KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA

DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS (QTL) NOS CROMOSSOMOS 5, 7 E 8 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

Livros Grátis

http://www.livrosgratis.com.br

Milhares de livros grátis para download.

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e Classificação da Biblioteca Central da UFV

T
S725d
2008

Sousa, Katiene Régia Silva, 1980-
Detecção de locos de características quantitativas (QTL) nos cromossomos 5,7 e 8 de suínos / Katiene Régia Silva Sousa.
– Viçosa, MG, 2008.
viii, 48f.: il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Simone Eliza Facioni Guimarães.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 36-48.

1. Suíno - Genética. 2. Locos de caracteres quantitativos. 3. Marcadores genéticos. 4. Cromossomos. 5. Suíno - Registro de desempenho. 6. Suíno - Carcaças. I. Universidade Federal de Viçosa. II.Título.

CDD 22.ed. 636.40821

KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA

DETECÇÃO DE LOCOS DE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS (QTL) NOS CROMOSSOMOS 5, 7 E 8 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: 25/02/2008

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Co-orientador)

Pesq. Marco Antônio Machado
(Co-orientador)

Pesq. Samuel Rezende Paiva

Pesq. Jane de Oliveira Peixoto

Profª. Simone E. Facioni Guimarães
(Orientadora)

À minha mãe, alicerce da minha vida.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por estar sempre presente em todos os momentos da minha vida.

À minha família, principalmente a minha mãe, pelo amor, pelo carinho, pelo apoio e pela confiança dedicados.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

À professora Simone Eliza Facioni Guimarães pelos ensinamentos, atenção, apoio e pela credibilidade, minha eterna admiração e gratidão.

Ao co-orientador professor Paulo Sávio Lopes e ao pesquisador Samuel Rezende Paiva pelas oportunidades.

Aos professores de Melhoramento Animal, Robledo de Almeida Torres e Ricardo Frederico Euclydes, pelos ensinamentos.

Aos estagiários Marcos (Marcola) e Miguel (Miguelito), meus braços direito e esquerdo, pela paciência e amizade.

Ao técnico de laboratório Mário pela ajuda e paciência.

À Débora (Debrita), pela amizade, pelos momentos de alegrias e pelas contribuições na realização deste trabalho.

À Jane, pela amizade e força dadas desde a minha chegada em Viçosa.

Aos amigos Ana Paula, Leonília, Anoca, Lindenberg, Karine, Crisoca, Gustavo, Leandro Vagno e Magali pela amizade e pela ajuda nos momentos de desespero.

À turma do LABTEC, Isabela, Priscila, Carlos, Nicola, Kleibe, Gustavo, Bruna e os estagiários temporários, Paulo, Lucas, Polliana e Lindomárcia, pelo convívio.

Ao pessoal da Granja de Melhoramento Animal de Suínos que me receberam muito bem quando eu cheguei em Viçosa para estagiar.

Às eternas amigas Michelle, Consolinha, Joyce, Nancy, Clidi, Mary e Beth pela amizade, confiança e apoio, mesmo distantes.

Aos professores da Universidade Estadual do Maranhão pela minha formação como Veterinária e pela torcida, principalmente, a Ana Lúcia e Ana Cristina.

À todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho, muito obrigada!

BIOGRAFIA

KATIENE RÉGIA SILVA SOUSA, filha de José Maria de Sousa e Maria do Socorro Silva Sousa, nasceu em São Luís, Estado do Maranhão, em 29 de janeiro de 1980.

Em agosto de 2000, iniciou o curso de Medicina Veterinária na Universidade Estadual do Maranhão, em São Luís, MA, concluindo-o em setembro de 2005.

Em março de 2006, iniciou o curso de Mestrado no programa de Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa.

Em 25 de fevereiro 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 vii

ABSTRACT viii

1 INTRODUÇÃO 1

2 REVISÃO DE LITERATURA 2

2.1 O Melhoramento Genético de Suínos 2

2.2 Marcadores Moleculares 3

2.2.1 Marcadores Moleculares Microssatélites 4

2.2.2 Desequilíbrio de Ligação 5

2.3 Distorção de segregação 6

2.4 Identificação de QTL 6

2.4.1 Delineamento Experimental F_2 7

2.5 Mapas Genéticos ou de Ligação 8

2.5.1 Cromossomo 5 9

2.5.2 Cromossomo 7 10

2.5.3 Cromossomo 8 11

3 MATERIAL E MÉTODOS 13

3.1 Coleta de material para análise 13

3.2 Características avaliadas 14

3.3 Extração do DNA 15

3.4 Locos de microssatélites 15

3.5 Amplificação 17

3.6 Análises estatísticas 17

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO 20

4.1 Descrição dos Locos de Microssatélites 20

4.2 Mapa de Ligação 22

4.3 Detecção de QTL 23

4.3.1 Cromossomo 5 ..... **23**

4.3.2 Cromossomo 7 ..... **27**

4.3.3 Cromossomo 8 ..... **30**

5 CONCLUSÕES **35**

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS **36**

RESUMO

SOUSA, Katiene Régia Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa; Fevereiro, 2008. **Detecção de Locos de Características Quantitativas (QTL) nos Cromossomos 5, 7 e 8 de suínos**. Orientadora: Simone Eliza Facioni Guimarães. Co-Orientadores: Paulo Sávio Lopes e Marco Antonio Machado.

Marcadores moleculares podem ser usados para identificar regiões cromossômicas que contêm locos de características quantitativas (QTL) que controlam fenótipos de importância econômica em animais de produção. Para estudá-los em suínos, foi gerada uma população de um cruzamento entre dois varrões da raça naturalizada Piau e dezoito fêmeas da linha comercial (Landrace x Large White x Pietrain). Uma progênie de 614 animais na F_2 foi produzida de 50 acasalamentos da F_1. Os dados fenotípicos de desempenho, carcaça, órgãos internos, vísceras, corte de carcaça e qualidade de carne foram coletados nos animais F_2. Os animais parentais, F_1 e F_2 foram genotipados para 17 marcadores tipo microssatélites cobrindo os cromossomos 5, 7 e 8. Os locos foram considerados adequados para estudos de características quantitativas, quando foram analisados os valores de heterozigosidade observada (Ho), heterozigosidade esperada (He) e conteúdo de informação polimórfica (PIC). No cromossomo 5, os valores das médias de Ho, He e PIC encontrados foram 0,73; 0,66 e 0,61; no cromossomo 7, os valores encontrados foram 0,81, 071 e 0,67 e no cromossomo 8 os valores foram 0,65; 0,65 e 0,61. Com o resultado da genotipagem foi construído o mapa de ligação específico dos marcadores para a população desenvolvida. As análises de associação foram feitas utilizando mapeamento por intervalo por regressão para detecção de QTL. Foram detectados 17 QTL para características de carcaça e corte de carcaça nos três cromossomos, enquanto para característica de desempenho apenas um QTL para conversão alimentar foi encontrado no cromossomo oito. Não foram encontrados nas literaturas consultadas QTL para Peso de Carré e Espessura de Bacon no cromossomo sete. As informações dos QTL significativos encontrados servem para estudos futuros como o mapeamento fino e identificação de genes que ajudam no melhor entendimento da fisiologia e características de produção de suínos.

ABSTRACT

SOUSA, Katiene Régia Silva, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa; February, 2008. **Detection of Quantitative Trait Loci (QTL) on Pig Chromosome 5, 7 and 8**. Adviser: Simone Eliza Facioni Guimarães. Co- Advisers: Paulo Sávio Lopes and Marco Antonio Machado.

Molecular markers can be used to identify chromosomal regions harboring quantitative trait locos (QTL) that control traits of economic importance in farm animals. To study these locos in the pig, a resource population has been generated from a cross between two Naturalized Brazilian Piau grand sires and eighteen Commercial grand dams (Landrace x Large White x Piétrain). A total of 614 F_2 progeny from 50 matings of F_1 parents were produced. Phenotypic data on performance, carcass, internal organs, viscera, carcass cuts and meat quality traits were collected on the F_2 animals. Parentals, F_1 e F_2 animals were genotyped for 17 microsatellite markers covering the chromosomes 5, 7 e 8. The loci were considered appropriate for quantitative analysis, when it was analysed their values for observed heterogosity (Ho), expected heterozigosity (He) and polimorfic information content (PIC). In the chromosome 5, the average values of the Ho, He; and PIC found were 0,73; 0,66 and 0,61; in the chromosome 7, the values found were 0,81, 071 and 0,67 and in the chromosome 8 had the average values for Ho, He and PIC of 0,65; 0,65 and 0,61 respectively. After the genotype scoring, it was constructed the linkage map for these markers in the population. Association analyses were performed using interval mapping by regression for QTL detection. Seventeen QTL were mapped for carcass and cuts carcass traits on the three chromosomes, while just one QTL for feed intake were found for performance trait in the eight chromosome. One QTL for Total (bone-in) loin weight (Kg) and for bacon depth were mapped and not yet described in the literature on the seven chromosome. The generated information of significant QTL will be useful for future studies dealing fine mapping with and identification of genes that could provide a better understanding of physiology and production traits of pigs.

1 INTRODUÇÃO

A partir de 1970, com o desenvolvimento da tecnologia que permite a identificação de marcadores genéticos e, a pesquisa demonstrando como esta tecnologia pode ser utilizada para identificar regiões genômicas que controlam a variação das características quantitativas e como os QTL (*Quantitative Trait Locos*) resultantes podem ser utilizados para um incremento na seleção, aumentaram as expectativas para a seleção assistida por genes (GAS) ou marcadores (MAS) em animais de produção. Para obter sucesso em programas de melhoramento com a MAS são necessários avanços no mapeamento de genes e identificação de polimorfismos, genotipagem por marcadores, detecção de QTL, avaliação genética e desenvolvimento de estratégias para utilizar a informação genética na seleção (Dekkers e Van der Werf , 2007).

A seleção da população apropriada para mapeamento é uma das premissas necessárias para a formação dos mapas de ligação. Portanto, a escolha dos genitores e do tipo de cruzamento é essencial para esta etapa. No entanto, independente dessa escolha, ainda devem ser observados o máximo de polimorfismos entre os genitores e que sejam produzidas gerações em que os locos estejam em desequilíbrio de ligação (Paterson et al., 1991; Tanksley, 1993). Segundo Andersson (2001) é mais interessante utilizar geração F_2, obtida do intercruzamento da F_1 quando se trata de marcadores de DNA co-dominantes, como é o caso dos microssatélites, pois um intercruzamento fornece duas vezes mais meioses informativas para os locos marcadores do que um retrocruzamento, por exemplo.

Com base nos mapas de ligação e nos dados de populações F_2 de cruzamentos entre raças, 110 artigos têm reportado 1.675 QTL afetando características de crescimento e composição corporal em suínos em uma variedade de cromossomos até o ano de 2006 e, especificamente, 56, 194 e 76 QTL nos cromossomos cinco (SSC5), sete (SSC7) e oito (SSC8) de suínos, respectivamente, segundo Rothschild et al. (2007).

Objetivou-se com este estudo detectar QTL localizados no cromossomo cinco, sete e oito, para características de desempenho, carcaça, víscera e órgãos internos, corte de carcaça e qualidade de carne na geração F_2 de suínos produzida por cruzamentos entre populações geneticamente divergentes formadas a partir de machos da raça naturalizada Piau e fêmeas comercias (Landrace X Large White X Pietrain).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O Melhoramento Genético de Suínos

Em 1916, no Brasil, foi fundada em Barueri, São Paulo, a primeira fazenda em que se objetivava a seleção e o cruzamento do porco nacional Canastrão. Em 1956, na Fazenda Experimental de Criação de Sertãozinho (SP) e na de Santa Mônica, no Rio de Janeiro foram conduzidos os trabalhos de fixação de características raciais e o melhoramento de características produtivas da raça Piau. Na década de 1960, houve importações de material genético selecionado e de boa qualidade dos Estados Unidos e da Europa resultando num processo de substituição das raças nacionais, nas quais sobressaía o tipo banha, por raças puras do tipo carne (Euclides Filho, 1999).

Segundo Euclides Filho (1999), em 1970 surgiram os criadores especializados e fundaram a Associação Brasileira de Criadores de Suínos (ABCS) e, a partir de então, tiveram início os testes de progênies e vários trabalhos foram feitos para melhorar a produtividade dos plantéis. Na década seguinte, a genética de suínos no Brasil transformou-se devido a organização e a estruturação de programas bem elaborados e, com a instalação de empresas de melhoramento genético, como Agroceres-PIC, Seghars-Humus pecuária, Sadia e Granja Rezende.

De forma geral, conforme a ABCS, o melhoramento genético objetiva melhorias na saúde, dando resistência a doenças e defeitos congênitos, assim como melhoria na qualidade de carne e nas características de produção, tais como, prolificidade, habilidade materna, conversão alimentar e taxa de crescimento. Segundo Merks (2007), a produção de carne suína no Brasil ultrapassou três milhões de toneladas em 2007, o que foi considerado o melhor desempenho para o país.

Os objetivos da seleção são trocados de acordo com a demanda do mercado. Nos anos 80, desejavam-se características de conformação, como por exemplo, diminuir a taxa de gordura na carne, entretanto, nos anos 90 ocorreu uma nova preocupação, aumentar a porcentagem de gordura intramuscular, uma vez que a diminuição da gordura tornou a carne menos suculenta e menos tenra, sendo, portanto, uma característica indesejável (Cameron, 1990).

Os métodos de avaliação genética animal têm sido modificados de forma que lhes sejam acrescentados características desejáveis. Para tanto, houve a aplicação da teoria de modelos lineares à genética quantitativa, mas também, a metodologia de

modelos mistos, no caso do BLUP ("*Best Linear Unbiased Prediction*") e por fim, a genética molecular que teve grande progresso na década de 90 com os programas de mapeamento genômico (ABCS, 2007).

A genética molecular, por meio da Seleção Assistida por Marcadores (MAS), permite selecionar os animais que estão associados com os alelos favoráveis do QTL, o que torna esta ferramenta interessante, pois não é preciso esperar o animal crescer para manifestar a característica, uma vez que se podem selecionar os reprodutores por meio do genótipo do marcador (Haley e Visscher, 1998). Este método é indicado para características que são difíceis de serem mensuradas, como as de baixa herdabilidade, as reprodutivas; as que são avaliadas apenas em um sexo, as de mensuração tardia assim como as avaliadas *post mortem.* As informações moleculares também podem ser utilizadas nos programas de Introgressão Assistida por Marcadores (MAI). Com esta estratégia, o alelo desejável pode ser introduzido em uma população na qual não existia (Andersson, 2001).

2.2 Marcadores Moleculares

Os marcadores moleculares, dentre várias aplicações, são utilizados na construção de mapas, na detecção de QTL e para a realização de estudos de associação com características fenotípicas de interesse. Carceller (2006) define os marcadores moleculares como regiões distribuídas ao longo do genoma que geralmente apresentam polimorfismos, devendo o genótipo dos marcadores ser identificado facilmente e permitir a identificação dos organismos, espécies ou o caráter fenotípico associado ao mesmo.

O uso de marcadores moleculares permite que a seleção e novos cruzamentos sejam realizados em uma mesma geração, o que aumenta consideravelmente a eficiência de um programa de melhoramento. Podem ser usados mesmo que não tenham sido mapeados, ou seja, associados a um gene, a uma região cromossômica ou a um fenótipo, desde que possam ser seguidos em gerações subseqüentes, comprovando sua natureza genética (Ferreira e Grattapaglia, 1998). Apesar de existirem vários marcadores hoje descritos, os mais utilizados são os que permitem a realização da genotipagem massiva de forma viável e econômica, como os microssatélites e os SNPs ("*Single Nucleotide Polymorphism*"). Existem outros marcadores como os AFLP

("*Amplified Fragment Length Polymorphism"*) e os RAPD ("*Random Amplified Polymorphic DNA"*) (Carceller, 2006).

2.2.1 Marcadores Moleculares Microssatélites

Os marcadores microssatélites são também denominados SSR (*Simple Sequence Repeats)* e STR (*Short Tandem Repeats*), sendo constituídos de pequenas repetições agrupadas de um a seis pares de bases, encontrando-se na forma mais comum de dinucleotídeos (CA)n e (TG)n (Caixeta et al, 2006). As seqüências que flanqueiam as regiões de microssatélites são conservadas entre espécies, o que permite a construção de *primers*, o que concede a amplificação, por meio de PCR, do mesmo loco (Schuster e Cruz, 2004).

O número de blocos homólogos e conservados mapeados dentro dos cromossomos de suínos reportados são 145 com camundongos e 149 com o genoma humano (Geldermann et al., 2003). Segundo Schuster e Cruz (2004), o grande número de alelos se deve ao tamanho dos fragmentos e ao número de repetições dos microssatélites. Em muitos casos, essas diferenças no tamanho dos fragmentos, são de poucos pares de bases, o que requer uma detecção mais eficaz exigindo, portanto, a análise dos fragmentos por meio de seqüenciadores automáticos.

Tendo em conta a expressão co-dominante (ambos os alelos de um indivíduo heterozigoto são visualizados) e o multialelismo, os marcadores SSR são os que possuem maior conteúdo de informação polimórfica ("PIC-*Polymorphism Information Content*") na terminologia de marcadores moleculares (Ferreira e Grattapaglia, 1998). O conhecimento do conteúdo de informação polimórfica que é a probabilidade de um parental ser heterozigoto num loco e o outro parental ter um genótipo diferente, é de grande utilidade na determinação do número e do tamanho de famílias para mapear QTL. A escolha das famílias pode ser baseada na heterozigosidade dos parentais, a fim de aumentar a informatividade dos marcadores, selecionando os mais informativos (Zhu et al., 2001).

O primeiro mapeamento de QTL em suínos usando marcadores microssatélites e incluindo muitos cromossomos foi reportado por Andersson et al. (1994a, b) para crescimento, deposição de gordura e comprimento do intestino e, subseqüentemente por Rathje et al. (1997) para características reprodutivas das fêmeas.

Malek et al. (2001b) visaram identificar genes e regiões relacionados com qualidade de carne em uma população de suínos com 123 marcadores espalhados por todo o genoma e detectaram 60 QTL. Outros trabalhos foram feitos com Rohrer e Keele (1998) avaliando características ligadas à deposição de gordura, os quais também utilizaram marcadores microssatélites, num total de 156 espalhados no genoma de uma população F_2 de Meishan x composto branco; Andersson-Eklund et al. (1998) usaram 236 locos em 200 animais F_2 e Wada et al. (2000) utilizaram 318 locos em uma população F_2 oriunda do cruzamento de Meishan e porco miniatura Göttingen.

2.2.2 Desequilíbrio de Ligação

Segundo Dekkers (2004), os marcadores em desequilíbrio de ligação (LD) têm que estar perto da mutação funcional em uma população, ou seja, tem que haver desequilíbrio entre o marcador e o QTL. A detecção de QTL com o uso de marcadores em LD em cruzamentos F_2 entre duas raças que diferem em freqüências alélicas e, conseqüentemente, em seus haplótipos, cria extenso desequilíbrio dentro da população cruzada. Isto se deve porque a população se submeteu apenas a uma geração de recombinação. Assim, embora esses marcadores possam estar em equilíbrio de ligação com o QTL dentro das raças parentais, eles sofrerão desequilíbrio de ligação parcial com o QTL dentro da população cruzada se o marcador e o QTL diferirem na freqüência entre as raças (Dekkers e Van der Werf, 2007).

De acordo com Haley (2007), vários fatores podem causar desequilíbrio de ligação dentro de uma população, como por exemplo, a seleção. A recombinação tende a diminuir a extensão do desequilíbrio de ligação, mas essa erosão é baixa entre os locos ligados. Se o LD é difundido e extenso, ele requer um mapa menos denso para detectar QTL, mas se a resolução do mapeamento é baixa, dificulta a identificação da mutação causal. Portanto, em uma simples estrutura de três gerações (parental, F_1 e F_2) com informação genotípica e fenotípica é relativamente suficiente para detecção de QTL. De acordo com Dekkers e Van der Werf (2007), há duas estratégias para encontrar os marcadores que estão em LD:

1) Avaliando se os marcadores estão dentro ou perto de genes que estão associados com características fenotípicas de interesse (genes candidatos) e;
2) Varredura genômica por meio de mapas densos, com marcador a cada 0,5 a 2 cM. Porém, para obter sucesso, dependerá da extensão do LD na população.

A informação do LD é vantajosa porque aumenta o poder de detecção de um QTL e a habilidade para posicionar o QTL diminuindo ligeiramente o número de falsos positivos. Isto é especialmente verdadeiro para mapas mais densos, pois geram mais informação de LD (Heuven et al., 2005).

Um dos primeiros exemplos utilizando marcadores em desequilíbrio de ligação para uma característica quantitativa foi o teste para o gene do receptor de estrógeno (ESR) que tem sido usado em várias linhas comerciais para aumentar a seleção para tamanho de leitegada (Rothschild et al., 1996; Dekkers, 2004).

2.3 Distorção de segregação

A ausência do padrão Mendeliano, chamada de distorção de segregação, é causada pelo efeito de amostragem ou viabilidade diferencial de gametas (Carneiro e Vieira, 2002). No entanto, Staub et al. (1996) salientam que a supressão da recombinação entre genomas divergentes e a ocorrência de alelos deletérios podem provocar distorções das proporções Mendelianas esperadas na descendência, quebrando as premissas assumidas na análise estatística, afetando o cálculo da distância e a ordem dos marcadores nos grupos de ligação.

Segundo Carneiro e Vieira (2002), os locos que apresentam distorções da segregação devem ser descartados das análises estatísticas para não comprometer a qualidade do mapa.

2.4 Identificação de QTL

Muitos experimentos têm sido feitos para a ajudar a identificar regiões ligadas a características importantes economicamente na indústria suinícola. Para isso, faz-se necessário o uso de 400 a 700 animais originados de um delineamento F_2 (Rothschild et al., 2007). As características de interesse econômico em animais domésticos são do tipo quantitativa, por exemplo, peso, qualidade da carne e crescimento (Carceller, 2006).

Para identificar estas regiões, os marcadores moleculares devem estar ligados aos locos que controlam as características em estudo, à fim de que segreguem de uma geração para outra junto com o gene que afeta a característica em questão (Arús et al., 1993 citado por Nones, 2004). Em outras palavras, a detecção de QTL requer a geração do desequilíbrio de ligação (LD) entre os marcadores genéticos e o QTL (Weller, 2007).

Haley e Knott (1992) e Schuster e Cruz (2004) afirmam que para ter sucesso na detecção do QTL devem-se usar marcadores múltiplos, uma vez que apenas uma marca não define a posição do QTL. No caso de seleção utilizando dois marcadores que flanqueiam o QTL, a probabilidade de selecionar o indivíduo que não possua o QTL é bem menor que uma marca.

2.4.1 Delineamento Experimental F_2

Segundo Dekkers e Hospital (2002), teoricamente, nos cruzamentos entre linhas que são geneticamente divergentes é esperado um maior vigor híbrido ou efeitos heteróticos porque diferem nas freqüências alélicas entre as linhas geneticamente distantes.

Foram criadas estratégias que usam o conhecimento dos efeitos de QTL para gerar cruzamentos em que possam maximizar a informação do mapeamento de QTL, um exemplo seria o uso de uma população F_2, pois depende principalmente do número de progênie na população analisada e o tamanho dos efeitos dos genes. Em famílias F_2, a distância desejada entre os marcadores é de 10-20 cM para poder detectar QTL, distâncias menores são desnecessárias (Geldermann et al., 2003). A população F_2 é obtida pelo cruzamento (ou autofecundação) entre indivíduos $F_{1,}$ resultantes do cruzamento entre genitores homozigóticos. Esse delineamento é vantajoso pela maior facilidade em produzir um grande número de indivíduos F_2 do que o retrocruzamento, por exemplo (Walsh, 2006).

Em animais domésticos, os projetos de mapeamento fazem uso dos cruzamentos de populações geneticamente divergentes para originar populações experimentais (Guimarães e Lopes, 2001). Muitos estudos de QTL são baseados nesses cruzamentos, tais como, a utilização das raças Meishan e raças européias de suínos, pois acredita-se que o QTL esteja fixado para os alelos alternativos nas populações e que esteja segregando em uma ou ambas as populações (Haley, 2007).

Trabalhos realizados como o de Knott et al. (1998) utilizando população F_2 resultante de um cruzamento entre suínos Large White e Porco Selvagem Europeu identificaram QTL afetando espessura de toucinho no cromossomo 4 e outros QTL nos cromossomos 3 e 5 para comprimento de intestino e nos cromossomos 13 e 10 para taxa de crescimento até os 30 kg e de 30 a 70 kg, respectivamente. Andersson et al (1994b)

utilizaram cruzamentos divergentes entre linhas comerciais e porco selvagem europeu detectando QTL para deposição de gordura no cromossomo 4.

Bidanel et al. (2001) ao pesquisarem QTL para características de crescimento e deposição de gordura também em suínos, utilizaram população F_2 experimental do cruzamento entre Meishan e Large White e identificaram QTL nos cromossomos 1, 4 e 7 para crescimento e, para espessura de toucinho nos cromossomos 1, 4, 5, 7 e X. Quintanilha et al. (2003) fizeram uso da mesma população F_2 de Large White e Meishan para detectar QTL para os níveis de androstenona. Os pesquisadores observaram associaram os alelos da raça Meishan com os altos níveis do hormônio. Com o uso de população $F_{2,}$ vários estudos têm identificado QTL em cromossomos únicos (por exemplo, Walling et al. 1998, 2000; Wang et al. 1998; Grindflek et al. 2001) e por meio de varreduras genômicas (Casas-Carillo et al., 1997; Rohrer e Keele, 1998; De Koning et al., 1999, 2000, 2001a, b; Paszek et al., 1999, 2001; Rohrer et al., 1999; Rohrer, 2000; Wada et al., 2000; Malek et al. 2001a, b; Nezer et al., 2002 e Quintanilla et al., 2002).

2.5 Mapas Genéticos ou de Ligação

O desenvolvimento de mapas genéticos é considerado uma das aplicações de maior impacto da tecnologia de marcadores moleculares na análise genética de espécies e, potencialmente, no melhoramento genético (Ferreira et al, 2007). Eles são necessários em estudos avançados, tais como, o mapeamento de genes de interesse associados a características qualitativas ou quantitativas (Caixeta et al., 2006). Os microssatélites têm sido úteis para integração de mapas genéticos e mapas físicos e têm provido os melhoristas e geneticistas com uma ferramenta eficiente para associar variação genética e fenotípica (Gupta e Varshney, 2000).

De acordo com Carceller (2006), os mapas genéticos ou de ligação mostram a distância estimada entre os marcadores a partir da freqüência de recombinação entre eles. A construção desses mapas é baseada na freqüência de recombinação e é diretamente proporcional a distância entre dois locos no mesmo cromossomo. Desta forma, quanto maior a distância entre os locos maior a probabilidade de haver recombinação.

As funções de mapeamento foram desenvolvidas devido à falta de aditividade das freqüências de recombinação e são utilizadas para converter estas freqüências em

unidades de mapa (cM = centiMorgan), em medidas de distância para o ordenamento dos locos conforme afirma Schuster e Cruz (2004). As funções utilizadas são as de Haldane e de Kosambi, sendo que a primeira admite a independência das permutas nos intervalos adjacentes, enquanto a segunda considera a interferência (Lynch e Walsh, 1998; Griffits et al., 2002; Schuster e Cruz, 2004).

A construção do mapa faz-se necessário o uso de informações de pedigree e marcadores polimórficos e o programa mais utilizado para isso é o CRI-MAP (Green et al., 1990), contudo, existem fatores que podem distorcer as freqüências de recombinação.

2.5.1 Cromossomo 5

Conforme Guimarães e Lopes (2001) o programa de mapeamento genômico de suínos é um dos mais completos em relação aos animais domésticos. Os mapas genéticos mais importantes são o PIGMaP (Archibald, et al.,1995), o NORDIC (Marklund et al., 1996) e o USDA-MARC (Rohrer et al., 1996) e são continuamente atualizados.

O mapa de ligação do USDA-MARC do cromossomo 5 de suínos está baseado em 47 locos espalhados em 114,4 cM de comprimento, enquanto o do PIGMaP chega a 148 cM com 14 locos e o do NORDIC tem 129,3 cM com 9 locos. Esses mapas encontram-se disponíveis no site http://www.thearkdb.org. Este cromossomo apresenta regiões em sintenia com os cromossomos 12, 19 e 22 de humanos.

Este cromossomo apresenta genes importantes (Figura 1), como o gene do fator de crescimento-I semelhante à insulina (IGF-I) que exerce efeito direto sobre o crescimento e a composição corporal animal por meio de mecanismos endócrino-fisiológicos. É considerado gene candidato (Yu et al. 1995), ou seja, é gene de seqüência conhecida e ação biológica conhecida e que está envolvido com características do desenvolvimento ou da fisiologia (Rothschild e Soller, 1999).

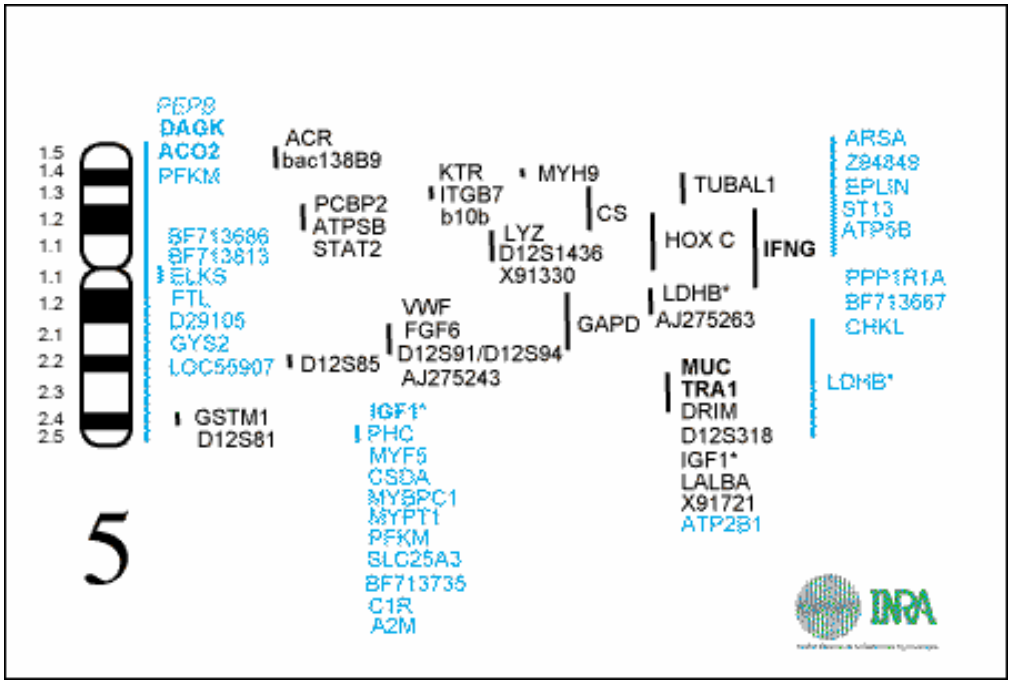

Figura 1: Mapa genético do cromossomo 5 *Sus Scrofa*

Fonte:http://www2.toulouse.inra.fr/lgc/pig/cyto/genmar/htm/5GM.HTM acessado em 17/01/2008

Assim como o IGF-I, existem outros genes, tais como, o supressor de sinais de citocinas (SOCS2) que tem importante função na regulação das ações do hormônio do crescimento. Outro gene é o *Peroxisome proliferator – Activated receptor alpha* (PPARA) que está relacionado com a qualidade de carne. A partir de análises de associações feitas na população de estudo Berkshire e Yorkshire para o PPARA observou-se efeitos significantes para peso ao nascimento, perda de água por gotejamento ($p<0,05$) e área de olho de lombo ($p<0,1$) (Pitta, 2004).

2.5.2 Cromossomo 7

O mapa de ligação do USDA-MARC do cromossomo 7 de suínos está baseado em 62 locos espalhados por 156, 6 cM de comprimento, enquanto o do PIGMaP chega a 170 cM com 22 locos e o do NORDIC com 16 locos em 151,1 cM de comprimento (http://www.thearkdb.org). Conforme Demeure et al. (2005), o cromossomo 7 tem se mostrado rico em QTL e genes influenciando características como crescimento qualidade de carne (Figura 2), além de regiões em sintenia com os cromossomos 6, 14, 15 e 19 de humanos.

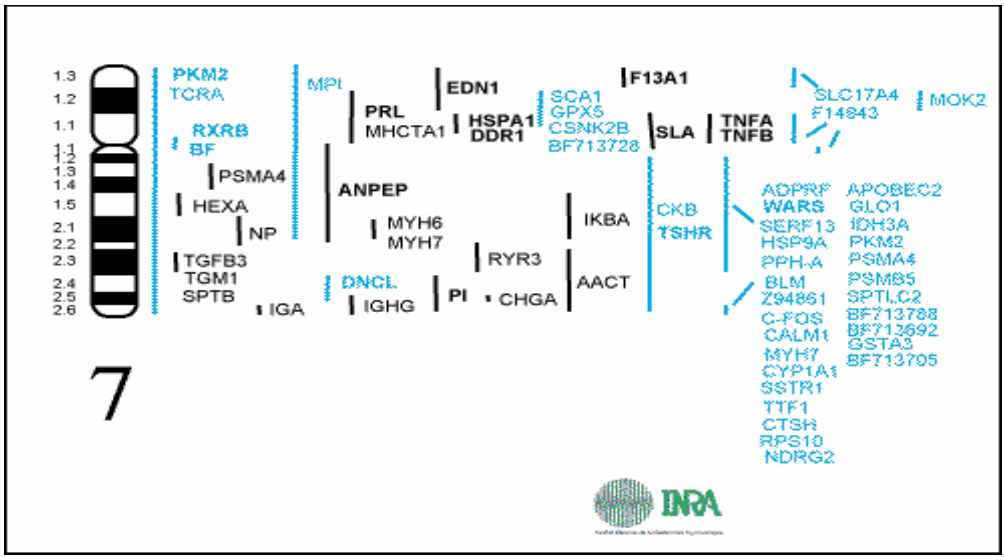

Figura 2: Mapa genético do cromossomo 7 *Sus scrofa*

Fonte: http://www2.toulouse.inra.fr/lgc/pig/cyto/genmar/htm/7GM.HTM acessado em 17/01/2008

Além disso, existem genes relevantes, como o gene para o nível de androstenona que é regulado pela proteína citocromo b5 (Squires, 2006). Este hormônio testicular é causador do chamado "odor de varrão" na carne de suínos não castrados (Bonneau, 1998; Peloso, 2000).

Geldermann et al. (2003) evidenciaram QTL com grande efeito mapeado no Complexo Maior de Histocompatibilidade (MHC) no cromossomo 7 utilizando três famílias F_2 do cruzamento de Meishan, Pietrain e Porco Selvagem Europeu afetando peso corporal e outras características.

Outro gene que é encontrado neste cromossomo é o Fator de Necrose Tumoral (TNF), que de acordo com Abbas e Lichtman (2004) é uma citocina produzida principalmente por fagócitos mononucleares ativados e está envolvida em inflamações sistêmicas, proliferação e diferenciação celular, alem de causar a morte apoptótica da célula.

2.5.3 Cromossomo 8

O mapa de ligação do USDA-MARC do cromossomo 8 *Sus scrofa* é de 127, 7 cM de comprimento e contém 62 locos, o do PIGMAp apresenta 102 cM com 16 locos e o do NORDIC possui 13 locos espalhados em 142,7 cM (http://www.thearkdb.org) e vários QTL têm sido reportados nesse cromossomo (Figura 3). Existem vários genes

interessantes e importantes no melhoramento genético de suínos, além de possuir várias regiões em sintenia com o cromossomo 4 de humanos.

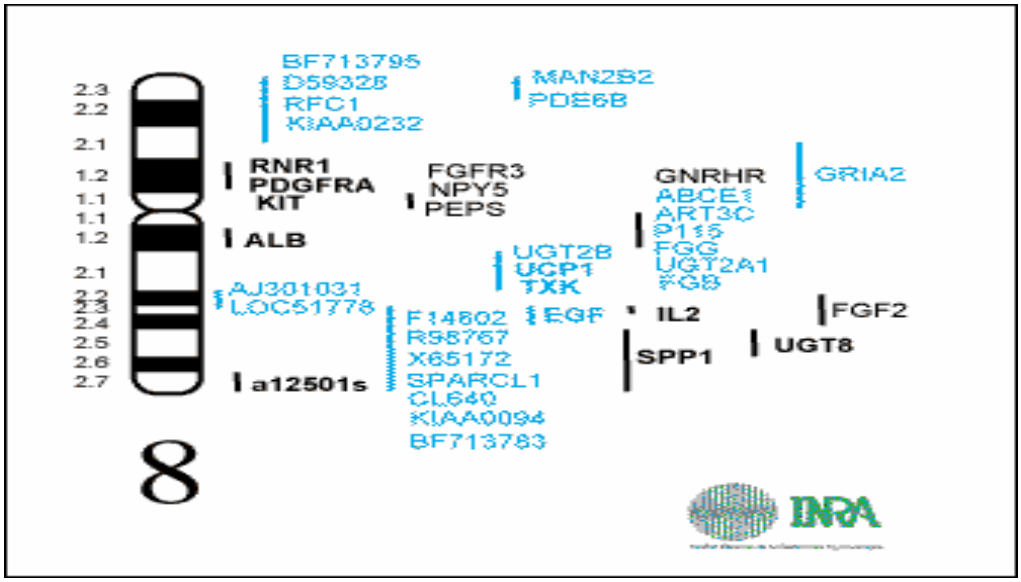

Figura 3: Mapa genético com os principais genes localizados no cromossomo 8.

Fonte: http://www2.toulouse.inra.fr/lgc/pig/cyto/genmar/htm/8GM.HTM acessado em 17/01/2008

O Branco Dominante da pele de suínos, por exemplo, é devido a falta de melanócitos em conseqüência a uma mutação no gene *Kit* que se encontra localizado no braço curto do cromossomo 8 na banda 8p1.2 (Moller et al, 1996). Fésüs et al (2006), a partir de estudos com suínos e camundongos, observaram possíveis efeitos pleiotrópicos dos genótipos do Branco Dominante/*Kit* suíno no tamanho, parâmetros histológicos e características da superfície de ovários, testículos e do esperma epididimal em duas gerações F_2 de um intercruzamento de machos Hampshire e fêmeas Large White.

Conforme Andrade e Bastos (1995), a interleucina 2 (IL-2) é responsável pela sinalização da proliferação de linfócitos ou células T. Ela é uma glicoproteína com 133 aminoácidos e é uma das linfocinas mais estudadas e por isso, a mais bem caracterizada; além de ser essencial na regulação da resposta imunológica. Suas ações biológicas são intermediadas por um receptor quase exclusivamente expresso nas células T (linfócitos timo-dependentes) ativadas.

O Neuropeptídeo Y (NPY) está contido numa pequena população de neurônios hipotalâmicos no núcleo arqueado, que se projetam para outras regiões do hipotálamo. A administração, a nível central, de NPY promove um balanço energético positivo e um aumento do armazenamento de gordura; de forma que o NPY é uma das substâncias que

fazem a comunicação entre os neurônios e pode ser considerado o principal estimulante da fome (Marçal Ferreira et al, 2004).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Coleta de material para análise

A formação da população F2 e a obtenção dos dados fenotípicos foram realizadas 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 de dois machos da raça naturalizada brasileira Piau com 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_1 nasceu entre os meses de março e maio de 1999. Dentre os machos F_1, 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_2, nascida entre junho de 2000 e fevereiro de 2001. Assim, foram obtidos 614 animais F_2, divididos 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.

Após este período, foram criados em baias coletivas até atingirem o peso de abate, 65 (64,84 ± 5,53) kg de peso vivo (147,83 ± 9,95 dias de idade), quando tiveram suas carcaças dissecadas e analisadas.

3.2 Características avaliadas

Foram mensuradas 12 características de desempenho na geração F_2: conversão alimentar (CA) dos 77 aos 105 dias, consumo de ração (CR) dos 77 aos 105 dias, ganho de peso médio diário (GPD), 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) e idade ao abate (IDA) aos 65 kg de peso médio vivo.

As características de carcaça em estudo foram divididas em dois grupos: 1) carcaça, órgãos internos e vísceras e 2) cortes de carcaça em seguida ao abate.

Desta forma, as seguintes características foram avaliadas na meia-carcaça direita na geração F2: peso de carcaça com cabeça e pés (PCARC), rendimento de carcaça com cabeça e pés (RCARC), comprimento de carcaça pelo método brasileiro (MBCC) e pelo método americano (MLC); espessura de toucinho: 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).

A meia carcaça direita foi resfriada por 4°C por 24 horas e então se procedeu a sua dissecação para se obter os dados referentes às características de cortes e órgãos internos: 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 (PROLOMB) e a área de olho-de-lombo (AOL). Esta 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: baço (BACO), coração (CORAC), fígado (FIGADO), pulmão (PULMAO), rim (RIM) e o comprimento total do intestino delgado (INTEST).

Ainda na meia carcaça referida foram tomadas as seguintes medidas: peso total da papada (PAPADA), peso total da paleta (PPA), peso da paleta limpa (PPAL), espessura de bacon (PB), peso da gordura abdominal (PGA), peso total do carré (PC),

peso total da copa (PCOPA), peso da copa limpa (PCOPAL), peso das costelas (PCOST), peso do filezinho (PF), peso do lombo (PL), peso do pernil limpo (PPL) e peso total do pernil (PP).

As 12 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 (GORINT), 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). Descrição detalhada sobre a metodologia empregada na análise das características de qualidade da carne foram apresentadas por Benevenuto Júnior (2001).

3.3 Extração do DNA

Como rotina no laboratório e pelo uso deste DNA em outros projetos, esse foi extraído e armazenado conforme descrito abaixo:

O sangue de cada animal foi coletado através de punção venosa do *Sinus orbitalis*, por gotejamento em tubos estéreis contendo ácido etilenodiaminotetracético (EDTA) na concentração de 0,5 M e pH 8,0, e durante a punção cardíaca no momento do abate. As amostras foram centrifugadas a 2.500 g 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). As soluções de DNA para uso foram diluídas na concentração de 25 ηg/μL em solução de Tris_EDTA (Tris-HCL 10 mM- pH 8,0 e EDTA 1,0 mM- pH 8,0) e foram mantidas em geladeira a 4°C.

3.4 Locos de microssatélites

Alguns *primers* para os marcadores microssatélites foram doados pelo Dr. Rothschild, coordenador do *U.S. Pig Genome Project*. Foram utilizados locos de microssatélites para cobrir os cromossomos 5, 7 e 8 dos suínos com média de 30

centiMorgan (cM) de espaçamento. Na Tabela 1 estão apresentados os locos com algumas características específicas, tais como localização, fluorescência, variação de tamanho em pares de base (pb) e número de alelos de acordo com o site http://www.genome.iastate.edu/pig (2006) que serviram de referência para se iniciar o trabalho.

Tabela 1 – Descrição dos locos microssatélites usados na detecção de QTL nos cromossomos 5, 7 e 8 de suínos.

Locos	Cromossomo	cM[1]	Marcação	Tam (pb)[2]	Temp[3]	NAL[4]
SJ024	5	0	TET	239 a 279	58	7
SW2	5	78,7	FAM	88 a 126	58	11
SW1987	5	101,6	FAM	152 a 168	58	5
SW378	5	134,4	TET	167 a 195	62	5
S0025	7	3,7	FAM	104 a 151	58	2
S0064	7	30,2	FAM	93 a 160	65	8
S0102	7	70,1	TET	123 a 143	65	10
SW252	7	99,4	HEX	149 a 179	57	3
SW632	7	104,4	TET	140 a 179	62	12
S0212	7	141,2	FAM	229 a 249	55	8
SW2410	8	0	HEX	108 a 124	55	6
S0098	8	12,4	TET	93 a 155	65	9
SW905	8	20,8	FAM	122 a 170	62	9
S0017	8	60,4	HEX	155 a 179	58	12
S0086	8	62,2	FAM	154 a 184	62	9
SW1085	8	99	TET	117 a 135	60	3
S0178	8	127,7	TET	99 a 128	65	14

[1]cM: Posição em centiMorgan, nos referidos cromossomos de acordo com o mapa consenso;
[2]Tam: Tamanho dos fragmentos em pares de bases;
[3]Temp: Temperatura de anelamento do primer;
[4]NAL:Número de alelos.

Além dos marcadores citados na Tabela 1, outros testados não foram utilizados, pois se mostraram monomórficos nesta população. Dentre estes estão SW581 (123,8cM) no cromossomo sete e no cromossomo 5 estão SW967 (145,9 cM), SW152 (107 cM), SWR453 (57,9 cM), SW1482 (39,9 cM) e ACO (24,4 cM).

3.5 Amplificação

As amplificações foram feitas no Laboratório Biotecnologia Animal (LABTEC) do DZO-UFV, a partir do DNA genômico extraído do sangue dos animais parentais, F_1 e F_2. Utilizaram-se 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 $MgCl_2$ e 25ng de DNA genômico por reação, num total de 15 µL .

Os programas de amplificação apresentaram os seguintes passos: desnaturação inicial a 94ºC por 4 minutos, desnaturação a 94ºC por 1 minuto, anelamento dos *primers* em temperaturas específicas para cada par de *primer* por 1 minuto e a extensão a 72 ºC durante 1 minuto. Repetição por 35 a 40 vezes, de acordo com cada par de *primer*. Em seguida, os produtos amplificados foram submetidos a eletroforese em géis de poliacrilamida 8%. A coloração dos géis foi feita utilizando nitrato de prata a 0,2%, posteriormente os produtos amplificados foram estocados a 4ºC.

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 escoreamento 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 escoreamento dos fragmentos amplificados foi feito utilizando o programa *GeneScan®* (*Applied Biosystens*).

3.6 Análises estatísticas

Foi utilizado o programa CERVUS para fazer a análise dos dados genéticos dos marcadores codominantes, após genotipagem dos animais parentais, F_1 e F_2, assumindo que estes marcadores foram herdados de forma independente. O programa foi usado para calcular as freqüências alélicas, quantificar o valor da informação do polimorfismo de um locos marcador e o conteúdo de informação polimórfica (PIC), assim como a heterozigosidade de um locos que é definido como a probabilidade de que um indivíduo seja heterozigoto naquele locos, em uma população (Marshall et al., 1998; Araújo, 2003).

Os mapas de ligação para cada cromossomo foram construídos pelo método de máxima verossimilhança utilizando-se análise de ligação multi-ponto e a função de Kosambi para transformar taxas de recombinação em distância de mapa em cM, com o auxílio do programa CRIMAP (Green et al., 1990).

Os mapas de ligação contendo as distâncias entre os marcadores, os genótipos para os diversos marcadores e os dados fenotípicos foram submetidos ao programa QTLEXPRESS (Seaton et al., 2002) (http://ww.qtl.cap.ed.ac.uk) que mapeia QTL existentes, por meio de regressão linear, 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 (Haley et al., 1994).

A determinação dos limiares de significância cromossômica (α=0,05 e α=0,01) foi feita no programa QTLEXPRESS, com testes de 10000 permutações (Churchill e Doerge, 1994). O limiar de significância genômico (α=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 (χ^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 computada 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 σ^2_Y é a variância residual considerando os efeitos fixos e as covariáveis, exceto o QTL e "a" é o efeito aditivo, gerados pelo programa QTLEXPRESS.

Foi adotado o seguinte modelo estatístico:

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

em que:

y_{ijk} = fenótipo;

μ = efeito médio

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);

$(C_{ijk} - \overline{C})b$ = ajustamento para as covariáveis

e = erro

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 dos alelos do QTL serem homozigotos com origem da raça naturalizada Piau;

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

P(Qq) = probabilidade dos alelos do QTL serem heterozigotos.

O modelo anterior 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).

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

A distorção de segregação foi calculada pelo QTLEXPRESS como o desvio dos coeficientes observados da média aditiva, de dominância e coeficiente IBD sob a hipótese nula de segregação Mendeliana. Esta relação é distribuída com uma 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 Descrição dos Locos de Microssatélites

O número de alelos e o número de animais para cada locos utilizados na genotipagem assim como as informações de heterozigosidade observada e esperada e o conteúdo de informação polimórfica foram calculadas por meio do programa CRIMAP (Marshall et al., 1998) e estão apresentados na Tabela 2.

O número de alelos apresentados para cada loco foi diferente do número de alelos que o mapa consenso USDA-MARC (http://www.thearkdb.org) possui. As médias das heterozigosidades observada e esperada para os locos utilizados nos cromossomos 5, 7 e 8 foram, respectivamente, 0,73 e 0,66; 0,81 e 0,71; 0,65 e 0,65. Todos os locos que apresentaram heterozigosidade maior que 0,7 (exceto SW378, S0025, SW905, S0086 e SW1085) são considerados marcadores altamente polimórficos (Ott, 1992); sendo, portanto, eficientes nos estudos de detecção de QTL (Tabela 2).

Tabela 2 - Número de animais genotipados (N), número de alelos por locos (NAL), heterozigosidade observada (H_O), heterozigosidade esperada (H_E), conteúdo de informação polimórfica (PIC)

Locos	Cromossomo	N	NAL	H_O	H_E	PIC
SJ024	5	669	8	0,77	0,68	0,65
SW2	5	622	6	0,72	0,74	0,69
SW1987	5	601	7	0,79	0,75	0,72
SW378	5	639	3	0,64	0,47	0,38
Média			6	0,73	0,66	0,61
S0025	7	661	5	0,64	0,59	0,52
S0064	7	628	9	0,80	0,70	0,67
S0102	7	611	6	0,89	0,76	0,72
SW252	7	644	6	0,86	0,75	0,71
SW632	7	641	7	0,91	0,80	0,78
S0212	7	643	6	0,75	0,67	0,64
Média			6,5	0,81	0,71	0,67
SW2410	8	695	4	0,70	0,65	0,58
S0098	8	636	9	0,93	0,78	0,75
SW905	8	666	5	0,58	0,50	0,46
S0017	8	640	8	0,90	0,80	0,78
S0086	8	627	5	0,69	0,69	0,63
SW1085	8	664	4	0,45	0,45	0,43
S0178	8	572	6	0,73	0,69	0,64
Média			5,8	0,65	0,65	0,61

O PIC, conforme esperado, foi maior para os locos que apresentaram maior heterozigosidade esperada. Segundo a classificação de Boistein et al. (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 mediamente informativos e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos. Os locos SW378, S0025, SW905 e SW1085 foram medianamente informativos, enquanto os outros locos estudados foram muito informativos.

4.2 Mapa de Ligação

Os marcadores utilizados para a construção de cada mapa de ligação estão na Tabela 3. Em todos os casos, a ordem dos marcadores foi a mesma encontrada nos mapas do USDA-MARC (Rohrer et al., 1996) e por Paszek et al. (1999), porém os tamanhos dos mapas obtidos em relação a média entre os sexos foram diferentes dos obtidos por Rohrer et al. (1996), Paszek et al. (1999), Marklund et al. (1996) e Archibald et al. (1995).

Tabela 3 - Posições dos locos microssatélites em centiMorgan nos mapas média entre sexo, fêmea, macho e no consenso USDA-MARC nos cromossomos 5, 7 e 8 de suínos

Locos	SSC[1]	Média entre sexo	Fêmea	Macho	USDA-MARC (média entre sexo)
SJ024	5	0	0	0	0
SW1987	5	100	100	100	101,6
SW378	5	145,8	144,6	147	134,4
S0025	7	0	0	0	3,7
S0064	7	30,6	29,6	31	30,2
S0102	7	64,5	69,9	60,7	70,1
SW252	7	95,8	103,3	89,8	99,4
SW632	7	107,7	119,9	97,4	104,4
S0212	7	136,4	152,8	123,5	141,2
SW2410	8	0	0	0	0
S0098	8	28,3	29,8	26,1	12,4
SW905	8	61,3	56,4	65,4	20,8
S0017	8	113,2	123,9	109,6	60,4
SW1085	8	148,9	161,1	143,6	99

[1] Cromossomo *Sus scrofa*

Os marcadores que não foram inclusos na construção dos mapas do SSC5 (SW2) e do SSC8 (S0086 e S0178) apresentaram maior distorção de segregação Mendeliano, o que foi observado no gráfico gerado pelo QTL EXPRESS, pois de

acordo com Carneiro e Vieira (2002) recomenda-se, preferencialmente, o descarte desses locos, uma vez que podem comprometer a qualidade do mapa.

Os mapas das fêmeas apresentaram-se 1,2 (SSC7) e 1,3 (SSC8) vezes maior que os dos machos, exceto o do SSC5 (Tabela 3) e, foram calculados de acordo com as meioses materna e paterna. Essas variações, segundo Geldermann et al. (2003), podem ser causadas devido às diferenças nas taxas de recombinação e às raças utilizadas por cada grupo de pesquisa que são distintas. Com o aumento da densidade dos marcadores, a recombinação pode ser observada mais precisamente e os mapas podem ser mais verdadeiros e conforme Malek et al. (2001a), essas diferenças ainda podem ter sido causadas por erros nas genotipagens.

Não se espera que os mapas gerados em diferentes populações venham a apresentar exatamente o mesmo tamanho, pois, além de não utilizarem as mesmas populações, os conjuntos de marcadores são diferentes.

O mapa do cromossomo 5 apresentou um *gap* de 100cM em virtude dos marcadores desta região serem monomórficos.

4.3 Detecção de QTL

Nesse estudo em que se utilizou a raça naturalizada Piau, foram calculados os coeficientes dos efeitos aditivo e dominância dos QTL identificados para as características de desempenho, carcaça, cortes, vísceras e órgãos internos, além da qualidade de carne, de acordo com as probabilidades genotípicas na suposição de que os alelos das duas raças estivessem fixados para os alelos alternativos do QTL.

4.3.1 Cromossomo 5

Todas as associações, níveis de significância e as estimativas dos efeitos genéticos aditivos e de dominância com seus respectivos erros padrão para as regiões em que se encontram os QTL para características de carcaça e de corte de carcaça estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 4: Estatísticas F máximas (Fmax), com suas posições em cM e o intervalo de confiança (IC) e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de carcaça e corte de carcaça significativas no cromossomo 5.

Caract.[1]	N[2]	Posição (IC[3])	a ± se	d ± se	h^2_Q (%)	Fmax
Carcaça						
ETUC	427	118 (66-146)	1,34 ± 0,45	-0,80 ± 0,93	4,9	5,74*
ETUL	427	142 (118-146)	2,13 ± 0,59	1,06 ± 1,22	7,6	6,40**
ETL	427	133 (112-146)	2,76 ± 0,74	1,98 ± 1,65	9,3	6,84**
ETO	427	4 (0-38)	0,24 ± 0,30	2,11 ± 0,59	0,3	6,46**
Corte de carcaça						
PPL	539	146 (134 - 146)	-0,13 ± 0,04	-0,12 ± 0,08	5,7	5,68+
PPAL	540	114 (43 - 140)	-0,11 ± 0,03	-0,09 ± 0,06	5,8	5,99+

[1]Características de Carcaça: ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (mm); ETUL - espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm); ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm), ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (mm). Características de Corte de Carcaça: PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (Kg) e PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (Kg).
[2]Número de animais utilizados na análise, [3]Intervalo de Confiança dado em centiMorgan; a- efeito aditivo, d- efeito de dominância, se- erro padrão; h^2_Q - fração da variância fenotípica na F_2 explicada pelo QTL em porcentagem.
*, significativo a 5% (F=4,60) em nível cromossômico;
**, significativo a 1% (F=6,45) em nível cromossômico;
+, significativo a 5% (F=4,70) em nível cromossômico.

Para as características de carcaça foi encontrado um QTL significativo a 5% para ETUC, localizado no intervalo de confiança de 66 a 136 cM, explicando 4,9% da variação fenotípica da característica. Três QTL foram significativos a 1% em nível cromossômico para ETUL, ETL e ETO. O QTL para ETL que explica 9,3% da variação fenotípica na população F_2, localizado entre os marcadores SW1987 e SW378. O modo de ação gênica em todas as regiões para as características de carcaça foi aditivo (exceto para ETO), ou seja, os alelos da raça Piau resultaram em um acréscimo nos fenótipos observados na Tabela 4. Na Figura 4 pode-se observar os QTL significativos para os fenótipos.

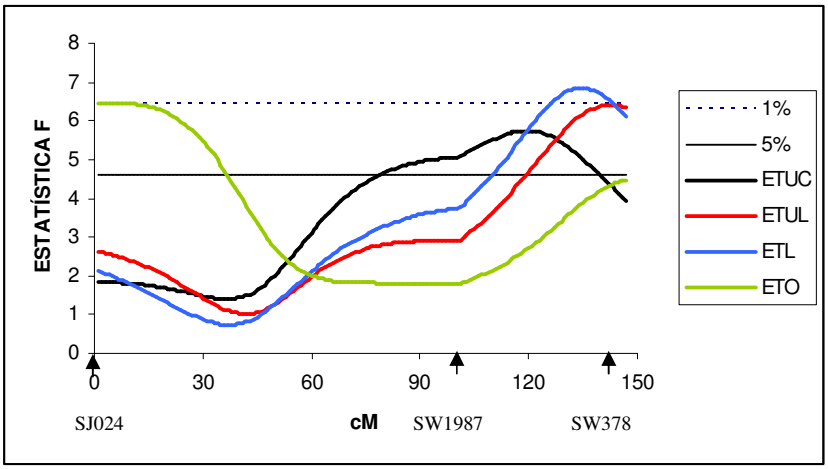

Figura 4: Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de carcaça no cromossomo 5. As características incluídas foram ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (mm); ETUL - espessura de toucinho entre a última e a penúltima vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm); ETL - menor espessura de toucinho na região acima da última vértebra lombar, na linha dorso-lombar (mm), ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (mm). As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Malek et al. (2001a) constataram em população F_2 de 525 animais do cruzamento de Berkshire e Yorkshire, QTL para espessura de toucinho após a última costela na posição 134,4 cM, cujo pico do QTL encontra-se no marcador SW378. Kim et al. (2005) encontraram QTL para ETUC em população oriunda do intercruzamento de dois varrões Berkshire e nove matrizes Yorkshire na posição 127 cM (IC95% = 125 a 130 cM). Próximo a essas regiões está o gene candidato IGF-I (118,7 cM) que está associado ao crescimento e as características de carcaça em suínos. Os dados encontrados neste trabalho estão de acordo com os achados dos autores acima citados. Rohrer e Keele (1998) observaram QTL na posição 57,9 cM para ETL, diferentemente do QTL obtido neste estudo que se encontra na porção telomérica do cromossomo.

Para as características de corte de carcaça foi identificado um QTL, que explica 5,7% da variância fenotípica na população, para peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (PPL) a 5% de nível de significância encontrado na posição 146 cM (IC95%= 43 a 146 cM). Foi encontrado também QTL para peso da paleta sem pele e sem capa de

gordura (PPAL), em que 5,8% da variância fenotípica na população estudada é explicada pelo QTL. Ambas características apresentaram efeito aditivo influenciado pelos alelos da raça comercial (Tabela 4). Na Figura 5 pode-se observar o perfil dos valores do F estatístico na análise de QTL.

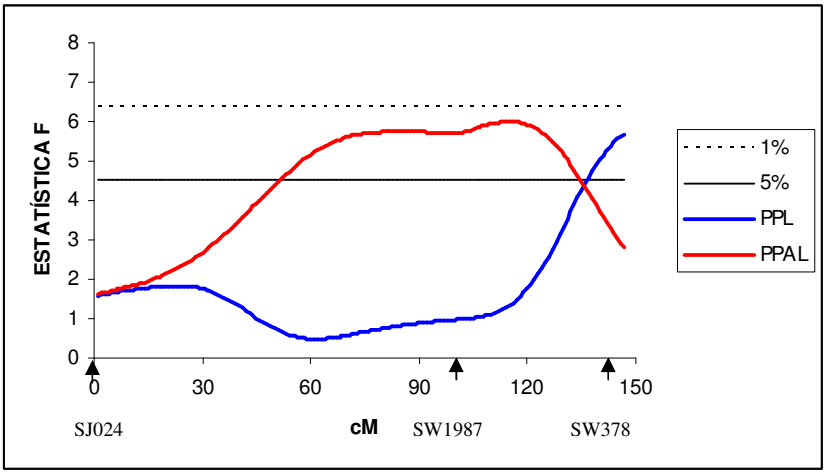

Figura 5: Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de corte de carcaça no cromossomo 5. As características incluídas foram PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (Kg) e PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (Kg). As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Milan et al. (2002) encontraram QTL para peso de pernil sem pele e sem gordura neste cromossomo evidenciado em população de Meishan e Large White na posição 118 cM e, por Van Wijk et al. (2006) na posição 93 cM, numa população oriunda do cruzamento de uma linha sintética de varrões Pietrain/Large White e fêmeas Comercial. Faz-se necessário a inclusão de marcadores para melhor delimitar o intervalo de confiança da região do QTL para PPL.

Não foram encontrados QTL neste cromossomo para características de desempenho, vísceras, órgãos e para qualidade de carne; porém, vários autores evidenciaram QTL para estas características (De Koning et al., 2001a, b; Malek et al., 2001a, b; Lee et al., 2003; Van Wijk et al., 2006).

4.3.2 Cromossomo 7

Os resultados do mapeamento de QTL para o cromossomo 7 estão resumidos na Tabela 6. Encontrou-se um QTL para característica de carcaça afetando espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (mm) (ETUC) significativo a 5% em nível cromossômico. Para corte de carcaça, três QTL foram detectados, um para Peso Total do Carré (PC) entre os marcadores S0064 e SW252, um para Espessura de Bacon (PB) (entre S0064 e S0212), ambos significativos a 5% e, um QTL para Peso de Gordura Abdominal (PGA) a 1% em nível cromossômico entre os marcadores S0064 e SW252.

Tabela 6: Estatísticas F máximas (Fmax), com suas posições em cM e o intervalo de confiança (IC) e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de carcaça e corte de carcaça significativas no cromossomo 7.

Caract.[1]	N[2]	Posição (IC[3])	a ± se	d ± se	h^2_Q (%)	Fmax
Carcaça						
ETUC	427	62 (46-80)	-1,18 ± 0,36	0,33 ± 0,53	3,8	5,67[+]
Corte de Carcaça						
PC	540	65 (51-81)	-0,08 ± 0,02	-0,03 ± 0,03	3,6	6,18*
PB	540	86 (67-121)	-0,33 ± 0,12	-0,31 ± 0,20	3,2	4,46*
PGA	540	59 (47-76)	-0,04 ± 0,01	0,04 ± 0,01	5,4	7,07**

[1]Características: ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (mm); PC - peso total do carré (Kg); PB – espessura de bacon (Kg); PGA - peso de gordura abdominal (kg).
[2]Número de animais utilizados nas análises; [3]Intervalo de Confiança dado em centiMorgan; a- efeito aditivo, d- efeito de dominância, se- erro padrão, h^2_Q - fração da variância fenotípica na F_2 explicada pelo QTL em porcentagem;
[+], significativo a 5% (F=5,67) em nível cromossômico;
*, significativo a 5% (F=4,46) em nível cromossômico;
**, significativo a 1% (F=6,77) em nível cromossômico.

Neste trabalho foram encontrados QTL para as características fenotípicas ETUC e PGA (Figura 6), que estão associadas com deposição de gordura, na região de 60 cM. Evidências de QTL em algumas características de carcaça também foram encontradas por Wang et al. (1998), no cromossomo 7. Esses autores ressaltaram que o QTL encontrado por eles relacionado com deposição de gordura está próximo ao loco do

Fator de Necrose Tumoral α (TNFα, entre os locos S0064 e S0102), indicando que o TNFα ou outros genes estreitamente ligados, possam estar associados à deposição de gordura em suínos. Algumas pesquisas feitas por Bidanel et al. (1997) citados por Dekkers et al. (2001) têm mostrado que o complexo SLA (*Swine Leukocyte Antigens)* e genes ligados foram significavamente associados com peso ao desmame, crescimento e deposição de gordura. E o TNFα pertence ao complexo SLA. Assim como o TNF, o SLA também tem sido relacionado com características de carcaça (Yue et al., 2003). Segundo Norman et al. (1995) sugerem que o TNFα possui função na deposição de gordura em humanos, assim como o *Colipase* (Baskin e Pomp, 1998), que também é encontrado nessa região e está relacionado com o metabolismo lipídico.

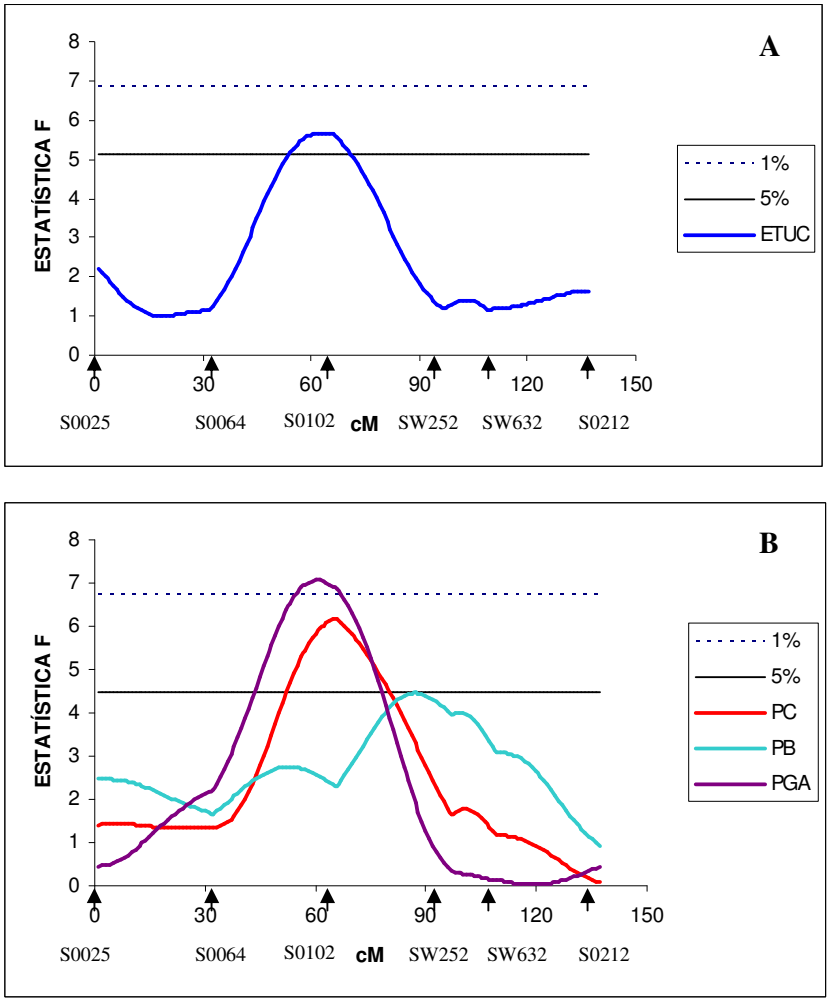

Figura 6: Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de carcaça (A) e de corte de carcaça (B) no cromossomo 7. As características incluídas foram ETUC - espessura de toucinho imediatamente após a última costela, na linha dorso-lombar (mm); PC - peso total do carré (Kg); PB – Espessura de Bacon (Kg); PGA - peso de gordura abdominal (kg). As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Yue et al. (2003) evidenciaram QTL para PGA localizado na posição 82,5 cM e explicando 8,4% da variância fenotípica na população F_2 de Meishan e Pietrain e, encontraram também QTL para PGA no cruzamento divergente de Porco Selvagem e Pietrain que explicava 4,7% na posição 38,2 cM da variação fenotípica nos animais F_2. De Koning et al. (1999) evidenciaram QTL para PGA com efeito de dominância posicionado a 75 cM. Rohrer e Keele (1998) constataram QTL, numa população oriunda de fêmeas compostas de Meishan e Composto Branco acasaladas com varrões

Meishan ou Composto Branco, para ETUC no intervalo de confiança (IC95%) de 16 a 86 cM, o que também pode ser visto neste trabalho. Outros QTL para composição de carcaça nesse cromossomo foram constatados por De Koning et al. (2000, 2001a), Rattink et al. (2000), Wada et al. (2000), Bidanel et al. (2001), Malek et al. (2001a) e Paszek et al. (2001).

Nas literaturas consultadas não foram encontrados QTL para PC e PB (Figura 6) para este cromossomo, entretanto, haviam QTL para características de desempenho (Rothschild et al., 1995; Paszek et al., 1999; Bidanel et al., 2001 e Nezer et al., 2002), qualidade de carne (Grindflek et al., 2001; De Koning et al., 2001b; Malek et al., 2001b) e número de tetas (Wada et al., 2000; Zhang et al., 2007), os quais não foram observados neste estudo.

4.3.3 Cromossomo 8

Para características de desempenho, foi encontrado um QTL a 5% de significância em nível cromossômico para conversão alimentar dos 77 aos 105 dias (Kg), com efeito positivo dos alelos do Piau (a=0,23 ± 0,08), entre os marcadores S0017 e SW1085 (IC95%=138 a 148,9 cM), na porção distal do cromossomo (Figura 7). Beeckmann et al. (2003) também encontraram QTL na mesma região para conversão alimentar, porém, com efeito genético de dominância numa população de Meishan e Pietrain (IC95% = 96,3 a 106 cM).

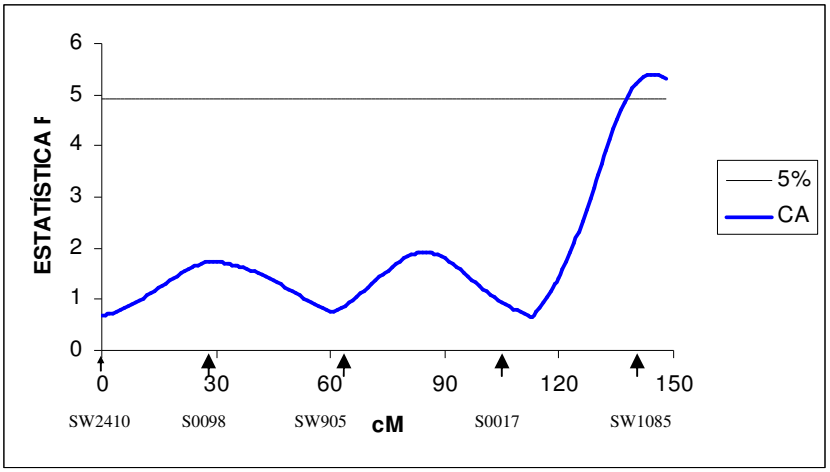

Figura 7: Perfil dos valores de F para análise de QTL para a característica de conversão alimentar no cromossomo 8. As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua).

Segundo Silva et al. (2003) é difícil encontrar trabalhos relatando QTL para conversão alimentar, dada a dificuldade de alimentar, individualmente, os animais em experimentos desta natureza; porém, Rohrer (2000) relatou a presença de um QTL no cromossomo 1 e Dragos-Wendrich et al. (2003), encontraram QTL significativo (P<0,05) ao nível de genoma na posição 54,2 cM no cromossomo 18. No cromossomo 8 a presença do gene do Receptor Tipo A da Colecistoquinina (CCKAR), localizado no intervalo de confiança (IC95%) de 45 a 80 cM, está envolvido no controle do apetite e seria, portanto, um gene candidato posicional (Rohrer, 2000).

Na tabela 7 evidencia-se o nível de significância e as estimativas dos efeitos genotípicos para as regiões em que se encontram os QTL detectados para rendimento de carcaça, espessura de toucinho e peso do fígado.

Tabela 7- Estatísticas F máximas (Fmax), com suas posições em cM e intervalo de confiança (IC) e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de carcaça significativas no cromossomo 8.

Caract.[1]	N[2]	Posição (IC[3])	a ± se	d ± se	h^2_Q (%)	Fmax
RCar	427	0 (0-20)	-0,12 ± 0,04	-0,14 ± 0,06	2,6	6,26*
ETO	427	132 (76-149)	1,17 ±0,32	0,57 ± 0,63	6,4	7,8**
Fígado	427	86 (56-121)	-0,06 ± 0,01	0,01 ± 0,04	6,3	5,22*

[1]Características: Rcarc - rendimento de carcaça com pés e cabeça (%); ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (mm); Figado - peso de fígado (Kg).
[2] Número de animais utilizados nas análises; [3]Intervalo de Confiança dado em centiMorgan; a- efeito aditivo, d- efeito de dominância, se- erro padrão; h^2_Q - fração da variância fenotípica na F_2 explicada pelo QTL em porcentagem;
*, significativo a 5% (F=4,87) em nível cromossômico;
**, significativo a 1% (F=6,65) em nível cromossômico.

O rendimento de carcaça teve influência negativa dos alelos da raça naturalizada Piau e o QTL encontra-se localizado na parte proximal do cromossomo, entre os locos SW2410 e S0098 (Figura 8). Foi encontrado QTL para espessura de toucinho (Figura 8) na parte telomérica do cromossomo e foi observado efeito genético aditivo de 1,17 influenciando a característica. Tal padrão era esperado, uma vez que o Piau é uma raça tipo "banha". Este QTL explica 6,4% da variância fenotípica na população F_2. Bidanel et al. (2001) ao analisarem uma população F_2 de Meishan e Large White encontraram QTL para espessura de toucinho no intervalo de confiança (IC95%) de 21 a 53 cM.

Um QTL foi detectado para órgão interno, peso de fígado (Figura 8), num intervalo de confiança (IC95%) de 56 a 121 cM, explicando 6,3 % da variância fenotípica na população F_2. Andersson-Eklund et al. (1998) observaram que o aumento dos alelos do porco selvagem no genoma tinha um efeito negativo sobre o peso do fígado, o que foi observado também no presente estudo com os alelos da raça Piau influenciando numa diminuição do peso do fígado. Beeckmann et al. (2003) constataram QTL para peso de fígado na posição de 10 cM em uma população F_2 de Pietrain x Porco Selvagem, explicando 4,4% da variância fenotípica.

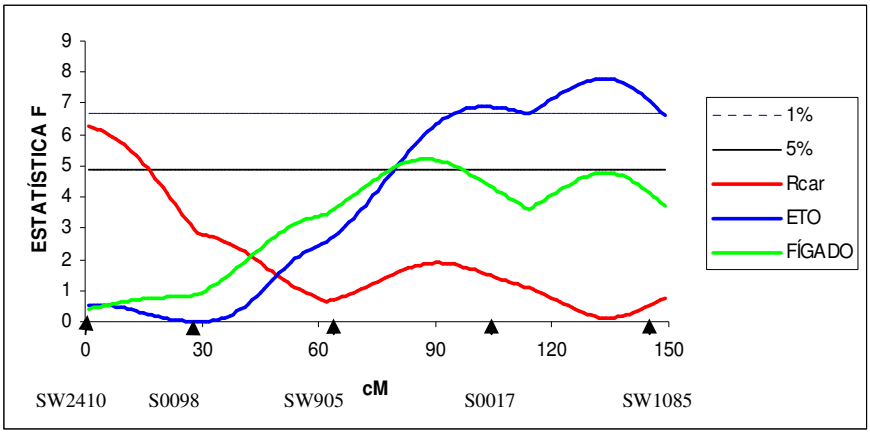

Figura 8: Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de carcaça no SCC8. As características incluídas foram Rcarc - rendimento de carcaça com pés e cabeça (%); ETO - espessura de toucinho medida imediatamente após a última costela, a 6,5 cm da linha dorso-lombar (mm) e Figado - peso de fígado (Kg). As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada).

Na tabela 8 estão apresentados os resumos dos valores de F máximos com as posições em cM para os QTL e as respectivas estimativas dos efeitos genéticos aditivo e dominância para as características de corte de carcaça.

Tabela 8: Estatísticas F máximas (Fmax), com suas posições em cM e o intervalo de confiança (IC) e as estimativas dos efeitos aditivos e de dominância para as características de corte de carcaça significativas no cromossomo 8.

Caract.[1]	N[2]	Posição (IC[3])	a ± se	d ± se	h^2_Q (%)	Fmax
PPL	540	148 (111-149)	-0,11 ± 0,03	-0,02 ± 0,06	4,2	6,32*
PPAL	540	148 (133-149)	-0,08 ± 0,02	-0,09 ± 0,05	3,2	7,21**
PB	540	148 (141-149)	0,31 ± 0,11	-0,46 ± 0,21	2,8	4,92*
PGA	540	122 (95-139)	0,03 ± 0,01	0,05 ± 0,02	4,1	8,66***

[1] Características: PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (Kg); PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (Kg); PB – espessura de bacon (Kg); PGA – peso da gordura abdominal.
[2] Número de animais utilizados nas análises; [3]Intervalo de Confiança dado em centiMorgan; a- efeito aditivo, d- efeito de dominância, se– erro padrão; h^2_Q - fração da variância fenotípica na F_2 explicada pelo QTL em porcentagem;
*, significativo a 5% (F=4,87) em nível cromossômico;
**, significativo a 1% (F=6,60) em nível cromossômico;
***, significativo a 1% (F=8,46) em nível genômico.

Neste cromossomo foram encontrados quatro QTL significativos para característica de corte de carcaça. O QTL para Peso de Pernil Limpo explica 4,2% da variância fenotípica na população F_2 e está localizado no intervalo de confiança de 111 a 149 cM, já o QTL para Peso de Paleta Limpa está situado na porção telomérica do cromossomo (133-149 cM) e foi significativo a 1% em nível cromossômico.

O QTL para Peso de Gordura Abdominal que foi significativo a 1% em nível genômico (F=8,66), a sua variância fenotípica explica 4,1% da característica na população. Para as características relacionadas com a quantidade de gordura, houve a associação dos alelos da raça Piau com maior conteúdo de gordura nos animais. Os QTL para este grupo de características estão mostrados na Figura 9. Knott et al. (1998) evidenciaram QTL, num cruzamento entre porcos selvagens europeus e Large White, para gordura abdominal no mesmo cromossomo.

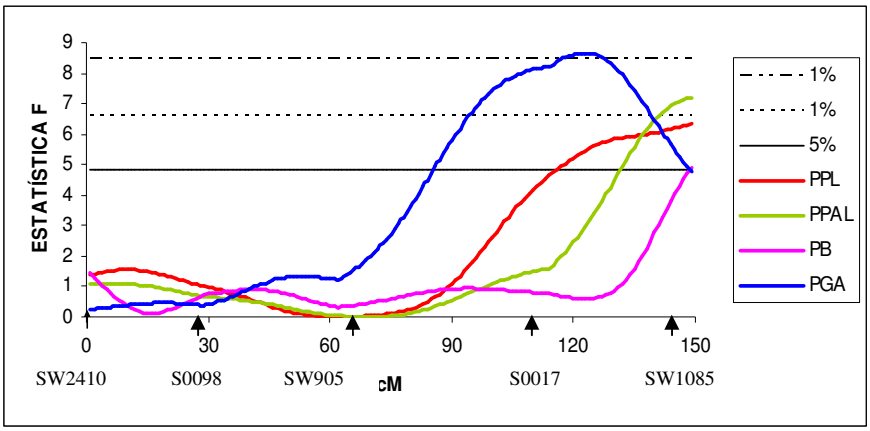

Figura 9: Perfil dos valores de F para análise de QTL para as características de corte de carcaça no SCC8. As características incluídas foram PPL - peso do pernil sem pele e sem capa de gordura (Kg); PPAL - peso da paleta sem pele e sem capa de gordura (Kg); PB – espessura de bacon (Kg); PGA – peso da gordura abdominal As linhas horizontais indicam os níveis de significância em nível cromossômico (5% - linha contínua, 1% - linha pontilhada) e genômico (1% - linha intermitente.

Não foram encontrados, no presente trabalho, QTL significativos para as características de qualidade de carne no cromossomo 8; contudo, estudos feitos por Malek et al. (2001b) encontraram QTL sugestivo para marmoreio, De Koning et al. (2000, 2001b) para gordura intramuscular, Wimmers et al. (2006) para fibras oxidativas de troca rápida (entre SW2410 e S0086) e Van Wijk et al. (2006) para cor de pernil.

5 CONCLUSÕES

Foi possível detectar 18 QTL, localizados nos cromossomos cinco (SSC5), sete (SSC7) e oito (SSC8) de suínos, 9 para características de corte de carcaça e 7 para carcaça, um QTL para peso de fígado e um para conversão alimentar em população F_2 geneticamente divergente formada a partir de suínos machos da raça naturalizada Piau e fêmeas comerciais (Landrace X Large White X Pietrain).

As informações dos QTL significativos encontrados servem para aumentar o conhecimento sobre os mecanismos genéticos que controlam características, tais como as de carcaça; entretanto, estudos posteriores são necessários para determinar se esses QTL serão úteis nas populações comerciais de suínos e na identificação de genes responsáveis pelo efeito observado, aumentando, portanto, os benefícios da Seleção Assistida por Marcadores na indústria suinícola, como também melhorar o entendimento das funções fisiológicas dos suínos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBAS, A. K. e LICHTMAN, A. H. 2004. **Basic Immunoly: functions and disorders of the immune system.** 2ed. 323p.

ABCS. **Evolução Genética.** Disponível em <http://www.abcs.org.br/portal//mun_sui/producao/genetica/evolucao.jsp>. Acesso em: 15 de out de 2007.

ANDERSON, L. 2001. Genetic dissection of phenotypic diversity in farm animals. **Nature**. 2: 130-138.

ANDERSSON, L.; EDFORS-LILJA, I.; ELLEGREN, H.; JOHANSSON, M.; MARKLUND, L. 1994a. Mapping trait loci by crossbreeding genetically divergent populations of domestic animals. **Anim**. **Biotech**. 5: 225 – 231.

ANDERSSON, L.; HALEY, C. S.; ELLEGREN, H.; KNOTT, S. A.; JOHANSSON, M.; ANDERSSON, K.; ANDERSSON-EKLUND, L.; EDFORS-LILJA, I.; FREDHOLM, M.; HANSSON, I.; HAKANSSON, J.; LUNDSTRO¨ M, K. 1994b. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. **Science**. 263: 1771–1774.

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

ANDRADE, L. C. A. e BASTOS, M. G. 1995. Sistema receptor para interleucina-2. **J. Bras. Nefrol.** 17(2): 78-84

ARAÚJO, A. M. 2003. 56p. **Paternidade e diversidade genética em caprinos no Brasil por meio de microssatélites de DNA.** Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

ARCHIBALD, A. L., HALEY, C. S., BROWN, J. F.; COUPERWHITE, S.; MCQUEEN, H. A., NICHOLSON, D., COPPIETERS, W., VAN DE WEGHE, A., STRATIL, A. e WINTERO, A. K., et al. 1995. The PiGMaP consortium linkage map of the pig (Sus scrofa). **Mamm. Gen**. 6: 157-175

BASKIN, L. C. e POMP, D. 1998. Rapid cmmunication: mapping of the porcine Colipase gene to chromosome 7 using linkage analysis. **J. Anim. Sci.** 76:1241-1242p

BEECKMANN, P.; MOSER, G.; BARTENSCHLAGER, H.; REINER, G. e GELDERMANN, H. 2003. Limkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 8. **J. Anim. Breed. Genet.** 120 (1): 66–73.

BENEVENUTO JÚNIOR, A. A. 2001. 98p. **Avaliação de rendimento de carcaça e de qualidade da carne de suínos comerciais, de raça nativa e cruzados**. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2001.

BIDANEL, J. P., MILAN, D., CHEVALET, C., WOLOWZYN, N., CARITEZ, J. C.,

GRUAND, J., LE ROY, P., BONNEAU, M., RENARD, C., VAIMAN, M., GELLIN, J., OLLIVIER, L., 1997. Chromosome 7 mapping of a quantitative trait locus for fat androstenone level in Meishan X Large White F2 entire male pigs. In: Bonneau, M., Lundstrom, K., Malmfors, B. (Eds.), Boar taint in entire male pigs. **EAAP Publication** 92, 115-118.

BIDANEL,J. P.; MILAN, D.; IANNUCCELLI, 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. e CHEVALET, C. 2001. Detection of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Genet***. Sel. Evol.** 33:289–309.

BOlSTEIN, D., WHITE, R.L., SKOLNICK, M., DAVIS, R.W.: Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **The American Journal of Human Genetics** 32, 314-331, 1980.

BONNEAU, M. 1998. Use of entire males for pig meat in the European **Union. Meat Sci.** 49:257.

CAIXETA, E. T., OLIVEIRA, A. C. B., BRITO, G. G., SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. CAIXETA, E. T. e BORÉM, A. In: **Marcadores moleculares.** Viçosa: MG, 2006. 374p.

CAMERON, N. D. 1990. Genetic and phenotypic parameters for carcass trait, meat ad eating quality traits in pigs. **Livestock Production Science**. 26:119-135.

CARCELLER, A. M. **Mapeo fino de QTL y análisis de genes candidatos relacionados com el metabolismo lipídico em um cruce de Ibérico x Landrace. 2006.** Disponível em <http://www.tesisenxarxa.net/TESIS_UAB/AVAILABLE/TDX-1109106-131749//amc1de1.pdf > Acesso em: 29 de março de 2007.

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

CASAS-CARILLO, E.; PRILL-ADAMS, A.; PRICE, S. G.; CLUTTER, A. C.; KIRKPATRICK, B. W. 1997. Mapping genomic regions associated with growth rate in pigs. **J. Anim. Sci.** 75: 2047–2053.

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

DE KONING, D. J.; JANSS, L. L. G.; RATTINK, A. P.; VAN OERS, P. A. M.; DE VRIES, B. J.; GROENEN, M. A. M.; VAN DER POEL, J. J.; DE GROOT, P. N.; BRASCAMP, E. W.; VAN ARENDONK, J. A. M. 1999. Detection of quantitative trait loci for backfat thickness and intramuscular fat content in pigs (Sus scrofa). **Genetics**. 152: 1679–1690.

DE KONING, D. J.; RATTINK, A. P.; HARLIZIUS, B.; VAN ARENDONK, J. A. M.; BRASCAMP, E. W.; GROENEN, M. A. M. 2000. Genome-wide scan for body composition in pigs reveals important role of imprinting. **Proc. Natl Acad. Sci**. 97: 7947–7950.

DE KONING, D. J.; RATTINK, A. P.; HARLIZIUS, B.; GROENEN, M. A. M.; BRASCAMP, E. W.; VAN ARENDONK, J. A. M. 2001a. Detection and characterization of quantitative trait loci for growth and reproduction traits in pigs. **Livest. Prod. Sci**. 72: 185–198

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

DEKKERS, J. C. M. 2004. Commercial application of marker and gene assisted selection in livestock: Strategies and lessons. **J. Anim. Sci.** 82: E313 – E328.

DEKKERS, J. C. M. e HOSPITAL, F. 2002. The use of molecular genetics in the improvement of Agricultural populations**. Nature Reviews Genetics**. 3: 22-32.

DEKKERS, J. C. M. E VAN DER WERF, J. H. J. 2007. Capítulo 10: **Strategies, limitations and opportunities for marker-assisted selection in livestock**. In: Marker Assisted Selection. Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish. Roma: Food And Agriculture Organization of The United Nations. 494 p.

DEKKERS, J. C. M.; ROTHSCHILD, M. F.; MALEK, M. M. 2001. Potencial e Aplicação de Seleção Assistida por Marcadores para Qualidade de carne. In: 2a Conferência Internacional Virtual sobre Qualidade de Carne Suína. **Anais...** Concórdia, SC. 2001.

DEMEURE, O.; SANCHEZ, M. P.; RIQUET, J.; IANNUCELLI, N.; DEMARS, J.; FEVE, K.; KERNALEGUEN, L.; GOGUE, J.; BILLON, Y.; CARITEZ, J. C.; MILAN, D. e BIDANEL, J. P. 2005. Exclusion of the swine leukocyte antigens as candidate

region and reduction of the position interval for the *Sus scrofa* chromosome 7 QTL affecting growth and fatness. **J. Anim. Sci.** 83:1979 –1987

DRAGOS-WENDRICH, M., STRATIL, A., HOJNY, J., MOSER, G., BARTENSCHLAGER, H., REINER, G., GELDERMANN, H. 2003. Linkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 18. **Journal of Animal Breeding and. Genetics**. 120,138–143.

EUCLIDES FILHO, K. 1999. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância.** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 63p.

FERREIRA, M. E. e GRATTAPAGLIA, D. 1998. **Introducción al uso de marcadores moleculares em el análisis genético.** 1ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 220p.

FERREIRA et al. 2007. **Utilização de marcadores microssatélites na construção de mapa genético em feijoeiro comum, visando a identificação de QTL's associados ao teor de proteínas em grãos.** Disponível online: < http://www.cnpaf.embrapa.br/conafe/pdf/conafe2005-0313.pdf> Acesso em: 26 de nov de 2008.

FÉSÜS, L.; SARLÓS, P.; OSVATH, Z.; ZSOLNAI, A.; KOMLOSI, I e RATKY, J. 2006. Influence of the dominant white/KIT genotypes on the reproductive organs of pigs. **J Reprod Dev.** 52(6):707-13.

GELDERMANN, H.; MÜLLER, E.; MOSER, G.; REINER, H.; BARTENSCHLAGER, H.; CEPICA, S.; STRATIL, A.; KURYL, J.; MORAN, C.; DAVOLI, R. e BRUNSCH, C. 2003. Genome-wide linkage and QTL mapping in porcine F2 families generated from Pietrain, Meishan and Wild Boar crosses. ***J. Anim. Breed. Genet.*** 120: 363–393.

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.

GRIFFITS, A. J. F., MILLER, J. H., SUZUKI, D. T., LEWONTIN ,R. C., GELBART, W. M. 2002. **Introdução à genética.**7ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 194p.

GRINDFLEK, E.; SZYDA, J.; LIU, Z.; LIEN, S. 2001. Detection of quantitative trait loci for meat quality in a commercial slaughter pig cross**. Mamm. Genome**. 12: 299–304.

GUIMARÃES, S. E. F. e LOPES, P. S. Uso de populações divergentes para detecção de QTLS em suínos. III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. 2001. **Anais…** Disponível: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/iii/palestras/iiip13.pdf> Acesso em: 05 de jan de 2008.

GUPTA, P.K.; VARSHNEY, R. K. 2000. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. **Euphytica**. 113: 163-185.

HALEY, C. 2007. **Advances in Quantitative Trait Loci Mapping.** Disponível em < http://citeseer.ist.psu.edu/cache/papers/cs/13408/http:zSzzSzwww.agbiotechnet.comzSzproceedingszSz3_haley.pdf/advances-in-quantitative-trait.pdf>. Acesso em: 20 de maio de 2007.

HALEY, C. S. e KNOTT, S. A. 1992. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. **Heredity**. 69: 315- 324.

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

HALEY, C. e VISSCHER, P. 1998. DNA markers and genetic testing in farm animal improvement: current applications and future prospects. **Roslin Institute Annual Report**. 28-39.

HEUVEN, HENRI C. M.; BOVENHUIS, H.; JANSS, L. L. G.; VAN ARENDONK, A. M. 2005. Efficiency of population structures for mapping of Mendelian and imprinted quantitative trait locos in outbred pigs using variance component methods. **Genetic**. **Sel. Evol.** 37: 635-655.

KIM, J-J.; ZHAO, H.; THOMSEN, H.; ROTHSCHILD, M. F.; DEKKERS, J. C. M. 2005. Combined line-cross and half-sib QTL analysis of crosses between outbred lines. **Genetical Research**. 85: 235-248

KNOTT, S. A., L. MARKLUND, C. S. HALEY, K. ANDERSSON, W. DAVIES, H. ELLEGREN, M. FREDHOLM, I. HANSSON, B. HOYHEIM, K. LUNDSTRO¨M, 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.

LEE, S. S.; CHEN, Y.; MORAN, C.; STRATIL, A.; REINDER, G.; BARTENSCHLAGER, H.; MOSER, G. e GELDERMANN, H. 2003. Linkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 5. **J. Anim. Breed. Genet**. 120(1): 38-44.

LYNCH, M. e WALSH, B. 1998. Genetics and Analysis of quantitative traits. **Sunderland: Sinauer Associates.** 980p

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. M., LEE, H. K., BAAS, T. J., PRUSA, K., HUFF-LONERGAN, E. 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. **Mammalian Genome**. 12(8): 637-645.

MARÇAL FERREIRA, N. M. F., GUERRA, M., SOARES, F. 2004. Comportamento alimentar bases neuropsíquicas e endócrinas. **Revista Portuguesa Psicossomática**. 6 (2): 57-70.

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.

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

MERKS, J. W. M. Informe Publicitario. Dez 2007/Jan 2008. In: Perspectivas da Produção Mundial de Carnes 2007 a 2015. **Revista PorkWorld..**

MILAN, D.; BIDANEL,J. P.; IANNUCCELLI, N.; RIQUET, J.; AMIGUES, Y.; GRUAND, J.; LE ROY, P.; RENARD, C. e CHEVALET, C. 2002. Detection of quantitative trait loci for carcass composition traits in pigs. **Genet Sel Evol**. 34(6):705-28.

MOLLER, M. J.; CHAUDHARY, R.; HELLMÉN, E.; HÖYHEIM, B.; CHOWDHARY, B. E ANDERSSON, L. 1996. Pigs with the dominant white coat color phenotype carry a duplication of the KIT gene encoding the mast/stem cell growth factor receptor. **Mamm Genome.** 7(11): 822-830

NEZER, C.; MOREAU, L.; WAGENAAR, D.; GEORGES, M. 2002. Results of a whole genome scan targeting QTL for growth and carcass traits in a Pietrain x Large White intercross. *Genet. Sel. Evol*. 34: 371–387.

NONES, K. 2004. 110p. **Mapeamento de QTLs no cromossomo 1 de Gallus gallus que influenciam caracteristicas de desempenho e carcaça.** Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba. 2004.

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

PATERSON, A.H.; TANKSLEY, S.D.; SORRELLS, M.E. 1991.DNA markers in plant improvement. **Advances in Agronomy**, San Diego, 46:39-89.

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.

PASZEK, A. A.; WILKIE, P. J.; FLICKINGER, G. H.; MILLER, L. M.; LOUIS, C. F.; ROHRER, G. A.; ALEXANDER, L. J.; BEATTIE, C. W.; SCHOOK, L. B. 2001. Interval mapping of carcass and meat quality traits in a divergent swine cross. **Anim. Biotechnol.** 12: 155–165.

PELOSO, J. V. 2000. Tratamento pós-abate das carcaças e os desvios de qualidade na transformação músculo-carne em suínos. **I Conferência Virtual Internacional sobre Qualidade de Carne Suína.** Disponível em: < http://www.suino.com.br/download/anais00cv_peloso_pt.pdf>. Acesso em: 27/12/2007.

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 chromssome 4 affects fatty acid metabolism: Evidence from Iberian by landrace intercross. **J. Anim. Sci**. 78: 2525-2531.

PITTA, R. H. 2004. 56p. **Identification of new candidates genes for meat quality and growth in swine.** Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2004

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.

QUINTANILLA, R; DEMEURE, O; BIDANEL, J. P.; MILAN, D.; IANNUCCELLI, N.; AMIGUES, Y.; GRUAND, J.; RENARD, C; CHEVALET, C. e BONNEAU, M. 2003. Detection of quantitative trait loci for fat androstenone levels in pigs. **J. Anim. Sci**. 81:385–394.

RATHJE, T. A.; ROHRER, G. A.; JOHNSON, R. K., 1997. Evidence for quantitative trait loci affecting ovulation rate in pigs. **J. Anim. Sci**. 75: 1486–1494.

RATTINK, A. P.; DE KONING, D. J.; FAIVRE, M.; HARLIZIUS, B.; VAN ARENDONK, J. A. M.; GROENEN, M. A. M. 2000. Fine mapping and imprinting analysis for fatness trait QTLs in pig. **Mamm Genome.** 11: 656–661.

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., 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.; FORD, J. J.; WISE, T. H.; VALLET, J. L. 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. e KEELE, J. W. 1998. Identification of quantitative trait locos affecting carcass composition in swine: I. Fat deposition traits. **J. Anim. Sci**. 76:2247-2254.

ROTHSCHILD, M. F. e SOLLER, M. 1999. Candidate gene analysis to detect genes controlling traits of economic importance in domestic livestock. In: Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento Animal. **Anais...**Viçosa (MG). 426p.

ROTHSCHILD, M. F., LIU, H. C., TUGGLE, C. K., YU, T. P. e WANG, L. 1995. Analysis of pig chromosome 7 genetic markers for growth and carcass performance traits. **J. Anim. Breed. Genet.** 112: 341–348.

ROTHSCHILD, M. F., JACOBSON, C. VASKE, D., TUGGLE, C., WANG, L., SHORT, T., ECKARDT, G., SASAKI, S., VINCENT, A., MCLAREN, D., SOUTHWOOD, O., VAN DER STEEN, H., MILEHAM, A. e PLASTOW, G. 1996.

The estrogen receptor loci is associated with a major gene influencing litter size in pigs. **Proc. Nat. Acad. Sci**. 93: 201-205.

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

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

SCHUSTER, I e CRUZ, C. D. Cap 1: Introdução a Estatística Genômica. In: **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados.** Viçosa: UFV, 2004. 568p.

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.

SILVA, M. V. da; LOPES, P. S.; GUIMARÃES, S. E.; TORRES, R. A. 2003. Utilização de marcadores genéticos em suínos. II. Características de desempenho e de qualidade da carne. **Arch. Latinoam. Prod. Anim.** 11(1): 11-20.

STAUB, J.E, SERQUEN, F.C., GUPTA, M. 1996. Genetic markers, map construction, and their application in plant breeding. **HortScience**. 31 (5): 729 – 740.

SQUIRE, E. J. 2006. **Possibilities for selection against boar taint**. Acta Veterinaria Scandinavica.48(1):S8. Disponível em: < http://www.actavetscand.com/content/pdf/1751-0147-48-S1-S8.pdf> Acesso em: 06 de fev de 2008.

TANKSLEY, S.D. 1993.Mapping polygenes. **Annual Review of Genetics**, Palo Alto, v.27, p.205-233

VAN WIJK, H. J.; DIBBITS, B.; BARON, E. E..; BRINGS, A. D.; HARLIZIUS, B.; GROENEN, M. A. M.; KNOL, E. F. e 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.

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 Gottingen cross population. **Anim. Genet.** 31: 376-384.

WALLING, G. A.; ARCHIBALD, A. L.; CATTERMOLE, J. A.; DOWNING, A. C.; FINLAYSON, H. A.; NICHOLSON, D.; VISSCHER, P. M.; WALKER, C. A.; HALEY, C. S. 1998. Mapping of quantitative trait loci on porcine chromosome 4. **Anim. Genet**. 29: 415–424.

WALLING, G. A.; VISSCHER, P. M.; ANDERSSON, L.; ROTHSCHILD, M. F.; WANG, L. Z.; MOSER, G.; GROENEN, M. A. M.; BIDANEL, J.-P.; CEPICA, S.; ARCHIBALD, A. L.; GELDERMANN, H.; DE KONING, D. J.; MILAN, D.; HALEY, C. S. 2000. Combined analyses of data from quantitative trait loci mapping studies: chromosome 4 effects on porcine growth and fatness. **Genetics**. 155: 1369–1378.

WALSH, B. **Lecture 17: QTL Mapping.** 2006. Disponível em <http://nitro.biosci.arizona.edu/workshops/Aarhus2006/notes.html>. Acesso em: 11/10/2007.

WANG, L.; YU, T. P.; TUGGLE, C. K.; LIU, H. C.; ROTHSCHILD, M. F. 1998. A directed search for quantitative trait loci on chromosomes 4 and 7 in pigs. **J. Anim. Sci.** 76: 2560–2567.

WELLER, J. I. 2007. Capítulo 12: Marker-assisted selection in dairy cattle. In: **Marker Assisted Selection. Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish.** Roma: Food And Agriculture Organization Of The United Nations. 494 p.

WIMMERS, K.; FIEDLER, I.; HARDGE, T.; MURANI, E.; SCHELLANDER, K. E PONSUKSILI, S. 2006. QTL for microstructural and biophysical muscle properties and body composition in pigs. **BMC Genetics**. 7:15.

YU, T.P., TUGGLE, C.K., SCHMITZ C.B. e ROTHSCILD, M. F. 1995. Association of PIT1 polymorphism with growth and carcass traits in pigs. **J. Anim.Sci.** 73:1282-1288**.**

YUE, G.; STRATIL, A.; CEPICA, S.; SCHROFFEL JR, J.; SCHROFFELOVA, D.; FONTANESIA, L.; CAGNAZZO, M.; MOSER, G.; H. BARTENSCHLAGER, H.; REINER, G. e GELDERMANN, H. 2003. Linkage and QTL mapping for Sus scrofa chromosome 7. **J. Anim. Breed. Genet.** 120 (1): 56–65.

ZHANG, J.; XIONG, Y.; ZUO, B.; LEI, M.; JIANG, S.; LI, F.; ZHENG, R.; LI, J. e XU, D. 2007. Detection of Quantitative Trait Loci Associated with Several Internal Organ Traits and Teat Number Trait in a Pig Population. **Journal of Genetics and Genomics**. 34: 307 - 314

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

Livros Grátis

(http://www.livrosgratis.com.br)

Milhares de Livros para Download:

Baixar livros de Administração
Baixar livros de Agronomia
Baixar livros de Arquitetura
Baixar livros de Artes
Baixar livros de Astronomia
Baixar livros de Biologia Geral
Baixar livros de Ciência da Computação
Baixar livros de Ciência da Informação
Baixar livros de Ciência Política
Baixar livros de Ciências da Saúde
Baixar livros de Comunicação
Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE
Baixar livros de Defesa civil
Baixar livros de Direito
Baixar livros de Direitos humanos
Baixar livros de Economia
Baixar livros de Economia Doméstica
Baixar livros de Educação
Baixar livros de Educação - Trânsito
Baixar livros de Educação Física
Baixar livros de Engenharia Aeroespacial
Baixar livros de Farmácia
Baixar livros de Filosofia
Baixar livros de Física
Baixar livros de Geociências
Baixar livros de Geografia
Baixar livros de História
Baixar livros de Línguas

Baixar livros de Literatura
Baixar livros de Literatura de Cordel
Baixar livros de Literatura Infantil
Baixar livros de Matemática
Baixar livros de Medicina
Baixar livros de Medicina Veterinária
Baixar livros de Meio Ambiente
Baixar livros de Meteorologia
Baixar Monografias e TCC
Baixar livros Multidisciplinar
Baixar livros de Música
Baixar livros de Psicologia
Baixar livros de Química
Baixar livros de Saúde Coletiva
Baixar livros de Serviço Social
Baixar livros de Sociologia
Baixar livros de Teologia
Baixar livros de Trabalho
Baixar livros de Turismo