



Genotipagem e validação de SNPs no gene DGAT1 em animais da raça Canchim

Santos, LP¹; Regitano, L²; Pappas, M³; Faria, DA¹; Grattapaglia, D^{1,3}

¹Graduanda - Ciências Biológicas - Universidade Católica de Brasília;

²Embrapa Pecuária Sudeste;

³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

lais_ps@yahoo.com.br

Palavras-chave: DGAT1, Canchim, SNPs

A raça bovina Canchim foi obtida por meio do cruzamento entre as raças Charolesa (5/8) e raças Zebuínas (3/8). O objetivo de sua formação foi de unir as qualidades de rusticidade, precocidade e adaptação às regiões de clima tropical das raças zebuínas, àquelas de alto desempenho e boa qualidade de carne da raça Charolesa. O gene DGAT1 (diacilglicerol aciltransferase) possui um polimorfismo (K232A – substituição de uma Lisina por Alanina) que altera a eficiência da enzima na conversão de diglicerídeos a triglicerídeos, a gordura de depósito em animais. Em algumas populações de raças taurinas, essa substituição mostrou-se responsável pela variação nas características fenotípicas de produtividade e conteúdo de gordura no leite e de deposição de gordura intramuscular, algumas das principais características quando se trata de produtividade leiteira e de qualidade de carne. A associação entre este polimorfismo e estas características fenotípicas foi validada em várias raças de bovinos, porém nenhum trabalho foi conduzido até o momento com compostos raciais de gado de corte, tais como o Canchim. Este trabalho visou avaliar a distribuição alélica e genotípica de polimorfismos na posição K232A no gene do DGAT1, estimar a diversidade nucleotídica na região e identificar novos SNPs de interesse. As amostras utilizadas pertencem a um rebanho Canchim fenotipado para características de produção e qualidade de carne da Embrapa Pecuária Sudeste. Neste estudo foi seqüenciado um trecho do gene DGAT1 (414pb) compreendendo os introns 7 e 8 e exon 8. As seqüências foram alinhadas para a estimativa de diversidade nucleotídica e identificação de novos SNPs na região. Foram encontrados seis polimorfismos sendo que dois estão localizados na região do intron 7 (substituições na borda exon/intron) e quatro na região do exon 8, usando como referência para este alinhamento a seqüência AY065621. Todos os polimorfismos encontram-se em EHW, ($p < 0,01$). A diversidade nucleotídica estimada no gene DGAT na raça Canchim foi alta (1,3%) refletindo sua origem híbrida. Este resultado revela ainda que uma elevada diferenciação genética no DGAT entre as raças taurina e zebuína formadoras do Canchim e a participação de um amplo tamanho efetivo populacional na formação da raça. Os dois SNPs descobertos na borda do intron 7/exon 8, constituem alvos interessantes de estudos posteriores para verificação de splicings alternativos neste gene. A distribuição de freqüências genotípicas para o polimorfismo K232A foi de 35% AA, 12% KK e 53% de AK. A maior freqüência do alelo A, associado com uma maior deposição de gordura intramuscular, corrobora ainda a composição predominante taurina na formação da raça Canchim. Testes de associação do polimorfismo com mensurações de deposição de gordura via ultrasonografia foram conduzidos visando validar o papel do gene DGAT na raça e demonstrar o potencial de utilização deste marcador na seleção assistida de animais Canchim.

Apoio: CAPES-Pibic, Embrapa.

