

Sequenciamento e diversidade do gene drb3.2 do complexo principal de histocompatibilidade (mhc) de bovinos

Primeiro autor: Franciele da Silva Oliveira

Demais autores: Oliveira, F. S.^{1*}; Lima, T. P. C.²; Ferraz, A. L. J.³; Ferreira, A. B. R.⁴; Suniga, P. A. P.⁵; Juliano, R. S.⁶; Egito, A. A.⁷

Resumo

Localizado no cromossomo 23, o Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC), na espécie bovina foi denominado de Região BoLA (Bovine Lymphocyte Antigen). Este é formado por três classes de genes determinados mediante a sua função e distribuição celular. Os genes da classe II existem em duas regiões e codificam glicoproteínas que se expressam em células do sistema imune. Na região IIa localiza-se o loco DRB que possui três genes DRB1, DRB2 e DRB3, sendo o exón 2 do gene DRB3 o mais polimórfico tendo sido associado à características de resistência, adaptabilidade e de produção. O objetivo desse trabalho foi seqüenciar e avaliar a diversidade gênica do loco BoLA DRB3.2, e prospectar a existência de novas variantes alélicas em distintas raças bovinas. Foram avaliadas 33 amostras de DNA de quatro raças bovinas, sendo estas: Caracu (6), Pantaneiro (11), Mocho Nacional (8) e Nelore (8). Um fragmento do gene DRB3.2 foi amplificado por PCR utilizando os primers HL30 (5'- TCCTCTCTCTGCAGCACATTTCC – 3') e HL32 (5'- TCGCCGCTGCCACAGT – 3'). Os produtos da PCR foram

(1) Graduando da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul – UFMS, francieleo77@gmail.com. (2) Mestrando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul; (3) Prof. Dr. Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul; (4) Analista da Embrapa Gado de Corte; (5) Graduanda da Universidade Federal do Mato Grosso do Sul – UFMS; (6) Pesquisador da Embrapa Pantanal; (7) Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte. * Autor correspondente.

purificados e submetidos à reação de sequenciamento. As sequências obtidas foram alinhadas e editadas utilizando o programa SeqScap® (Applied Biotechnologies). Foi possível genotipar 29 indivíduos dos 33 sequenciados. Identificou-se 53 locos polimórficos no fragmento de 224bp sequenciado, indicando uma alta variabilidade da região. Mediante a comparação dos alelos observados e a tabela de referência da Sociedade Internacional de Genética Animal (ISAG) foi possível discriminar 22 alelos distintos e duas possíveis novas variantes, nas raças Pantaneira e Nelore. A raça Pantaneira e a Nelore apresentaram uma maior diversidade gênica (0,921 e 0,848), mas embora tenham sido observados vários alelos diferentes verificou-se uma baixa heterozigidade em todas as raças avaliadas. Pela análise realizada não foi possível discriminar as variantes alélicas de dois indivíduos, os quais serão clonados posteriormente para checagem e validação dos resultados.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte e CNPq.