

## ESTUDO DO POLIMORFISMO DE GENES DO EIXO SOMATOTRÓFICO (bGH, bGHR, bIGF-I E PIT-1) NUMA POPULAÇÃO F2 EM BOVINOS

Moita, AKF<sup>1,2</sup>; Machado, MÁ<sup>2</sup>; Nascimento, CS<sup>2</sup>; VICCINI, LF<sup>3</sup>; Campos, AL<sup>2</sup>; Martinez, ML<sup>2</sup>; Lui, JF<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal-SP, <sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG,

<sup>3</sup>LABORATÓRIO DE GENÉTICA/ DEPTO. DE BIOLOGIA/ UNIVERSIDADE FEDERAL DE JUIZ DE FORA

[kecyamoita@yahoo.com.br](mailto:kecyamoita@yahoo.com.br)

Palavras-chave: eixo somatotrófico, DNA, bovinos

O hormônio do crescimento tem larga atividade fisiológica, dentre elas regulação do crescimento, desenvolvimento da glândula mamária e lactação. Estudos têm demonstrado um considerável polimorfismo nos genes envolvidos no eixo somatotrófico em bovinos. Este trabalho tem como objetivo inicial estudar o polimorfismo dos genes do hormônio do crescimento (bGH), receptor do hormônio de crescimento (bGHR), fator de transcrição específico da pituitária (PIT-1) e fator de crescimento (bIGF-I), numa população experimental F2 em bovinos, resultantes do cruzamento de animais F1 (½ Gir: ½ Holandês). Numa segunda etapa, este trabalho irá quantificar o efeito da associação dos polimorfismos destes genes candidatos com características de peso e ganho de peso avaliadas nesta população. Os polimorfismos dos genes candidatos foram analisados pela técnica de PCR-RFLP, que envolve a síntese de um fragmento e sua posterior digestão com enzimas de restrição específicas para cada gene. As reações de PCR continham 90 ng de DNA, 0,5 μM do *primer*, 10 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, 0,1% Triton X-100, 200 μM de cada dNTP, 1 U Taq DNA polimerase, num volume final de 25 μL. A concentração ótima de MgCl<sub>2</sub> foi ajustada para cada primer. Visando aumentar a especificidade da reação de PCR, foi utilizada a técnica de *touchdown*, sendo 10 ciclos - 94° C, 1'; TA+10° C (± 1° C / ciclo), 45"; 72° C, 1':20" - seguidos de 35 ciclos - 94° C, 1'; TA° C, 45"; 72° C, 1':20". Os produtos de amplificação (18 μL) foram digeridos separadamente, utilizando 5U das endonucleases *Msp I*, *Alu I*, *Sna BI*, *Hae III* e *Hinf I*, respectivamente, a 37° C por um período de 3 horas. Os fragmentos resultantes foram identificados por eletroforese em gel de agarose (2,5%) corados em brometo de etídio (10mg/ml), por 30 minutos e visualizados sob luz UV. Foi detectado um alto nível de polimorfismo para os genes bGH/*Msp I*, bGHR/*Alu I* e bIGF-1/*Sna BI*, enquanto que os genes bGH/*Hae III* e PIT-1/*Hinf I* apresentaram um baixo índice de polimorfismo. Os genes candidatos que apresentaram maior polimorfismo, entre os animais da população, serão utilizados para estudar a associação de seus alelos com características de peso e ganho de peso.

Apoio financeiro: CAPES / Embrapa / PRODETAB.