

Associação do marcador molecular LEPR1 A > G com características de integridade óssea em frangos de corte

Jorge Augusto Petroli Marchesi¹, Marcelo Batista Fornari², Karina Luzia Neis¹, Alexandre Luis Tessmann³, Mônica Corrêa Ledur³ e Jane de Oliveira Peixoto³

¹Graduando em Ciências Biológicas pela Fundação Universidade do Contestado, Campus Concórdia, bolsista CNPQ/PIBIC, jorgea_petroli@hotmail.com

²Mestrando em Engenharia de Bioprocessos pela Universidade Federal do Paraná – UFPR

³Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil

Resumo

Nesse estudo investigou-se a associação entre um polimorfismo no gene do receptor da leptina (LEPR) e características de integridade óssea. Foram analisados 1108 animais de uma população desenvolvida para validação de marcadores moleculares. Essa população foi obtida pela expansão da linhagem paterna de frango de corte TT, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. Foram analisadas as seguintes características de integridade óssea: peso, comprimento e espessura da tíbia, e peso, comprimento, e espessura do fêmur. Os *primers* utilizados para a amplificação da região de interesse no LEPR (754 pb) foram: Direto: 5' TCTGGAGTGAATGGAGCACA 3' e Reverso: 5'GCTACGCTCTGGGTTTTGTT 3'. O SNP (polimorfismo de nucleotídeo único) LEPR1 A > G foi identificado dentro do intron 8 do gene LEPR da galinha. Para diagnóstico desse SNP utilizou-se a técnica de PCR-RFLP usando a enzima de restrição *Hha* I que reconhece essa mutação. Utilizando-se o programa QxPak foi realizada a análise de associação entre os genótipos do SNP e as características fenotípicas. Utilizou-se um modelo misto onde foram incluídos os efeitos fixos de sexo, incubação e do SNP e os efeitos aleatórios infinitesimal e do erro. De acordo com os resultados o polimorfismo LEPR1 apresentou efeito aditivo e foi associado significativamente com o peso da tíbia (0.105×10^{-13}), comprimento da tíbia (0.206×10^{-2}), espessura da tíbia (0.241×10^{-3}), peso do fêmur (0.974×10^{-6}), e comprimento do fêmur ($0,303 \times 10^{-3}$). Essa associação evidencia a provável atuação desse gene no metabolismo ósseo e o potencial uso desse marcador em programas de melhoramento.

Palavras-chave: análise de associação, linhagem pura, gene candidato, polimorfismo.