

Expressão relativa dos genes *CAPNI*, *CAST*, *DGAT* e leptina relacionados à maciez de carne e à deposição de gordura em bovinos

Juliana Gracielle Gonzaga Gromboni¹; Suelen Scarpa de Mello²; Marina Ibelli Pereira Rocha²; Adriana Mércia Ibelli²; Gisele Batista Veneroni²; Simone Cristina Méo Niciura³

¹Aluna de graduação em Ciências Biológicas, Centro Universitário Central Paulista, São Carlos, SP;

²Departamento de Genética e Evolução- Universidade Federal de São Carlos, SP;

³Pesquisadora, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

A bovinocultura de corte tem como objetivo a obtenção de produto final (carne) de qualidade. A maciez e a deposição de gordura subcutânea e intramuscular são algumas características que estão diretamente relacionadas à produtividade, à qualidade e ao preço do produto final. A maciez é um dos atributos mais apreciados pelo consumidor. Os genes *CAST*, *CAPNI*, *DGAT1* e leptina estão relacionados a essas características de interesse comercial. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito de polimorfismos sobre os níveis de expressão desses genes em amostras de pele, músculo e fígado de fetos bovinos. Para tanto as amostras foram destinadas à extração de DNA e RNA. O DNA foi utilizado para a genotipagem de polimorfismos por meio do ensaio TaqMan em PCR em tempo-real (PCRq). O RNA, avaliado quanto à concentração e à pureza em NanoDrop e por eletroforese em gel de agarose, foi submetido à transcrição reversa para obtenção de cDNA (molécula de DNA sintetizada a partir de RNA). A expressão gênica foi realizada com o corante SYBR Green em qPCR. Inicialmente, foi realizada a avaliação do melhor controle endógeno (*GAPDH*, β -actina, histona H2A e tubulina, *RPL-19* e *RPS-9*) para a normalização dos dados. A escolha baseou-se no gene com menor valor de desvio padrão, erro padrão e estabilidade nos programas estatísticos BestKeeper, geNorm e Norm Finder (Robinson et al., 2007). O cálculo da expressão gênica foi realizado de acordo com a metodologia descrita por Pfaffl (2001). A partir de diluições seriadas do cDNA (1:1, 1:2, 1:4, 1:8 e 1:16) foi construída uma curva padrão que foi utilizada na determinação da eficiência média das amplificações. A razão de expressão relativa do gene alvo foi normalizada pelo melhor controle endógeno (*RSP-9*). O polimorfismo no gene *CAPNI* não foi corretamente inferido pelo ensaio TaqMan, o que levou à sua exclusão dos estudos de expressão. Pela quantificação relativa, o gene *CAST*, avaliado em músculo e fígado, apresentou-se duas vezes mais expresso em fígado. Para os genes *DGAT1* e leptina, avaliados em pele e fígado, o gene *DGAT1* foi aproximadamente uma vez menos expresso em pele, enquanto a leptina não apresentou diferença de expressão entre os tecidos. Diante dos resultados obtidos ficou evidente que houve diferença nos padrões de expressão gênica entre os tecidos. Essa informação é relevante para futuros estudos, que buscarão a compreensão de eventos que controlam a expressão diferencial de genes de interesse comercial.

Apoio financeiro: Embrapa.

Área: Genética e Melhoramento Animal/ Biotecnologia.