

Frequência de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) em genes relacionados à maciez de carne e à deposição de gordura em bovinos oriundos de abatedouro

Juliana Gracielle Gonzaga Gromboni¹; Suelen Scarpa de Mello¹; Marina Ibelli Pereira Rocha²; Simone Cristina Méo Niciura³

¹Aluna de graduação em Ciência Biológicas, Centro Universitário Central Paulista, São Carlos, SP, jugracielle@hotmail.com;

²Bolsista de Treinamento Técnico FAPESP, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP;

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

A bovinocultura de corte tem como objetivo a obtenção de 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 da carne é um dos atributos mais apreciados pelo consumidor. Os genes *CAPN1*, *CAST*, *DGAT1* e leptina estão relacionados a essas características de interesse comercial, sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi determinar a frequência dos SNP descritos na literatura nos genes *CAST*, *CAPN1*, *DGAT1* e leptina em amostras bovinas que foram obtidas a partir de 35 úteros gravídicos coletados em abatedouro. Para tanto as amostras de útero materno e de pele fetal foram submetidas à extração de DNA com solvente orgânico e à genotipagem por discriminação alélica em tempo real utilizando o sistema *TaqMan*. Para a genotipagem dos polimorfismos nos genes *CAPN1* (G>A, V530I), *CAST* (A>G, 2.655 3'UTR), *DGAT1* (G>A e C>A, K232A) e leptina (C>T, R25C), *primers* e sondas, sintetizados pelo serviço *Assay-by-Design*, foram utilizados na concentração de 1X com 1X de *TaqMan Universal PCR Master Mix* e 15 ng de DNA, em volume final de 5 μ L. A reação foi iniciada por *pre-read* (60°C por 1 min), seguida por 45 ciclos de amplificação (95°C por 15 seg e 60°C por 1 min) e *post-read* para a designação dos alelos. A frequência dos SNP foi determinada por contagem direta dos alelos. Para o gene *CAPN1* foram encontradas 29 mães com o genótipo GG (82,8%) e 5 mães AG (14,2%); além de 30 fetos GG (85,7%), 3 fetos AG (8,6%) e 2 fetos AA (5,7%). Para o gene *CAST* foram encontradas 18 mães GG (51,4%), 12 mães AG (34,2%) e 5 mães AA (14,2%); e 21 fetos GG (60%), 9 fetos AG (25,7%) e 5 fetos AA (14,3%). Para o gene *DGAT1*, foram encontradas 16 mães AAGC (45,7%), 15 mães AAAA (42,8%) e 4 mães GCGC (11,4%); e 17 fetos AAGC (48,6%), 16 fetos AAAA (45,7%) e 2 fetos GCGC (5,7%). Para o gene leptina foram encontradas 20 mães CC (57,1%), 7 mães TC (20%) e 8 mães TT (22,8%); e 23 fetos CC (65,7%), 11 fetos TC (31,4%) e 1 feto TT (2,9%). O uso de DNA oriundo de amostras de útero gravídico provenientes de abatedouro, possibilitou a identificação de animais com os três possíveis genótipos (2 homocigotos e 1 heterocigoto) para cada um dos genes em estudo. Assim, a estratégia de coleta de úteros gravídicos bovinos em abatedouro mostrou-se adequada para a obtenção de material com grande variabilidade genética para a utilização em estudos futuros.

Apoio financeiro: FAPESP (2008/03916-8) e PIBIC/CNPq.

Área: Genética Animal/ Reprodução Animal/ Sanidade Animal/ Melhoramento Animal