 de suínos

Característica	Unidade	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
RCARC	%	518	81,990	2,243	70,000	89,000
MBCC	cm	531	86,064	4,173	72,000	104,000
MLC	cm	531	71,709	3,874	40,000	87,500
ETSH	mm	532	40,496	5,578	20,000	59,000
ETUC	mm	532	19,889	4,825	5,000	36,000
ETUL	mm	531	28,678	6,110	14,000	54,000
ETL	mm	531	23,510	6,225	8,000	49,000
ETO	mm	531	16,951	3,835	8,000	33,000
EBACON	mm	528	25,138	6,965	5,000	53,000
PROFLOMB	mm	486	43,981	5,040	28,790	64,940
AOL	cm <sup>2</sup>	494	26,281	4,059	14,530	39,700
PULMAO	kg	530	0,456	0,088	0,270	0,920
CORAC	kg	532	0,236	0,030	0,140	0,390
FIGADO	kg	526	1,267	0,155	0,840	1,820
BACO	kg	526	0,092	0,019	0,050	0,150
RIM	kg	536	0,127	0,019	0,070	0,210
INTEST	M	539	18,424	1,856	12,720	24,160

RCARC - rendimento de carcaça com cabeça e pés; MBCC - comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC - comprimento de carcaça pelo Método Americano; ETSH - maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; ETUL - espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; EBACON - espessura do bacon; PROFLOMB - profundidade de lombo; AOL - área de olho-de-lombo; PULMAO - peso de pulmão; CORAC - peso de coração; FIGADO - peso de fígado; BACO - peso de baço; RIM - peso de rim e INTEST - comprimento total do intestino delgado.

A meia carcaça direita foi resfriada por 24 horas e então procedeu-se à sua dissecação para obter os dados referentes às características de cortes: peso total pernil (PP), peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (PPL), peso total da copa (PCOPA), peso da copa sem pele e sem capa de gordura (PCOPAL), peso total da paleta (PPA), peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (PPAL), peso total do carré (PC), peso do lombo (PL), peso total do bacon (PB), peso das costelas (PCOST), peso total da papada (PAPADA), peso do filezinho (PF) e peso da banha rama (PBR). O número de observações, média, desvio-padrão e os valores máximos e mínimos das características de corte foram obtidos por meio do PROC MEANS do SAS (2000) (Tabela 5).

Tabela 5 – Número de observações, média, desvio padrão e valores máximos e mínimos para as características de cortes em quilos (kg) avaliadas em uma população F2 de suínos

Característica	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
PP	536	7,282	0,862	3,880	10,180
PPL	538	5,010	0,650	2,780	7,840
PCOPA	538	2,334	0,354	1,210	3,870
PCOPAL	537	1,682	0,272	0,750	2,670
PPA	538	4,865	0,642	2,560	7,070
PPAL	538	2,708	0,408	1,530	5,700
PC	538	3,487	0,533	1,740	5,880
PL	537	1,028	0,202	0,290	2,300
PB	534	2,690	0,467	1,280	4,310
PCOST	538	1,524	0,252	0,900	2,690
PAPADA	538	0,709	0,210	0,280	1,620
PF	538	0,221	0,041	0,110	0,360
PBR	538	0,460	0,167	0,130	1,230

PP - peso total do pernil; PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA – peso total da copa; PCOPAL - peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA - peso total da paleta; PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC - peso total do carrê; PL - peso do lombo; PB - peso total do bacon; PCOST - peso das costelas; PAPADA - peso total da papada; PF - peso do filezinho e PBR - peso da banha rama.

As seguintes características de qualidade da carne foram avaliadas na geração F2: pH medido 45 minutos e 24 horas *post-mortem* (pH45 e pH24, respectivamente), perda por gotejamento (GOTEJ), perda por cozimento (COZ), perda total (PTOT), gordura intramuscular (GOINTR), maciez objetiva (força de cisalhamento – MACIEZ) e coloração. A coloração foi determinada pelo sistema HUNTER LAB, sendo medidos a luminosidade (L), o índice de vermelho (A) e o índice de amarelo (B), em espectrofotômetro. Foram, então, calculados os índices de saturação [ $C = (A^2 + B^2)^{1/2}$ ] e de tonalidade ( $H = \arctang B/A$ ). Maiores informações sobre a metodologia empregada na análise das características de qualidade da carne foram apresentadas por Benevenuto Júnior (2001). O número de observações, as médias, os desvios padrão e os valores máximos e mínimos destas características foram obtidos por meio do PROC MEANS do SAS (2000) (Tabela 6).

Tabela 6 – Número de observações (N), média, desvio padrão e valores mínimos e máximos para as características de qualidade avaliadas em uma população F2 de suínos

Característica	unidade	N	Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
pH45	pH	410	6,530	0,284	5,350	7,060
pH24	pH	501	5,720	0,184	5,400	6,870
L	Absorb.	452	45,076	2,016	32,620	50,720
A	Absorb.	446	0,666	0,631	-0,800	3,380
B	Absorb.	453	6,605	0,649	1,240	8,290
GORINT	%	456	1,546	0,667	0,200	6,830
GOTEJ	%	501	3,221	1,741	1,080	9,120
COZ	%	503	32,575	2,672	15,660	42,230
MACIEZ	kg/cm2	411	5511,630	972,335	1948,070	8135,150
PTOT	%	499	35,747	3,488	17,760	44,950
C	Absorb.	455	6,687	0,541	4,998	8,354

pH45 - pH 45 minutos após o abate; pH24 - pH 24 horas após o abate; GORINT – porcentagem de gordura intramuscular; GOTEJ - perda por gotejamento; COZ – perda por cozimento; PTOT - perda total; MACIEZ - maciez objetiva (força de cisalhamento); L - luminosidade; A - índice de vermelho; B - índice de amarelo; H - tonalidade de cor; e C – índice de saturação.

### 3.2 Extração do DNA

O sangue de cada animal foi coletado por punção venosa do *Sinus orbitalis*, por gotejamento em tubos estéreis contendo ácido etilenodiaminotetracético (EDTA) na concentração de 0,5 M e pH 8,0, durante a punção cardíaca no momento do abate. As amostras foram centrifugadas a 2.500 rpm durante 20 minutos. A camada de células brancas localizada entre as células vermelhas (camada inferior) e o plasma sanguíneo (camada superior) foi isolada. A extração do DNA genômico, a partir das células brancas, foi realizada por purificação com fenol - clorofórmio, após tratamento com proteinase K, como descrito por Sambrook et al. (1989).

A extração do DNA das amostras de sangue dos animais das gerações parental (n = 20), F1 (n = 65) e F2 (n = 617) foi conduzida no Laboratório de Biotecnologia Animal do Departamento de Zootecnia da UFV.

### 3.3 Locos de microssatélites

Foram utilizados 10 locos de microssatélites distribuídos nos cromossomos 9 e 10, a intervalos de aproximadamente 20 cM, conforme descrito no mapa de ligação do

USDA-MARC (Rohrer et al., 1996). Alguns *primers* para os marcadores microssatélites foram doados pelo Dr. Rothschild, coordenador do *U.S. Pig Genome Project*. Na Tabela 7, estão apresentados os locos utilizados e algumas de suas características específicas tomadas como referência para iniciar este trabalho.

Tabela 7 – Descrição dos locos microssatélites usados na detecção de QTL nos cromossomos 9 e 10 de suínos.

Cromossomo	Loco	cM <sup>1</sup>	Marcação	Tam (pb) <sup>2</sup>	T.A. <sup>3</sup>	NAL <sup>4</sup>
9	SY3	6,5	TET	144-188	-	8
	SW21	15,1	HEX	123-151	60	14
	SWR1848	49,3	TET	87-117	60	11
	SW940	61,5	HEX	149-157	58	5
	S0295	100,5	FAM	228-256	58	8
	SW2116	130,1	FAM	116-134	62	8
10	SW830	0	FAM	177-198	62	13
	SW1894	23,2	HEX	196-208	58	4
	SW173	56,1	TET	194-216	58	6
	SW1991	79,4	HEX	196-212	58	7

<sup>1</sup>cM: Posição em centiMorgan nos referidos cromossomos de acordo com o mapa consenso;

<sup>2</sup>Tam: Tamanho dos fragmentos em pares de bases;

<sup>3</sup>T.A: Temperatura de anelamento do primer em °C;

<sup>4</sup>NAL: Número de alelos.

Além dos marcadores citados na Tabela 7, outros testados não foram utilizados por apresentar número de alelos inferior ou igual a 2 (SWR68, localizado a 4cM no SSC9 e SW920, a 86,3 cM no SSC10), ou alelo nulo (SW951, localizado a 101cM no SSC10) na população estudada.

### 3.4 Amplificação

As amplificações foram realizadas no Laboratório Biotecnologia Animal (LABTEC) do DZO-UFV, a partir do DNA genômico extraído do sangue dos animais. Foram utilizados termocicladores MJ Research PTC 100-96®, sendo os sistemas

constituídos de 1U de Taq polimerase; 0,2mM de dNTPs; 0,2μM de cada primer (forward e reverse); 20mM de TRIS-HCl pH8,3; 50mM de KCl; 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub> e 25ng de DNA genômico por reação, num total de 15 μL .

Os programas de amplificação apresentaram os seguintes passos: desnaturação inicial a 94°C por 4 minutos, desnaturação a 94°C por 1 minuto, anelamento dos primers em temperaturas específicas para cada par de primer por 1 minuto e extensão a 72 °C durante 1 minuto. Repetição por 30 a 38 vezes, de acordo com cada par de primer. Em seguida, os produtos amplificados foram submetidos à eletroforese em géis de poliacrilamida 8%. A coloração dos géis foi feita utilizando nitrato de prata a 0,2% (Blum et al., 1987), posteriormente, os produtos amplificados foram estocados a 4°C.

Após amplificadas, as amostras foram organizadas em conjuntos de multiplex, que consistem do agrupamento dos locos amplificados por diferenças de tamanho em pares de bases e fluorescência antes de serem submetidas à análise de fragmentos, para o scoreamento das bandas e detecção de polimorfismo entre elas. Estas análises foram feitas por meio do seqüenciador automático ABI PRISM 310, no Laboratório de Biotecnologia Animal, do Departamento de Zootecnia da UFV. O scoreamento dos fragmentos amplificados foi feito utilizando o programa *GeneScan®* (*Applied Biosystems*).

### **3.5 Análises estatísticas**

As frequências alélicas, o valor da informação de polimorfismo dos locos marcadores e o conteúdo de informação polimórfica (PIC), assim como a heterozigosidade, que, segundo Marshall et al. (1998), é definida como a probabilidade de que um indivíduo seja heterozigoto naquele loco, em uma população foram calculados com o auxílio do programa CERVUS 3.0 (Kalinowski et al., 2007).

Os mapas de ligação para cada cromossomo foram construídos com o auxílio do programa CRIMAP 2.4 (Green et al., 1990), que utiliza análise de ligação multi-ponto a partir do método de máxima verossimilhança e transforma as taxas de recombinação em distância de mapa a partir função de Kosambi.

Os mapas de ligação contendo as distâncias entre os marcadores, os genótipos para os diversos marcadores e os dados fenotípicos foram submetidos ao programa QTL EXPRESS (Seaton et al., 2002). Este programa mapeia QTL existentes, por meio de regressão linear (Haley et al., 1994), utilizando procedimento de duas fases:

primeiramente são obtidas as probabilidades de identidade por descendência (IBD) para locos cromossômicos específicos, utilizando dados dos vários marcadores. Em um segundo passo, é empregado um modelo estatístico para as observações e os coeficientes IBD.

Foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijkl} = S_i + L_j + H_k + (C_{ijkl} - \bar{C})b + c_a a + c_d d + e_{ijkl}$$

em que:

$y_{ijkl}$  = característica fenotípica;

$S_i$  = efeito fixo do sexo  $i$ ,  $i = 1$  (macho),  $2$  (fêmea);

$L_j$  = efeito fixo do lote  $j$ ,  $j = 1, 2, 3, 4, 5$ ;

$H_k$  = efeito fixo do genótipo do gene do Halotano  $k$ ,  $k = 1$  (NN),  $2$  (Nn);

$(C_{ijkl} - \bar{C})b$  = ajuste por co-variáveis

$e_{ijkl}$  = erro aleatório

Para características de desempenho, as co-variáveis utilizadas foram: tamanho de leitegada ao nascimento para PN; tamanho de leitegada ao desmame para P21, P42, P63, P77, P105 e PA; e peso aos 77 dias para CR, GPD e CA. Para as características de carcaça, o peso da carcaça ao abate foi considerado como co-variável; o peso da banda direita resfriada, para as características de corte de carcaça; e idade ao abate, para as características de qualidade de carne.

Os valores  $c_a$  e  $c_d$  são funções das probabilidades condicionais do QTL, dado o genótipo dos locos, e foram calculados da seguinte maneira:

$$c_a = P(QQ / Mi) - P(qq / Mi)$$

$$c_d = P(Qq / Mi)$$

em que:

$P(QQ)$  = probabilidade de os alelos do QTL serem homozigotos com origem nos animais da raça naturalizada Piau;

$P(qq)$  = probabilidade de os alelos do QTL serem homozigotos com origem nos animais comerciais;

$P(Qq)$  = probabilidade de os alelos do QTL serem heterozigotos.

O modelo foi utilizado para estimar a regressão do fenótipo nos coeficientes  $c_a$  e  $c_d$  variando a posição do QTL a cada cM. Para cada posição, foi calculada uma razão de verossimilhança (F), comparando o modelo que considera a presença do QTL (modelo completo) com o modelo sem o QTL (modelo reduzido).

A determinação dos limiares de significância cromossômica ( $\alpha=0,05$  e  $\alpha=0,01$ ) foi feita no programa QTL EXPRESS, com testes de 10000 permutações (Churchill e Doerge, 1994). O limiar de significância genômico ( $\alpha=0,01$ ) foi obtido utilizando a correção de Bonferroni (Knott et al., 1998). O intervalo de confiança a 95% (IC95%) para a localização do QTL foi obtido usando a aproximação de Qui-quadrado ( $\chi^2$ ), conforme descrito por Pérez-Enciso et al. (2000). No presente estudo, foram estimados os efeitos aditivos e os de dominância.

A fração aditiva da variância fenotípica ( $h^2_Q$ ) da  $F_2$  explicada por um determinado QTL foi calculada de acordo com Pérez-Enciso et al. (2000), assumindo que alelos alternativos estejam fixados em cada raça,  $h^2_Q=a^2/2\sigma^2_Y$ , em que  $\sigma^2_Y$  é a variância residual considerando os efeitos fixos e as co-variáveis, exceto o QTL e “a” é o efeito aditivo, gerados pelo programa QTL EXPRESS.

A distorção de segregação foi calculada pelo QTL EXPRESS como o desvio dos coeficientes observados da média aditiva, de dominância e coeficiente IBD sob a hipótese nula de segregação Mendeliana. Esta relação possui distribuição t e sua variação será de  $t=-2$  a  $t=+2$ , correspondendo aos *P-values* de aproximadamente 0,05.

## **4 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **4.1 Otimização das Reações de PCR**

Foram realizados testes para adequar a temperatura de anelamento e o número de ciclos às presentes condições laboratoriais e à qualidade do DNA genômico utilizado, de modo a otimizar as reações de PCR. Na Tabela 8, estão apresentados os resultados de tais testes.

Tabela 8- Temperaturas de anelamento (T.A.) e número de ciclos (N° ciclos) dos locos usados no estudo de características quantitativas nos cromossomos 9 e 10 de suínos.

Cromossomo	Loco	T.A.	N° ciclos
9	SY3	65,0	38
	SW21	64,8	30
	SWR1848	60,0	35
	SW940	61,5	35
	S0295	54,0	30
	SW2116	60,0	30
10	SW830	63,0	35
	SW1894	56,7	35
	SW173	64,3	30
	SW1991	66,0	35

#### 4.2. Análise dos Locos de Microssatélites

O número de alelos e de animais genotipados para cada loco analisado, assim como as informações acerca da heterozigosidade observada e esperada e o conteúdo de informação polimórfica estão apresentados na Tabela 9.

Tabela 9 - Número de alelos por loco (NAL), número de animais genotipados por loco (N), heterozigidade observada (HO), heterozigidade esperada (HE), conteúdo de informação polimórfica (PIC)

Cromossomo	Locos	NAL	N	HO	HE	PIC
9	SY3	4	501	0,55	0,51	0,46
	SW21	6	574	0,60	0,63	0,58
	SWR1848	7	581	0,89	0,78	0,74
	SW940	5	556	0,72	0,71	0,67
	S0295	4	539	0,78	0,70	0,64
	SW2116	4	641	0,46	0,46	0,41
	Média		5	565,3	0,67	0,63
10	SW830	5	614	0,55	0,56	0,52
	SW1894	4	562	0,46	0,53	0,49
	SW173	3	671	0,36	0,45	0,38
	SW1991	5	519	0,63	0,58	0,50
	Média		4,25	591,5	0,50	0,52

Os valores referentes ao número de alelos por loco na população estudada variaram de três (SW173) a sete (SW1848) e foram menores do que aqueles indicados pelo USDA-MARC (2008), exceto para os marcadores SW940 e SW1894. As médias das heterozigidades observada e esperada e do conteúdo de informação polimórfica para os locos utilizados nos cromossomos 9 e 10 foram, respectivamente: (0,67; 0,63; 0,58) e (0,50; 0,52; 0,47).

Segundo Ott (1992), um marcador é considerado altamente polimórfico quando apresenta heterozigidade observada superior a 0,70. Assim, os marcadores SW1848, SW940 e S0295 podem ser considerados altamente polimórficos. No entanto, os marcadores SW2116, SW1894 e SW173 apresentaram nível reduzido de heterozigidade, com valores inferiores a 0,50.

Em relação à heterozigidade esperada, com exceção de SW2116 e SW173, todos os locos apresentaram valores superiores a 0,50 indicando elevada variabilidade genética. A qualidade dos marcadores foi confirmada pelo conteúdo de informação

polimórfica, sendo verificados valores iguais ou superiores a 0,50 em 77% dos locos analisados.

Segundo a classificação de Botstein et al. (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,50 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 medianamente informativos e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos. Assim, os locos analisados podem ser classificados em dois grupos: altamente informativos (SW21, SW1848, SW940, S0295 e SW830) e medianamente informativos (SW2116, SW1894, SW173 e SW1991).

### **4.3 Mapas de Ligação**

Para a construção dos mapas de ligação da população em estudo, inicialmente foi utilizada a opção TWO POINT do programa CRIMAP 2.4 (Green et al., 1990). Com esse procedimento, foram estimadas, com LOD *score* de 3,0, as frações de recombinação entre os locos de microssatélites localizados em um mesmo cromossomo e pôde-se constatar que os marcadores empregados no cromossomo 9 se encontram em um mesmo grupo de ligação. Constatou-se o mesmo para os marcadores empregados no cromossomo 10.

A partir da opção BUILD, os marcadores foram ordenados por cromossomo. Com esse procedimento, o par de marcadores com maior informatividade foi ordenado e em seguida os demais marcadores foram inseridos no mapa. O ordenamento gerado que apresentou maior LOD *score* foi selecionado e se encontra representado na Tabela 10. Salienta-se que o primeiro loco de cada mapa gerado pelo programa CRIMAP é considerado a posição zero, independentemente de sua alocação no mapa consenso.

Tabela 10 - Posições dos locos microssatélites em centiMorgan nos mapas, média entre sexo, fêmea, macho e no consenso USDA-MARC nos cromossomos 9 e 10 de suíno.

SSC <sup>1</sup>	Locos	Mapa médio entre sexo	Fêmea	Macho	USDA-MARC (média entre sexo)
9	SY3	0	0	0	6,5
	SW21	19,3	15,1	23	15,1
	SWR1848	63	52,7	73,4	49,3
	SW940	81,3	72,4	90,3	61,5
	S0295	118,8	109,6	128,0	100,5
	SW2116	158,4	143,4	172	130,1
10	SW830	0	0	0	0
	SW1894	71,6	58,7	84,7	23,2
	SW173	126	158,7	124	56,1

<sup>1</sup> Cromossomo de *Sus scrofa*

O microssatélite SW1991 não foi utilizado na construção do mapa do cromossomo 10 por apresentar distorção de segregação, fato este observado a partir de análise realizada pelo programa QTL EXPRESS. Segundo Carneiro e Vieira (2002), a ausência do padrão Mendeliano, chamada de distorção de segregação, é causada pelo efeito de amostragem ou viabilidade diferencial de gametas. Assim, de acordo com estes autores, os locos que apresentam distorções da segregação devem ser descartados das análises estatísticas para não comprometer a qualidade do mapa. Liu (2005), ao realizar uma varredura genômica a partir de uma população F2 Duroc x Pietrain, também

detectou distorção de segregação no cromossomo 10, optando por descartar das análises estatísticas todos os locos presentes no referido cromossomo.

Conforme pode ser observado na Tabela 10, não houve alteração na ordem dos marcadores em relação ao mapa do USDA-MARC (Rohrer et al., 1996). No entanto, os mapas médios entre sexo dos cromossomos 9 e 10 obtidos no presente estudo possuem comprimentos superiores, respectivamente, 21,75% e 124,60%, em relação aos mapas do USDA-MARC (Rohrer et al., 1996). Tais diferenças são justificadas pelo fato de as populações e alguns locos de microssatélites utilizados nos diferentes estudos serem distintos.

O mapa do cromossomo 10, calculado a partir das meioses maternas, apresentou-se 21,87% maior que o mapa calculado a partir das meioses paternas. Entretanto, o mapa das fêmeas apresentou-se 19,94% menor que o mapa dos machos, em relação ao cromossomo 9. Essas variações podem ocorrer devido à existência de diferenças nas taxas de recombinação entre sexos distintos.

Optou-se por utilizar o mapa consenso para as análises de QTL no cromossomo 10 devido à grande diferença de comprimento entre o mapa do USDA-MARC (Rohrer et al., 1996) e o mapa gerado a partir dos dados da presente população.

#### **4.4 Detecção de QTL**

##### **4.4.1 Características de Desempenho**

Não foram encontrados QTL significativos ( $P < 0,05$ ) para características de desempenho em nenhum dos cromossomos estudados (Tabelas 11 e 12).

Tabela 11- Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de desempenho no cromossomo 9.

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	F <sub>5%</sub>	Aditivo ± EP <sup>1</sup>	Dominância ± EP <sup>1</sup>
NT	146	2,2	5,08	-0,08 ± 0,13	0,52 ± 0,27
PN	159	3,63	5,08	0,06 ± 0,02	0,03 ± 0,04
P21	81	3,66	5,03	-0,28 ± 0,11	0,06 ± 0,17
P42	81	2,39	5,08	-0,32 ± 0,17	-0,40 ± 0,28
P63	0	3,44	5,07	0,002 ± 0,36	-1,82 ± 0,70
P77	36	3,07	5,11	-0,70 ± 0,47	-2,25 ± 1,07
P105	0	2,96	5,00	0,08 ± 0,72	-3,42 ± 1,41
PA	119	1,67	5,03	-0,48 ± 0,90	-2,48 ± 1,41
CR	43	2,5	5,04	1,58 ± 0,76	1,65 ± 1,68
GPD	119	1,72	5,07	7,0E-4 ± 0,02	-0,05 ± 0,03
CA	72	2	5,03	0,08 ± 0,08	-0,23 ± 0,14
IDA	43	2,08	5,08	0,93 ± 1,07	4,44 ± 2,34

CR - consumo de ração dos 77 aos 105 dias (kg); CA - conversão alimentar dos 77 aos 105 dias (kg); GPD - ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias (kg); IDA - idade ao abate aos 65 kg de peso vivo (dias); NT - número de tetas; PA - peso ao abate (kg); PN - peso ao nascer; P21, P42, P63, P77 e P105 - peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade (kg); respectivamente.

<sup>1</sup> Erro Padrão.

Assim como no trabalho de Cepica et al. (2003), neste estudo não foram encontradas associações entre a região próxima ao gene da miogenina (9q21-q26) e variações fenotípicas em características de crescimento. No entanto, Te Pas et al. (1999), ao estudarem os efeitos fenotípicos do gene da miogenina a partir de suínos da raça Yorkshire pertencentes a linhas comerciais, atribuíram 4% da variância fenotípica nas características peso ao nascimento, taxa de crescimento e peso de carcaça e 5,8% na variância para deposição de carne magra ao loco MYOG, não sendo verificada influência de tal loco em características de espessura de toucinho.

Em contraste aos resultados apresentados na Tabela 11, foram detectados QTL significativos no cromossomo 9, pertencentes a diferentes populações, para ganho de peso diário (Cepica et al., 2003; Kim et al., 2006), peso ao abate (Cepica et al., 2003) e conversão alimentar (Cepica et al., 2003).

Hirooka et al. (2001), ao realizarem uma varredura genômica, com o auxílio de 132 marcadores microssatélites, objetivando detectar QTL para número de tetas em uma população F2 oriunda do cruzamento entre a raça chinesa Meishan e linhas comerciais da Holanda, também não detectaram associações significativas entre tal característica e o cromossomo 9.

Tabela 12- Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de desempenho no cromossomo 10.

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	F <sub>5%</sub>	Aditivo ± EP <sup>1</sup>	Dominância ± EP <sup>1</sup>
NT	56	1,20	4,33	-0,12 ± 0,09	-0,18 ± 0,16
PN	0	1,30	4,37	0,01 ± 0,02	-0,05 ± 0,04
P21	4	2,87	4,35	-0,28 ± 0,14	-0,37 ± 0,24
P42	46	1,91	4,35	-0,41 ± 0,21	-0,24 ± 0,44
P63	24	0,82	4,45	-0,26 ± 0,35	0,60 ± 0,60
P77	6	0,73	4,31	-0,11 ± 0,41	-0,89 ± 0,74
P105	29	0,23	4,44	-0,26 ± 0,76	0,77 ± 1,46
PA	56	0,67	4,42	-0,48 ± 0,79	1,01 ± 1,39
CR	18	0,73	4,47	0,77 ± 0,67	-0,37 ± 1,28
GPD	56	1,22	4,38	-0,03 ± 0,02	-0,03 ± 0,03
CA	0	2,54	4,41	0,18 ± 0,08	0,10 ± 0,13
IDA	52	1,74	4,40	0,74 ± 0,76	-1,74 ± 1,45

CR - consumo de ração dos 77 aos 105 dias (kg); CA - conversão alimentar dos 77 aos 105 dias (kg); GPD - ganho de peso médio diário dos 77 aos 105 dias (kg); IDA - idade ao abate aos 65 kg de peso vivo (dias); NT - número de tetas; PA - peso ao abate (kg); PN - peso ao nascer; P21, P42, P63, P77 e P105 - peso aos 21, 42, 63, 77 e 105 dias de idade (kg); respectivamente.

<sup>1</sup> Erro Padrão.

Dragos-Wendrich et al. (2003) encontraram QTL significativo a nível cromossômico, segregando em famílias Meishan x Pietrain e Porco Selvagem Europeu x Meishan, para peso ao abate a 15 cM.

#### 4.4.2 Características de Carcaça, Órgãos e Vísceras

O resumo das estatísticas F máximas e suas posições para os prováveis QTL e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância, com os respectivos erros-padrão, para as características de carcaça no cromossomo 9, podem ser observados na Tabela 13.

Tabela 13 – Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e intervalo de confiança (IC) para os QTL significativos e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de carcaça no cromossomo 9.

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	Aditivo ± EP <sup>1</sup>	Dominância ± EP <sup>1</sup>
RCARC	28	3,14	-0,1128 ± 0,0551	-0,1888 ± 0,1177
MBCC	19	3,27	-0,9416 ± 0,4685	1,3055 ± 0,8689
MLC	0	2,47	0,0626 ± 0,4250	1,8369 ± 0,8361
ETSH	101	1,81	0,6149 ± 0,4592	1,4485 ± 0,9546
ETUC	71	1,57	0,3693 ± 0,3489	0,9169 ± 0,6208
ETUL	80	2,67	0,7941 ± 0,4025	0,9810 ± 0,6547
ETL	76	3,21	0,9135 ± 0,4964	1,6764 ± 0,8633
ETO	87	3,7	0,5134 ± 0,2634	1,0547 ± 0,4753
EBACON	96	1,98	0,5898 ± 0,5304	1,9657 ± 1,0861
PROFLOMB	28	1,76	-1,7782 ± 1,3646	-4,2302 ± 2,9128
AOL	159	1,47	-1,1014 ± 0,7009	-1,0915 ± 1,2316
PULMAO	159	1,29	0,0124 ± 0,0078	-3.0E-4 ± 0,0135
CORAC	57	1,79	-0,0049 ± 0,0026	0,0015 ± 0,0047
FIGADO	31	0,55	0,0191 ± 0,0191	-0,0094 ± 0,0420
BACO	20	1,14	0,0097 ± 0,0073	0,0108 ± 0,0138
RIM	0	3,65	0,0188 ± 0,0078	-0,0214 ± 0,0153
<b>INTEST</b>	<b>152 (135 – 160)</b>	<b>6,22*</b>	<b>0,6165 ± 0,18881</b>	<b>0,6107 ± 0,3666</b>

RCARC - rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC - comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC - comprimento de carcaça pelo Método Americano; ETSH - maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; ETUL - espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; EBACON - espessura do bacon; PROFLOMB - profundidade de lombo; AOL - área de olho de lombo; PULMAO - peso de pulmão; CORAC - peso de coração; FIGADO - peso de fígado; BACO - peso de baço; RIM - peso de rim e INTEST - comprimento total do intestino delgado.

<sup>1</sup>EP= erro-padrão.

\* significativo a 5% (F=5,11) ao nível cromossômico.

Foi encontrado QTL significativo ao nível de cromossômico (P<0,05) para comprimento total do intestino grosso (INTEST), com provável posição a 152 cM e intervalo de confiança de 135 a 160 cM. Tal QTL explica 4,9% da variação fenotípica da característica, sendo que os alelos da raça Piau causam o aumento do comprimento do intestino delgado. No entanto, um maior comprimento do intestino delgado não implica em uma maior eficiência alimentar, já que esta característica está mais fortemente relacionada com a quantidade de vilosidades apresentadas por tal órgão do que com o tamanho do mesmo. Na Figura 4, pode-se observar a distribuição da

estatística F, ao longo do cromossomo 9, onde os picos das curvas indicam as posições em cM para o QTL.

Não foram encontrados relatos, na literatura consultada, de QTL significativo para INTEST, no cromossomo 9. Esta diferença entre resultados pode ter sido ocasionada pela utilização de populações com distintas composições genéticas nos diversos estudos. O alelo de interesse do QTL para INTEST, detectado no presente estudo, pode estar segregando apenas no cruzamento entre as raças Piau e comercial (Landrace x Large White Pietrain) ou pode não estar em fase de desequilíbrio de ligação com os marcadores utilizados nos outros estudos.

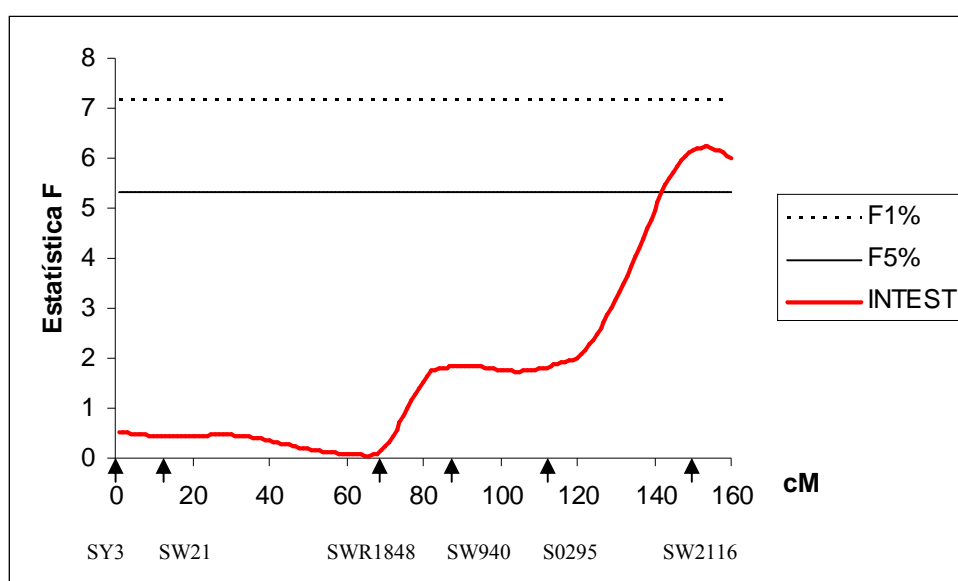


Figura 3 – Estimativas da estatística F para a característica comprimento total do intestino delgado (INTEST), no cromossomo 9 de suíno. As linhas horizontais indicam os níveis de significância ao nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Não foram detectados QTL significativos para comprimento de carcaça (MBCC e MLC), espessuras de toucinho na região dorso-lombar (ETSH, ETUC, ETUL, ETL), ETO, ou área de olho de lombo (AOL). Resultado semelhante foi obtido por Malek et al. (2001a), que, ao realizarem uma varredura genômica, utilizando uma população F2 (Yorkshire x Berkshire), não encontraram QTL significativos para comprimento de carcaça, espessura de toucinho na última costela e para AOL. Liu et al. (2005), em uma varredura genômica a partir de uma população F2 Duroc x Pietrain, também não detectaram QTL significativos para comprimento de carcaça, no entanto, encontraram QTL sugestivo para AOL a 67,2 cM no cromossomo 9. Roher et al. (2000) encontraram

apenas QTL sugestivos no referido cromossomo para espessura de toucinho na última costela (50 cM) e na última vértebra lombar (44cM), ambas as características medidas na 14ª semana de idade, em uma população F2 Meishan X White.

Como pode ser observado na Tabela 13, não foi encontrado QTL significativo para peso de fígado (FIGADO) no SSC9. Entretanto, Cepica et al. (2003) detectaram QTL significativo para tal característica, na região do gene da Sarcoplipina (SLN), segregando em uma família F2 derivada do cruzamento Porco Selvagem Europeu x Meishan. No entanto, no mesmo trabalho, tal QTL não foi detectado nas famílias derivadas dos cruzamentos Porco Selvagem Europeu x Pietrain ou Meishan x Pietrain.

O resumo das estatísticas F máximas para os prováveis QTL para características de carcaça, presentes no cromossomo 10, pode ser observado na Tabela 14.

No cromossomo 10, foram detectados QTL para maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar (ETSH) e FIGADO (Tabela 14). O QTL para ETSH foi significativo a 5% ao nível cromossômico, localizando-se na posição de 36 cM, com intervalo de confiança de 25 a 56 cM, explicando apenas 2,4% da variação fenotípica da característica. Tal QTL possui maior efeito dominante, sendo atribuído aos alelos da raça Piau o aumento na média fenotípica da característica na população. Isto pode ser explicado pelo fato de a raça Piau ter como característica maior deposição de gordura do que as linhas comerciais. O QTL para FIGADO foi significativo a 5% ao nível genômico, localizando-se na posição de 29 cM, com intervalo de confiança de 12 a 43 cM, explicando 6,9% da variação fenotípica. Tal QTL possui maior efeito aditivo e os alelos da raça comercial causam o aumento do peso do fígado na população. Faz-se necessária a inclusão de marcadores para melhor delimitar o intervalo de confiança da região dos QTL para ETSH e FIGADO.

Tabela 14 – Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e intervalo de confiança (IC), para os QTL significativos e estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de carcaça no cromossomo 10.

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	Aditivo ± EP <sup>1</sup>	Dominância ± EP <sup>1</sup>
RCARC	56	0,89	0,02 ± 0,04	-0,06 ± 0,07
MBCC	56	3,00	0,57 ± 0,36	1,46 ± 0,64
MLC	53	1,47	0,06 ± 0,35	1,09 ± 0,65
<b>ETSH</b>	<b>36 (25 – 56)</b>	<b>5,00*</b>	<b>1,09 ± 0,48</b>	<b>2,79 ± 1,05</b>
ETUC	34	2,14	0,35 ± 0,42	1,82 ± 0,90
ETUL	56	3,64	1,01 ± 0,39	0,15 ± 0,68
ETL	56	2,85	0,93 ± 0,45	-0,37 ± 0,80
ETO	0	1,14	-0,26 ± 0,28	-0,55 ± 0,44
EBACON	1	1,77	-0,91 ± 0,51	-0,62 ± 0,82
PROFLOMB	0	2,28	-0,23 ± 1,10	3,63 ± 1,72
AOL	0	3,02	0,12 ± 0,70	2,67 ± 1,09
PULMAO	32	4,09	-0,02 ± 0,01	-0,02 ± 0,02
CORAC	0	1,40	7,0E-4 ± 0,00	-0,01 ± 0,00
<b>FIGADO</b>	<b>29 (12 – 43)</b>	<b>8,39**</b>	<b>-0,07 ± 0,02</b>	<b>-0,06 ± 0,03</b>
BACO	56	3,98	0,02 ± 0,01	0,02 ± 0,01
RIM	0	2,86	0,01 ± 0,01	-0,02 ± 0,01
INTEST	56	3,46	0,37 ± 0,14	0,25 ± 0,25

RCARC - rendimento de carcaça com pés e cabeça; MBCC - comprimento de carcaça pelo Método Brasileiro de Classificação de Carcaça; MLC - comprimento de carcaça pelo Método Americano; ETSH - maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar; ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar; ETUL - espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar; ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar; EBACON - espessura do bacon; PROFLOMB - profundidade de lombo; AOL - área de olho de lombo; PULMAO - peso de pulmão; CORAC - peso de coração; FIGADO - peso de fígado; BACO - peso de baço; RIM - peso de rim e INTEST - comprimento total do intestino delgado.

<sup>1</sup>EP= erro-padrão.

\* significativo a 5% (F=4,41) ao nível cromossômico.

\*\* significativo a 5% (F=8,39) ao nível genômico.

A distribuição da estatística F ao longo do SSC10 pode ser observada na Figura 4.

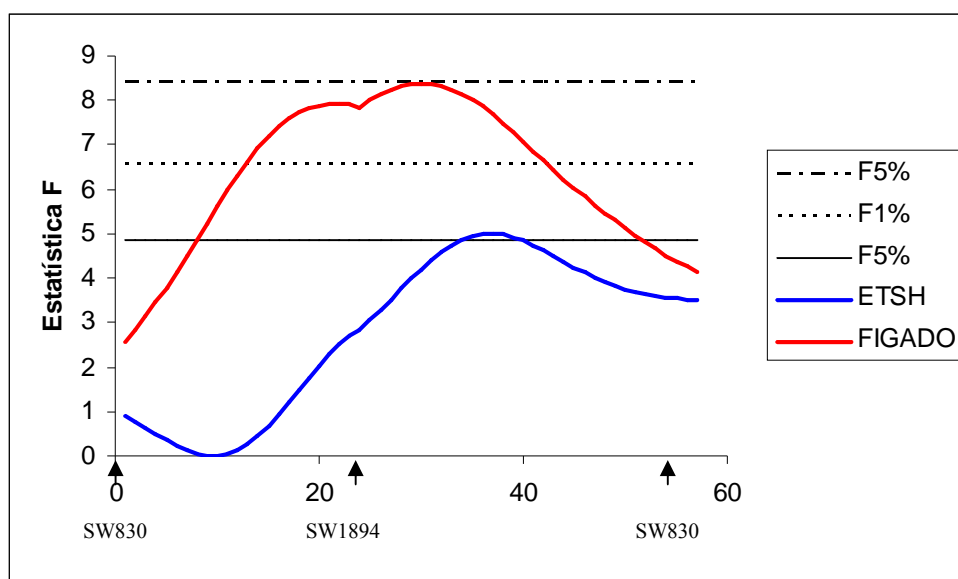


Figura 4 – Estimativas da estatística F para as características maior espessura de toucinho na região da copa (ETSH) e peso de fígado (FIGADO), no cromossomo 10 de suíno. As linhas horizontais indicam os níveis de significância ao nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada) e genômico (5% - linha intermitente).

Não foram encontrados na literatura consultada relatos da presença de QTL para FIGADO no SSC 10.

Na mesma região onde foi encontrado o QTL para ETSH (Tabela 14), Quintanilla et al. (2002), ao realizarem uma análise de QTL para características de crescimento e deposição de gordura a partir de uma população F2 Meishan x Large White White, encontraram QTL sugestivo para média de espessura de toucinho na 17ª semana de idade.

Não foi identificado QTL para espessura de toucinho na última costela. Varona et al. (2002), ao mapearem QTL para características de carcaça e crescimento em uma população F2 derivada do cruzamento entre as raças Ibérico e Landrace, também não detectaram QTL para a citada característica no cromossomo 10.

#### 4.4.3 Características de Corte de Carcaça

O resumo das estatísticas F máximas para os QTL associados às características de corte de carcaça, presentes no SSC9, pode ser observado na Tabela 15.

Tabela 15 – Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e intervalo de confiança (IC) para os QTL significativos e estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de corte de carcaça no cromossomo 9

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	Aditivo ± EP <sup>1</sup>	Dominância ± EP <sup>1</sup>
PP	22	3,43	-0,0759 ± 0,0481	-0,2068 ± 0,0995
PPL	71	4,22	-0,0949 ± 0,0327	-0,0167 ± 0,0580
PCOPA	131	1,53	0,0263 ± 0,0212	0,0542 ± 0,0411
PCOPAL	141	3,73	0,0511 ± 0,0204	0,057 ± 0,0427
PPA	117	1,02	-0,0103 ± 0,0305	-0,0701 ± 0,0501
PPAL	75	3,37	-0,0415 ± 0,0265	0,0886 ± 0,0465
<b>PC</b>	<b>39 (20 – 65)</b>	<b>7,24**</b>	<b>-0,1181 ± 0,0355</b>	<b>-0,1693 ± 0,0798</b>
<b>PL</b>	<b>74 (48 – 110)</b>	<b>6,69*</b>	<b>-0,0462 ± 0,0129</b>	<b>-0,0241 ± 0,0228</b>
PB	77	2,1	-0,1833 ± 0,1015	-0,2057 ± 0,1740
PCOS	19	1,53	0,019 ± 0,0185	0,0506 ± 0,0346
PAPADA	63	1,28	-0,0149 ± 0,0157	-0,0323 ± 0,0248
PF	63	1,34	-9.0E-4 ± 0,0025	0,0064 ± 0,0040
PBR	81	4,49	0,029 ± 0,0099	0,0163 ± 0,0157

PP - peso total do pernil; PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura; PCOPA – peso total da copa; PCOPAL - peso da copa sem pele e sem capa de gordura; PPA - peso total da paleta; PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura; PC - peso total do carré; PL - peso do lombo; PB - peso total do bacon; PCOS - peso das costelas; PAPADA - peso total da papada; PF - peso do filezinho e PBR - peso da banha rama.

<sup>1</sup>EP= erro-padrão.

\* significativo a 5% (F=5,11) ao nível cromossômico

\*\* significativo a 1% (F=6,90) ao nível cromossômico

Como pode ser observado na Tabela 15, detectou-se um QTL com maior efeito dominante para peso total do carré (PC) e um QTL com maior efeito aditivo para peso do lombo (PL). O QTL para PC atingiu o limiar de significância de 1% ao nível cromossômico, estando localizado a 39 cM no SSC9, com intervalo de confiança de 20 a 65 cM, respondendo por 6,7% da variação fenotípica da característica. O QTL para PL atingiu o limiar de significância de 5% a nível cromossômico, está localizado a 74 cM, com intervalo de confiança de 48 a 110 cM, respondendo por 4,0% da variação fenotípica da característica. Os alelos da linhagem comercial culminaram no aumento do valor fenotípico de ambas as características na presente população. Faz-se necessária a inclusão de marcadores para melhor delimitar o intervalo de confiança da região dos QTL para PC e PL.

Pode-se observar (Tabela 15) que o intervalo de confiança do QTL para PC encontra-se dentro do intervalo de confiança do QTL para PL. Tal fato pode ser explicado pela existência de uma forte correlação entre as citadas características, já que

o corte denominado carré abrange todo o dorso do corpo do animal, inclusive as costelas do lombo e o próprio lombo.

Pode-se observar a distribuição da estatística F, ao longo do cromossomo 9, onde os picos das curvas indicam as posições em cM para os QTL, na Figura 5.

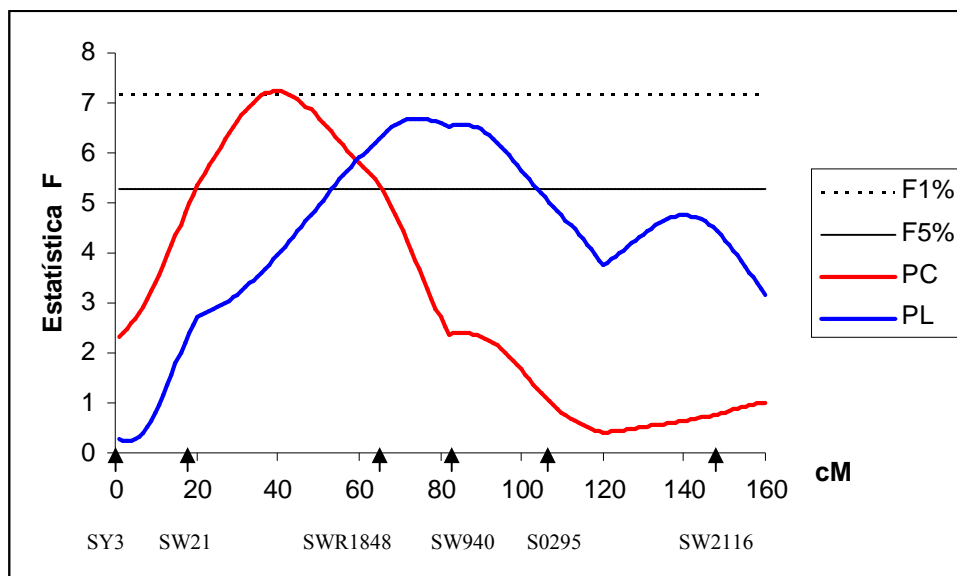


Figura 5 – Estimativas da estatística F para as características peso total do carré (PC) e peso do lombo (PL) no cromossomo 9. As linhas horizontais indicam os níveis de significância ao nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Não foram encontrados relatos na literatura consultada de QTL para PL no cromossomo 9. Entretanto, Rohrer et al. (2005) detectaram QTL significativo para AOL (IC = 50 - 53 cM), em região próxima ao QTL encontrado para PL.

Edwards et al. (2008), em uma varredura genômica em uma população F2 derivada do cruzamento entre as raças Duroc e Pietrain, utilizando 124 marcadores microssatélites, não encontraram associação significativa entre características de corte de carcaça e o SSC9. Não foram encontrados relatos na literatura consultada de QTL para PC no cromossomo 9. A região onde tal QTL foi detectado no presente estudo tem sido associada à espessura de toucinho na última costela e na última vértebra lombar (Rohrer, 2000), ao ganho de peso médio diário após o desmame (Malek et al., 2001a) e ao peso de gordura na região da copa (Rohrer e Keele, 1998). Milan et al. (2002), ao realizarem uma varredura genômica em uma população F2 Meishan x Large white, encontraram QTL sugestivo, com intervalo de confiança de 65 a 108 cM, para peso de paleta. No presente estudo, tal QTL não foi detectado.

#### 4.4.4 Características de Qualidade da Carne

O resultado do mapeamento de QTL para características de qualidade de carne no cromossomo 10 são apresentados na Tabela 16.

Tabela 16 – Estatísticas F máximas (F<sub>máx</sub>) com suas posições em cM e intervalo de confiança (IC) para os QTL significativos e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de qualidade da carne no cromossomo 10.

Característica	Posição (cM)	F <sub>máx</sub>	Aditivo ( $\pm$ EP) <sup>1</sup>	Dominância ( $\pm$ EP) <sup>1</sup>
pH45	34	2,71	-0,07 $\pm$ 0,06	0,20 $\pm$ 0,12
pH24	0	3,09	0,05 $\pm$ 0,03	0,10 $\pm$ 0,05
L	56	2,45	0,43 $\pm$ 0,21	0,56 $\pm$ 0,37
<b>A</b>	<b>56 (44 - 56)</b>	<b>5,05*</b>	<b>-0,48 <math>\pm</math> 0,16</b>	<b>-0,48 <math>\pm</math> 0,27</b>
B	56	1,98	0,06 $\pm$ 0,05	0,14 $\pm$ 0,08
GORINT	56	1,32	-0,01 $\pm$ 0,07	-0,20 $\pm$ 0,12
GOTEJ	0	2,27	-0,11 $\pm$ 0,14	0,44 $\pm$ 0,23
COZ	0	1,20	0,21 $\pm$ 0,23	0,46 $\pm$ 0,34
MACIEZ	0	2,60	37,31 $\pm$ 81,66	-279,88 $\pm$ 127,43
PTOT	0	1,98	0,09 $\pm$ 0,30	0,91 $\pm$ 0,46
C	35	1,52	1,0E-4 $\pm$ 0,09	-0,32 $\pm$ 0,19

pH45 - pH 45 minutos após o abate; pH24 - pH 24 horas após o abate; GORINT – porcentagem de gordura intramuscular; GOTEJ - perda por gotejamento; COZ - perda por cozimento; PTOT - perda total; MACIEZ - maciez objetiva (força de cisalhamento); L - luminosidade; A - índice de vermelho; B - índice de amarelo e C – índice de saturação.

<sup>1</sup> EP = erro-padrão

\* significativo a 5% (F=4,70) ao nível cromossômico

Observa-se na Tabela 16 que foi detectado um QTL significativo para índice de vermelho (A) no cromossomo 10. Tal QTL atingiu o limiar de significância de 5% ao nível cromossômico, estando localizado a 56 cM no SSC10, com intervalo de confiança de 44 a 56 cM, respondendo por 2,4% da variação fenotípica da característica. Tal QTL é bastante relevante na medida em que a cor da carne *in natura* é um dos fatores de qualidade mais importantes para o consumidor no momento da compra (Allen et al, 1998; Alves de Souza, 2006), sendo associada com o frescor e a boa qualidade do produto. Segundo Alves de Souza (2006), a cor da carne reflete a quantidade e o estado químico do seu principal pigmento, a mioglobina.

Os alelos da linhagem comercial causaram o aumento de A na presente população. Tal fato não era esperado, na medida em que existe correlação positiva entre A e porcentagem de gordura intramuscular e que a raça Piau apresenta maior deposição de gordura do que a linhagem comercial utilizada. Provavelmente, a citada característica é controlada por outra (s) região (s) localizada (s) em outro (s) cromossomo (s).

É apresentado na Figura 6 o perfil da estatística F ao longo do cromossomo 10 para a característica A.

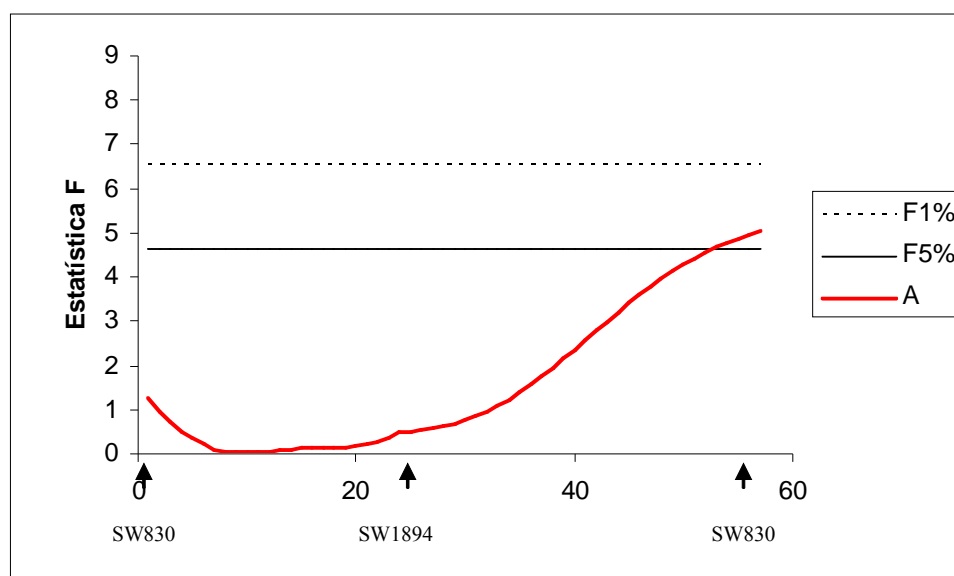


Figura 6 – Estimativas da estatística F para a característica índice de vermelho (A). A linha horizontal indica o nível de significância cromossômico (5% - linha contínua).

Não foram encontrados relatos, na literatura consultada, sobre a existência de associações significativas entre a característica A e a região do SSC10 em que foi feita a presente varredura cromossômica (Tabela 10). Markljung et al. (2008) encontraram QTL significativo para A, segregando em uma família oriunda do cruzamento entre as raças Hampshire e Landrace, a 122 cM no cromossomo 10. Já Van Wijk et al. (2006) encontraram QTL significativo para índice de vermelho do lombo a 94 cM, próximo ao marcador SW1894, segregando em uma população derivada do cruzamento entre raças comerciais. Entretanto, Ovilo et al. (2002), ao realizar uma varredura genômica, com o auxílio de 92 marcadores microssatélites em uma população F2 Ibérico x Landrace, não encontraram QTL para A no cromossomo 10, encontrando associações significativas entre tal característica e regiões dos cromossomos 4 e 8.

Conforme apresentado na Tabela 16, observa-se que não foram detectados QTL significativos para pH45, pH24, L, B, MACIEZ e COZ. Edwards et al. (2008)

obtiveram resultado semelhante. No entanto, estes autores detectaram QTL significativo para GORINT e não detectaram QTL para A.

Dekkers et al. (2003) detectaram QTL significativo para GORINT localizado a 0 cM no SSC10, segregando em uma população F2 derivada do cruzamento entre as raças Berkshire e Yorkshire. Tal QTL não foi detectado no presente estudo, provavelmente porque os alelos que possuem algum efeito sobre índice de vermelho não estão presentes no citado cromossomo da população utilizada.

## 5 CONCLUSÕES

- Detectaram-se três QTL significativos ao nível cromossômico no cromossomo 9 para peso total do carré ( $P < 0,01$ ), peso do lombo ( $P < 0,05$ ) e comprimento total do intestino delgado ( $P < 0,05$ ), respondendo, respectivamente, por 6,7%, 4,0% e 4,9% da variação fenotípica.
- No cromossomo 10, foram detectados dois QTL significativos ao nível cromossômico para maior espessura de toucinho na região da copa, na linha dorso-lombar ( $P < 0,05$ ) e índice de vermelho ( $P < 0,05$ ), ambos respondendo por 2,4% da variação fenotípica e um QTL significativo ao nível genômico para peso de fígado ( $P < 0,05$ ), respondendo por 6,9% da variação fenotípica.
- O mapeamento fino dessas regiões será necessário para um melhor entendimento do efeito de cada QTL e a possível detecção de genes candidatos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVES DE SOUZA, H. B. 2006. Parâmetros físicos e sensoriais utilizados para avaliação de qualidade da carne de frango. IN: V Seminário Internacional de Aves e Suínos. **Anais...** Florianópolis, SC. 2006.

ANDERSSON, L., ANDERSSON, K. , ANDERSSON-EKLUND, L., EDFORS-LILJA, I. , ELLEGREN, H., HALEY, C. S., HANSSON, I., JOHANSSON MOLLER, M., KNOTT, S. A., LUNDSTRO, K. M, AND MARKLUND, L. 1997 Case history in animal improvement: Genetic mapping of QTLs for growth and fatness in the pig. In: A. H. Paterson (Ed.) **Molecular Analysis of Complex Traits** CRC Press, Boca Raton, FL.

ANDERSSON-EKLUND, L., MARKLUND, L., LUNDSTRÖM, K. Mapping quantitative trait loci for carcass and meat quality in a Wild Boar x Large White intercross. **Journal of Animal Science**. 1998. 76: 694-700.

BENEVENUTO JÚNIOR, A. A. Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais de raça nativa e cruzados. **Dissertação** (mestrado). Viçosa. Departamento de Tecnologia de Alimentos, UFV. 98, 2001.

BIDANEL, J.-P.; MILAN, D.; IANNUCELLI, N.; AMIGUES, Y.; BOSCHER, M.-Y.; BOURGEOIS, F.; CARITEZ, J.-C.; GRUAND, J.; LE ROY, P.; LAGANT, H.; QUINTANILLA, R.; RENARD, C.; GELLIN, J.; OLLIVIER, L.; CHEVALET, C., 2001: Detection of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. **Genet. Sel. Evol.** 33: 289–309.

BLUM, H.; BEIER, H.; GROSS, H. J. 1987.Improved silver staining of plant proteins, RNA and DNA in polyacrilamide gels. **Eletrophoresis**. 8: 93-99.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLMICK, H. et al. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**. 32: 314-331.

CARNEIRO, M. S. e VIEIRA, M. L. C. 2002. Artigo de revisão Mapas Genéticos em Plantas. **Bragantia**. 61 (2): 89-100

CEPICA, S., SCHROFFEL JR, J., STRATIL, A., HOJNY, J., PIERZCHALA, M., KURYL, J., BRUNSCH, C., STERNSTEIN, I., DAVOLI, R., FONTANESI, L., REINER, G., BARTENSCHLAGER, H., MOSER, G., GELDERMANN, H. 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 9. **J. Anim. Breed. Genet.** 120 (1): 74–81.

CHURCHILL, G.A.; DOERGE, R.W. 1994. **Empirical threshold values for quantitative trait mapping.** **Genetics**. 138: 963-971.

CYMEROWSKA-PROKOPCZYK, I., PIERZCHALA, M., SZYDŁOWSKI, M., LUKASZEWICZ, M., KORWIN-KOSSAKOWSKA, A., KURYL, J. 1999. The Polish 'Pig Genome MAPPING' project. IX. Polymorphism of apolipoprotein genes APOA1 and APOB and its value in mapping genes affecting fattening and slaughter traits in F2. **Animal Science Papers and Reports**, 17 (1): 45-57.

DEKKERS, J. C. M., HOSPITAL, F. 2002. The use of molecular genetics in improvement of agricultural populations. **Nat. Rev. Genet.** 3: 22–32.

DEKKERS J., THOMSEN H., LEE H., MALEK M., ROTHSCHILD M. 2003. Detection of imprinted QTL in the Berkshire x Yorkshire cross. Proc. 28th Nat. Swine Imp. Fed. Conf. and Ann. Mtg., De Moines, Iowa.

DE KONING, D. J.; HARLIZIUS, B.; RATTINK, A. P.; GROENEN, M. A. M.; BRASCAMP, E. W.; VAN ARENDONK, J. A. M. 2001. Detection and characterization of quantitative trait loci for meat quality traits in pigs. **J. Anim. Sci.** 79: 2812–2819.

DE VRIES, A. G., L. FAUCITANO, A.A. SOSNICKI, AND G.S. PLASTOW. 2000. The use of gene technology for optimal development of pork meat quality. **Food Chem.**, 69:397.

DRAGOS-WENDRICH, M., MOSER, G., BARTENSCHLAGER, H., REINER, G., GELDERMANN, H. 2003. Linkage and QTL mapping for *Sus scrofa* chromosome 10. **J. Anim. Breed. Genet.** 120 (1): 82–88.

EDWARDS, D. B., ERNST, C. W., RANEY, N. E., DOUMIT, M. E., HOGE, M. D., BATES, R. O. 2008. Quantitative trait locus mapping in an F2 Duroc x Pietrain resource population: II. Carcass and meat quality traits. **J. Anim. Sci.** 86:254-266.

EVANS, G.; E. GIUFFRÀ; SANCHEZ, A.; KERJE, S.; DAVALOS, G.; O. VIDAL; ILLÁN, S.; NOGUERA, J.; VARONA, L. L.; VELANDER, I.; SOUTHWOOD, O. I.; DE KONING, D. J.; C. S.; HALEY, G. S.; PLASTOW; ANDERSSON L. 2003. Identification of quantitative trait loci for production traits in commercial pig populations. **Genetics.** 164:621–627.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C.: **Introduction to quantitative genetics.** Essex, UK: Longman Group Limited, 6th edition, 1996, 464 p.

FERREIRA, M.E; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** 2. ed. Brasília-DF: Embrapa/Cenargen, 1996. 219p.

GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Optimization of response using molecular data. In: The World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier: Institut National de la Recherche Agronomique, 2002. CD-ROOM.

GREEN, P., FALLS, K. e CROOKS, S. **Documentation for CRI-MAP, version 2.4** (3/26/90). Disponível em: <<http://www.animalgenome.org/~hu/CRIMAPwkshp/crimap-doc.html>>. Acesso em: 26 de maio de 2007.

GROENEN, M. A., DE VRIES, B. J., VAN DER POEL, J. J. Alignment of the PIGMAP and USDA linkage maps of porcine chromosomes 3 and 9. 1996. **Anim Genet.** 27(5):355-7.

GUIMARÃES, S.E.F. Análises de marcadores genômicos e detecção de QTLs e genes candidatos em melhoramento animal In: Pereira, J.C.C. **Melhoramento Genético Aplicado à Produção Animal**. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. p. 383 – 419.

HALEY, C. S.; KNOTT, S. A.; ELSEN, J. M. 1994. Mapping quantitative trait loci in crosses between outbred lines using least squares. **Genetics**. 136: 1195–1207.

HIROOKA, H.; DE KONING, D. J.; HARLIZIUS, B.; VAN ARENDONK, J. A. M.; RATTINK, A. P.; GROENEN, M. A. M.; BRASCAMP, E. W.; BOVENHUIS, H., 2001: A whole-genome scan for quantitative trait loci affecting teat number in pigs. **J. Anim. Sci.** 79: 2320–2326.

HILLEL, J. Map-based quantitative trait locus identification. 1997. **Poultry Science** 76, 1115-1120.

JANSEN, R.C. 1992. A general mixture model for mapping quantitative trait loci by using molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**. 85: 252-260.

JANSEN, R.C. 1993. Interval mapping of multiple quantitative trait loci. **Genetics**. 135: 205-211.

KALINOWSKI, S. T., TAPER, M. L., MARSHALL, TC. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molecular Ecology** 16: 1099-1006.

KIM, C. W., HONG, Y. H., YUN, S., LEE, S-R, KIM, Y. H., KIM, M-S, CHUNG, K. H., JUNG, W. Y., KW, E. J. 2006. Use of microsatellite markers to detect quantitative trait loci in yorkshire pigs. **J Reprod Dev**. 52(2): 229-237

KNOTT, S. A., L. MARKLUND, C. S. HALEY, K. ANDERSSON, W. DAVIES, H. ELLEGREN, M. FREDHOLM, I. HANSSON, B. HOYHEIM, K. LUNDSTROM, M. MOLLER, AND L. ANDERSSON. 1998. Multiple marker mapping of quantitative trait

loci in a cross between outbred wild boar and Large White pigs. **Genetics**. 149:1069-1080.

LANDER, E. S., BOTSTEIN, D. 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. **Genetics**. 121: 185-199.

LEE, M. DNA markers and plant breeding programs. 1995. **Adv. Agron.**, 55: 263-344.

L' institut national de la recherche agronomique (INRA): <<https://www-igc.toulouse.inra.fr/pig/cyto/cyto.htm>>. Acesso em 04/04/2008.

LIU, B.H. 1998. **Computacional tools for study of complex traits. In: Molecular Dissection of Complex Traits.** Editor: Paterson, A. H., CRC Press, Nova York. P.43-80.

LIU, G. Detection and characterization of QTL in a porcine Duroc Pietrain resource population. Bonn, Alemanha: Universität Bonn, 2005. **Tese (pHD)** – Universität Bonn, 2005.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits.** Sunderland, USA: Sinauer Associates, Inc., 1998. 980 p.

MALEK, M., DEKKERS, J. C. M., LEE, H. K. e ROTHSCHILD, M. F. 2001a A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig. I. Growth and body composition. **Mammalian Genome**. 12(8): 630-636.

MALEK, M.; DEKKERS, J. C.; LEE, H. K.; BAAS, T. J.; PRUSA, K.; HUFF-LONERGAN, E.; ROTHSCHILD, M. F., 2001b A molecular genome scan analysis to identify chromosomal regions influencing economic traits in the pig. II. Meat and muscle composition. **Mamm. Genome** 12: 637–645.

MARSHALL, T.C., SLATE, J., KRUK, L.E.B., PEMBERTON, J.M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molecular Ecology**. 7: 639-655.

MARKLJUNG, E., BRAUNSCHWEIG, M. H., KARLSKOV-MORTENSEN, P., BRUUN, C. S., SAWERA, M., CHO, I C, HEDEBRO-VELANDER, I., JOSELL, Å., LUNDSTRÖM, K., VON SETH, G., JØRGENSEN, G. B., FREDHOLM, M., ANDERSSON, L. 2008. Genome-wide identification of quantitative trait loci in a cross between Hampshire and Landrace II: Meat quality traits. **BMC Genetics**, 9:22.

MARKLUND, L., JOHANSSON MOLLER, M., HOYHEIM, B., DAVIES, W., FREDHOLM, M., JUNEJA, R. K., MARIANI, P., COPPIETERS, W., ELLEGREN, H. e ANDERSSON, L. 1996. A comprehensive linkage map of the pig based on a wild pig-Large White intercross. **Anim. Genet**. 27: 255-269.

MARTINEZ, M. L.; MACHADO, M. A. Programa genoma brasileiro de bovinos e suas perspectivas de aplicações práticas. In: **Anais** do IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2002.

MCQUEEN HA, HALEY CS, COUPERWHITE S, ARCHIBALD AL. A linkage map of pig chromosome 10. 1995. **J Hered**. 86(3):228-30.

MILAN, D., BIDANEL, J. P., IANNUCELLI, N., RIQUET, J., AMIGUES, Y., GRUAND, J., LE ROY, P., RENARD, C., CHEVALET, C. 2002. Detection of quantitative trait loci for carcass composition traits in pigs. **Genet. Sel. Evol.**, 34: 705–728.

OTT, J. 1992. Strategies for characterization highly polymorphic markers in human gene mapping. **American Journal of Human Genetics**, 51: 283-290.

OVILO, C., CLOP, A., NOGUERA, J. L., OLIVER, M. A., BARRAGÁN, C., RODRÍGUEZ, C., SILIÓ, L., TORO, M.A., COLL, A., FOLCH, J. M., SÁNCHEZ, A., BABOT, D., VARONA, L., PÉREZ-ENCISO, M. 2002. Quantitative trait locus

mapping for meat quality traits in an Iberian x Landrace F2 pig population. **J Anim Sci.** 80:2801-2808.

PASZEK, A. A.; WILKIE, P. J.; FLICKINGER, G. H.; ROHRER, G. A.; ALEXANDER, L. J.; BEATTIE, C. W.; SCHOOK, L. B., 1999: Interval mapping of growth in divergent swine cross. **Mamm. Genome** 10: 117–122

PÉREZ-ENCISO, M.; CLOP, A.; NOGUERA, J. L.; ÓVILO, C.; COLL, A.; FOLCH, J. M.; BABOT, D.; ESTANY, J.; OLIVER, I. D. e SÁNCHEZ, A. 2000. A QTL on pig chromosome 4 affects fatty acid metabolism: Evidence from Iberian by landrace intercross. **J. Anim. Sci.** 78: 2525-2531.

Pork Expo. Brasil: características do 4º maior produtor e exportador mundial de carne suína. Disponível em < <http://www.porkexpo.com.br/index.php/pasta/18/> >. Acesso em: 19 out. 2007.

PRATES, J. A. M. 2001. Contribuição das diversas endopeptidases (EC 3.4.21-24,99) endógenas para a maturação da carne. **Rev. Portuguesa de Ciências Veterinárias.** 96 (539) 135-144.

QUINTANILLA, R.; MILAN, D.; BIDANEL, J.-P., 2002: A further look at quantitative trait loci affecting growth and fatness in a cross between Meishan and Large White pig populations. **Genet. Sel. Evol.** 34: 193–210.

ROHRER, G. A., ALEXANDER, L. J., HU, Z., SMITH, T. P. L., KEELE, J. W. E BEATTIE, C. W. 1996. A comprehensive Map of the Porcine Genome. **Genome Research.** 6: 371-391.

ROHRER, G. A., J. W. KEELE. 1998. Identification of quantitative trait loci affecting carcass composition in swine: I. Fat deposition traits. **J. Anim. Sci.** 76:2247–2254.

ROHRER, G. A.; FORD, J. J.; WISE, T. H.; VALLET, J. L.; CHRISTENSON, R. K., 1999: Identification of quantitative trait loci affecting female reproductive traits in a

multigeneration Meishan-White composite swine population. **J. Anim. Sci.** 77: 1385–1391.

ROHRER, G. A., 2000: Identification of quantitative trait loci affecting birth characters and accumulation of backfat and weight in a Meishan-White Composite resource population. **J. Anim. Sci.** 78: 2547–2553.

ROHRER, G.A., THALLMAN, R.M., SHACKELFORD, S.D., WHEELER, T.L., KOOHMARAIE, M. 2005. A genome scan for loci affecting pork quality in a Duroc-Landrace F2 population. **Animal Genetics.** 37:17-27.

ROTHSCHILD, M. F., HU, ZHI-LIANG e JIANG, Z. Advances in QTL Mapping in Pigs. **Int. J. Biol. Sci.** 2007. 3(3):192-197.

SAMBROOK, J., FRITSH, E.F., MANIATS, T. **Molecular cloning: A laboratory manual.** 2 ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory 564, 1989.

SAS INSTITUTE INCORPORATION. **SAS/STAT® user's guide: version 6. 4** ed. Cary, NC:2000.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C.D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados.** Viçosa: UFV, 2004. 568 p.

SEATON, G., HALEY, C. S., KNOTT, S. A., KEARSEY, M., VISSCHER, P. M. 2002. QTL express: mapping quantitative trait loci in simple and complex pedigrees. **Bioinformatics.** 18 (2):339-340.

SOLLER, M.; BECKMANN, J. S. 1993. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. **Theor. App. Genet.** 67: 25-33.

SPELMAN, R. J.; GARRICK, D. J.; van ARENDONK, J. A. M. 1999. Utilization of genetic variation by marker assisted selection in commercial dairy cattle populations. **Livest. Prod. Sci.,** 59: 51-60.

TE PAS, M. F.; SOUMILLION, A.; HARDERS, F. L.; VERBURG, F. J.; VAN DEN BOSCH, T. J.; GALESLOOT, P.; MEUWISSEN, T. H. 1999. Influences of myogenin genotypes on birth weight, growth rate, carcass weight, backfat thickness and lean weight of pigs. **J. Anim. Sci.** 77: 2352–2356.

VAN WIJK, H. J., DIBBITS, B., BARON, E. E., BRINGS A. D., HARLIZIUS, B., GROENEN, M. A. M., KNOL, E. F., BOVENHUIS, H. 2006. Identification of quantitative trait loci for carcass composition and pork quality traits in a commercial finishing cross. **J Anim Sci.** 84:789-799.

VARONA, L., OVILO, C., CLOP, A., NOGUERA, J. L., PEREZ-ENCISO, M., COLL, A., FOLCH, J. M., BARRAGAN, C., TORO, M. A., BABOT, D., SANCHEZ, A. 2002. QTL mapping for growth and carcass traits in an Iberian by Landrace pig intercross : additive, dominant and epistatic effects. **Genet. Res. Camb.** 80: 145-154.

WADA, Y.; AKITA, T.; AWATA, T.; FURUKAWA, T.; SUGAI, N.; INAGE, Y.; ISHII, K.; ITO, Y.; KOBAYASHI, E.; KUSUMOTO, H.; MATSUMOTO, T.; MIKAWA, S.; MIYAKE, M.; MURASE, A.; SHIMANUKI, S.; SUGIYAMA, T.; UCHIDA, Y.; YANAI, S.; YASUE, H., 2000: Quantitative trait loci (QTL) analysis in a Meishan x Göttingen cross population. **Anim. Genet.** 31: 376–384.

WEHLING, M., B. CAI, J.G. TIDBALL 2000. Modulation of myostatin expression during modified muscle use. **Faseb J.** 14:103

ZENG, Z. B. 1993. Theoretical basis for separation of multiple linked gene effects in mapping quantitative trait loci. **Proceedings of Natural Academy of Science of USA.** 90: 10972-10976.

ZHU, J.J.; LILLEHOJ, H. S.; CHENG, H.H.; POLLOCK, D.; SADJADI, M.; EMARA, M.G. 2001. Screening for highly heterozygous chickens in outbred commercial broiler lines to increase detection power for mapping quantitative trait loci. **Poltry Science**, 80: 6-12.