

BA044 IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DO HORMÔNIO DE CRESCIMENTO (GH) EM CRUZAMENTOS DE BOVINOS ATRAVÉS DA ANÁLISE DE RFLP. Beatriz Amoroso Botelho (Bolsista PET/CAPES); Luciana C. A. Regitano (O) (EMBRAPA/ CPPSE).

O objetivo do presente trabalho foi genotipar 49 animais provenientes do cruzamento de fêmeas Nelore com machos das raças Angus, Simental e Canchin para o polimorfismo observado no hormônio de crescimento bovino.

A classe de marcadores moleculares utilizada foi Polimorfismo de Comprimento de Fragmentos de Restrição ou RFLP. Tal marcador é caracterizado por cortes feitos na molécula de DNA por endonucleases em sítios de restrição.

Para análise do polimorfismo foi utilizada a técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) que envolve a síntese enzimática *in vitro* de milhões de cópias de DNA na presença da enzima DNA polimerase. Um ciclo de PCR envolve 3 etapas: desnaturação, anelamento e extensão da fita dupla do DNA alvo.

O hormônio de crescimento apresenta duas variantes genéticas que diferem pela presença de uma leucina ou de uma valina na posição 127 desse polipeptídeo. Essa substituição de aminoácidos é devida a uma substituição de nucleotídeos no DNA e resulta na introdução de um sítio de restrição para a enzima *Alu I* no alelo que codifica o aminoácido valina.

Com a finalidade de identificar os alelos L (leucina) e V (valina) desse gene, uma sequência de 223 pares de bases, que contém essa mutação foi amplificada. A digestão dos produtos de PCR com a enzima *Alu I* produziu fragmentos de 171 e 52 pares de bases nos animais homocigotos para o alelo L. O homocigoto para o alelo V é caracterizado pela ausência de digestão dos produtos de PCR e os heterocigotos apresentaram os 3 fragmentos (223, 171 e 52 pb). Os fragmentos foram separados em gel de agarose de baixo ponto de fusão a 3%.

As frequências alélicas e genotípicas obtidas para a geração F_1 Angus X Nelore (N=23) foram de 0,67 para o alelo L e 0,33 para o alelo V com desvio padrão de 0,07 e de 0,35 para o genótipo LL e de 0,65 para o genótipo LV, respectivamente.

Para a geração F_1 Simental X Nelore (N=11), as frequências alélicas e genotípicas foram 0,77 para o alelo L e 0,23 para o alelo V com desvio padrão de 0,09 e 0,54 para o genótipo LL e 0,45 para o genótipo LV, respectivamente.

Na geração F_1 Canchin X Nelore (N=15), as frequências alélicas e genotípicas observadas foram 0,87 para o alelo L e 0,13 para o alelo V com desvio padrão de 0,06 e 0,73 para o genótipo LL e 0,27 para o genótipo LV, respectivamente.

Uma vez que as fêmeas Nelore utilizadas nestes cruzamentos são homocigotas para o alelo L, é possível identificar na progênie o alelo herdado do touro. Desta forma, a ampliação do número de progênies genotipadas permitirá a estimativa do efeito deste polimorfismo sobre características de produção.