



16 a 18 de novembro de 2016  
Campo Grande – MS



## NOME DO PRIMEIRO AUTOR

ARIANNA DA SILVA COSTA URQUIZA

### **DESENVOLVIMENTO E APLICAÇÃO DE MÉTODOS DE GENOTIPAGEM PARA ESTUDO DA SÍNDROME DA MUSCULATURA DUPLA EM BOVINOS DA RAÇA SENEPOL**

Costa-Urquiza, A. S. (1)\*; Siqueira, F. (2); Ferraz, A.L.J.(3); Menezes, G.R.O. (2); Ferreira, A.B.R.(4); Torres Junior, R.A.A.(2); Sousa, I.I.(5)

(1) Mestranda da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul - UEMS, [ariannaurquiza@yahoo.com.br](mailto:ariannaurquiza@yahoo.com.br). (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. (4) Analista da Embrapa Gado de Corte. (5) Mestranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul.

Em bovinos da raça Senepol foi observado o fenótipo que confere a síndrome da musculatura dupla, está mutação ocorre no gene *GDF-8* e é causada pela inativação da proteína miostatina. Assim, objetivou-se desenvolver e comparar diferentes metodologias que permitam avaliar a mutação nt821 com a melhor relação custo/benefício, possibilitando a identificação precoce de animais portadores dos alelos que conferem a síndrome da musculatura dupla. Foi extraído o DNA genômico de amostras de sangue e pelo de 20 animais (10 com e 10 sem o fenótipo da musculatura dupla). Os animais portadores da mutação foram avaliados fenotipicamente pelos técnicos do Geneplus que observaram a presença das seguintes características: volume e convexidade muscular proeminente, língua externalizada e ausência de gordura de cobertura muscular. As amostras de DNA foram quantificadas por espectrofotometria e sua integridade avaliada em gel de agarose 0,8% e posteriormente submetidas à reação em cadeia da polimerase (PCR) os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose a 1%. Para validar a acurácia das metodologias, foi sequenciado o DNA dos animais experimentais. Foram testadas as seguintes metodologias: 1- PCR com primers marcados separados em sequenciador automático; 2- PCR Multiplex; 3- PCR convencional separado por eletroforese capilar utilizando a técnica de microfluido com o equipamento LabChip GX (Perkim Elmer). O sequenciamento do gene *GDF-8* desses animais resultou

em 100% de homologia entre os indivíduos. Até o presente momento foi padronizada somente a *PCR* com primers marcados separados em sequenciador automático e as outras metodologias se encontram em fase de padronização. Espera-se ao final do projeto a validação da melhor metodologia a ser aplicada para identificar o polimorfismo nt821 no gene *GDF-8* que possa ser utilizado em programas de melhoramento genético desta raça levando-se em conta o custo/ benefício da melhor metodologia.

Embrapa Gado de Corte, UEMS e CNPq

\* autor correspondente