



ANÁLISE DE POLIMORFISMOS DO GH EM BOVINOS DA RAÇA CANCHIM

Silveira, LGG¹; Suguisawa, L¹; Martins, CL¹; Regitano, LA²; Alencar, MM²; Furlan, LR¹; Oliveira, HN¹
¹FMVZ - Depto de Melhoramento Genético e Produção Animal - UNESP - Botucatu/SP; ²CPPSE - EMBRAPA
São Carlos/SP

liswa@fca.unesp.br

Palavras-chave: bovinos, gene candidato, GH

A pecuária de corte no Brasil vem se firmando como um dos mais importantes setores do agronegócio. Neste sentido, muitos estudos têm isado entender e otimizar os processos biológicos e fisiológicos relacionados à produção. A busca de genes que possam ser utilizados como ferramenta de seleção no melhoramento animal tem se intensificado nos últimos anos. O hormônio do crescimento (GH) desempenha papel importante na regulação hormonal do crescimento e na partição de nutrientes no metabolismo. O objetivo deste estudo foi estudar os polimorfismos genéticos do GH obtidos pela ação de duas enzimas de restrição (Alu1 e Dde-1) em 210 animais da raça Canchim. A técnica utilizada foi análise por PCR-RFLP. O padrão da enzima Alu1 evidenciou a existência dos genótipos homozigotos para a presença do sítio de restrição (+/+) e heterozigotos (+/-), não sendo observado o genótipo homozigoto (-/-). O teste de aderência mostrou que a população estava em equilíbrio, sendo que, na amostra estudada, a frequência esperada de indivíduos com o genótipo homozigoto (-/-) era menor que um (em um total de 200 animais). O padrão de restrição da enzima Dde-1 evidenciou a existência de animais (+/+), (+/-) e (-/-), estando as frequências em equilíbrio de acordo com a lei de Hardy-Weinberg. Devido à proximidade dos sítios de restrição das duas enzimas, foi realizado um teste para verificar se as distribuições dos genótipos encontrados nas análises individuais das duas enzimas seriam independentes. A simples observação mostrou que as mesmas não eram independentes, e, conforme esperado por ser uma população oriunda de cruzamentos, havia um forte desequilíbrio de ligação ente os locis, confirmado pelo teste do quiquadrado. A ausência de animais que fossem ao mesmo tempo (+) para Alu-1 e (-/-) para Dde-1 sugere que não são formados, nesta população, gametas sem os sítios de restrição para as duas enzimas. De acordo com a distribuição conjunta, foi criada a hipótese de que apenas 3 haplótipos seriam formados, nesta população, para o conjunto de dois loci e não 4 como seria esperado se os loci fossem independentes. Aplicou-se novamente um teste de aderência para verificar se a população estava em equilíbrio para este locus composto, e esta hipótese não foi rejeitada. Assim, sabe-se que os dois loci estão ligados e os resultados devem ser analisados desta forma. Podemos ainda supor que a distribuição dos genótipos em função das frequências dos haplótipos estão de acordo com a lei de equilíbrio em relação a este locus conjunto. Poucas inferências podem ser feitas acerca dos haplótipos nos dois grupamentos genéticos que foram utilizados para gerar a raça Canchim. Estudos com estes haplótipos não foram encontrados na literatura.

Apoio financeiro: FAPESP

**SILVEIRA, L. G. G.; SUGUISAWA, L.; MARTINS, C. L.; REGITANO, L. A.;
ALENCAR, M. M.; FURLAN, L. R.; OLIVEIRA, H. N.** Análise de polimorfismos
do GH em bovinos da raça Canchim. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE
GENÉTICA, 49., 2003, Águas de Lindóia. **Resumos...** Águas de Lindóia: SBG,
2003. 1 CD-ROM. f.68.

R- PROCI-2003.00185
SIL
2003
SP-2003.00185