



GA 122. pdf

com@cenargen.embrapa.br

Palavras-Chave: Ovino, Reprodução, Hormônio, Ovócito, GDF9

Avila, FF^{1,2}; Franco, MM¹; Paiva, SR¹; Souza, CJH³; Martins, NF¹; Oliveira, AA⁴; Rumpf, R¹; Melo, EO¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB Final W5 Norte, Brasília- DF, 70770-900. ²Instituto de Biologia, Universidade de Brasília, Asa Norte, Brasília-DF, 70910-900. ³Embrapa Pecuária Sul, BR153, Km 595, Bagé-RS, 96400-970 ⁴Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju-SE, 49025-040.

Caracterização de SNPs no gene GDF9 em ovinos da raça Santa Inês e sua relação com o aumento de prolificidade

O gene GDF9 codifica uma cadeia polipeptídica de 453 aminoácidos, que depois de processada dá origem a um peptídeo maduro com 135 aminoácidos. Ao se dimerizar, o peptídeo maduro forma o hormônio GDF9. Sintetizado e secretado pelo ovócito, está presente no fluido folicular e seus principais alvos são as células da granulosa e do cumulus. O GDF9 tem efeito mitogênico sobre as células da granulosa e cumulus adjacentes, sendo fundamental para a foliculogênese e o desenvolvimento folicular. Mutações pontuais no gene foram correlacionadas ao aumento da taxa de ovulação em ovelhas de raças européias quando em heterozigose e à infertilidade quando em homozigose. O objetivo deste trabalho foi seqüenciar o exon 2 do gene GDF9, dentro do qual está inserida a região codante do peptídeo maduro, em ovelhas da raça naturalizada brasileira Santa Inês. As ovelhas analisadas eram filhas de partos múltiplos, sendo candidatas a apresentarem alterações no gene GDF9. A seqüência do exon 2 foi amplificada por PCR a partir de DNA genômico de 13 animais. O DNA amplificado foi purificado e submetido ao seqüenciamento, sendo que as seqüências resultantes foram comparadas com a seqüência de ovino depositada no *GenBank*. Foram identificadas sete mutações (SNPs) presentes tanto na região do pré-peptídeo quanto no peptídeo maduro. Seis destas mutações encontram-se no pré-peptídeo, sendo que três delas são silenciosas e uma conservada. A principal mutação foi encontrada na região do peptídeo maduro em 10 dos 13 animais analisados. Esta mutação, situada no 27º códon do peptídeo maduro, leva à alteração do aminoácido fenilalanina para cisteína. A fenilalanina encontra-se conservada nessa posição em diversos animais, o que sugere sua relevância na estrutura da proteína. Essa suposição foi corroborada pela modelagem do peptídeo maduro em sua conformação dimérica, pois no modelo gerado a fenilalanina encontra-se numa posição chave para interação das subunidades de GDF9. Portanto, os dados de genealogia e modelagem sugerem que esta mutação possa estar relacionada com o aumento da taxa de ovulação nos animais investigados. Para analisar um número maior de animais e estabelecer uma possível associação entre a presença do alelo mutante e o fenótipo prolífico, foi desenvolvida uma estratégia de PCR-RFLP para genotipar essa mutação em todo o rebanho estudado. A descrição da mutação caracterizada por esse estudo é inédita na literatura, tanto em relação a raças européias quanto naturalizadas brasileiras, e poderá ter implicações importantes para a conservação e melhoramento da raça Santa Inês, que por sua vez apresenta grande relevância econômica e social para a ovinocultura nacional. ■