

PARÂMETROS POPULACIONAIS COM RELAÇÃO AO GENE PIT-1 EM ANIMAIS DA RAÇA CANCHIM.

Carrijo, SM¹; Tambasco-Talhari, D¹; Regitano, LCA²

1Programa de Pós-graduação em Genética e Evolução – UFSCar, São Carlos-SP, 2Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos-SP.

luciana@cnpse.embrapa.br

Palavras-chave: RFLP, PIT-1, bovino.

A maioria dos caracteres economicamente importantes em bovinos são condicionados por poligenes atuando em conjunto na determinação dos fenótipos, de forma que os progressos genéticos alcançados em populações dependem de metodologias estatísticas para as estimativas dos valores genéticos de animais. Entretanto, o desenvolvimento de marcadores genéticos distribuídos ao longo do genoma dos bovinos tem possibilitado a identificação de genes para características de produção, permitindo programas mais efetivos para melhorar geneticamente os rebanhos. O gene PIT-1 pertence a um grupo de genes que codificam proteínas envolvidas no crescimento de animais. Estudos recentes têm mostrado que PIT-1 é um fator celular específico de transcrição para ativar a expressão dos genes da prolactina e do hormônio do crescimento na glândula pituitária anterior. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros populacionais com relação ao gene PIT-1 em 213 animais da raça Canchim, mantidos no Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste – Embrapa. O marcador molecular empregado neste estudo foi o polimorfismo PIT-1 *HinfI* do tipo RFLP – PCR, localizado no cromossomo 1 em bovinos. O DNA foi extraído a partir de leucócitos de sangue periférico, amplificado por PCR e digerido pela enzima *HinfI*. Essa análise de restrição detectou dois alelos *HinfI* (+) e *HinfI* (-). O alelo *HinfI* (-) é clivado em dois sítios, resultando três fragmentos com aproximadamente 660, 425 e 270 pb. O alelo *HinfI* (+) é clivado em três sítios, resultando fragmentos de aproximadamente 660, 40, 385 e 270 pb. Os fragmentos de 425, 40 e de 385 pb são sítios polimórficos em relação aos dois alelos do gene, permitindo a identificação dos genótipos dos indivíduos. As frequências alélicas e genotípicas foram estimadas por contagem direta e os valores obtidos para os genótipos - / - , + / - e + / + foram aproximadamente 0,10, 0,22 e 0,67, respectivamente. As frequências alélicas dos alelos *HinfI* (+) e *HinfI* (-) foram, respectivamente, 0,78 e 0,22. Os valores para o coeficiente de heterozigosidade (H) e para a diversidade gênica (D) foram 0,22 e 0,33, respectivamente. Esse locus não se encontra em equilíbrio de Hardy-Weinberg tendo sido observado um excesso de homozigotos *HinfI* (-), o que poderia ser resultante de seleção a favor desse alelo. Efeitos positivos desse alelo sobre peso ao nascimento foram relatados em bovinos da raça Hereford. Entretanto, essa hipótese deverá ser testada em estudos de associações do polimorfismo do gene PIT-1 com as características de produção na população Canchim analisada.

Apoio financeiro: Embrapa.