

VARIABILIDADE DO LOCO *BoLA DRB3.2* EM RAÇAS BOVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS

Oliveira, F. S.¹, LIMA, T. P. C.¹, Ferreira, A. B. R.², Juliano, R. S.³, Fioravanti, M. C. S.⁴, Albuquerque, M. S. M.⁵, Egito, A.A.²

¹Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, Brasil

²Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil

³Embrapa Pantanal, Corumbá, MS, Brasil

⁴Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil

⁵Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil
andrea.egito@embrapa.br

Na espécie bovina, o Complexo de Histocompatibilidade (MHC) foi denominado de (*Bovine Lymphocyte Antigen*), este é formado por três classes de genes. Os genes da classe II existem em duas regiões e codificam glicoproteínas que se expressam em células do sistema imune. Na região II localiza-se o loco *DRB* que possui três genes, sendo o exón 2 do gene *DRB3* o mais polimórfico, associado às características de resistência, adaptabilidade e produção. Este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética do loco *BoLA DRB3.2* e prospectar a existência de novas variantes alélicas em raças localmente adaptadas. Foram analisadas 33 amostras de DNA de quatro raças bovinas, sendo estas: Caracu (6), Mocho Nacional (8), Nelore (8) e Pantaneiro (11) por sequenciamento de um fragmento de 224pb amplificado com os *primers* HL30 e HL32. A raça Nelore foi considerada *outgroup* para fins comparativos. Foram identificados 53 locos polimórficos indicando a alta variabilidade da região. Mediante a comparação dos alelos observados e a tabela de referência da Sociedade Internacional de Genética Animal (ISAG) foram discriminados 22 alelos distintos e possíveis novas variantes, nas raças Pantaneira e Nelore, as quais apresentaram maior diversidade genética (0,921 e 0,848). Embora tenham sido observados vários alelos diferentes verificou-se uma baixa heterozigosidade em todas as raças avaliadas. Pela análise realizada não foi possível discriminar as variantes alélicas de dois indivíduos, os quais serão posteriormente clonados para checagem e validação dos resultados.

Palavras chave: diversidade genética, MHC, polimorfismos