

Pappas, MCR¹; Lourenço, IT¹; Regitano, LCA²; Alencar, MM²; Machado, MA³; Campos, AL³; Martinez, ML³; Grattapaglia, D^{1,4}
1 Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia 2 Embrapa Pecuária Sudeste, bolsistas CNPQ 3 Embrapa Gado de Leite 4 Universidade Católica de Brasília

Investigação do polimorfismo K232A do gene *dgat1* em raças de *Bos indicus* e seus cruzamentos

Um QTL para quantidade de gordura no leite em bovinos foi mapeado à um intervalo de 3 centimorgans do cromossomo 14, no qual o gene *dgat1* (diacilglicerol aciltransferase) foi mapeado (Riquet et al., PNAS, 1999). Este gene catalisa a última reação na síntese de triglicerídeos – o principal constituinte da gordura de depósito e do leite. Unindo informações da sua função biológica às informações de mapeamento, *dgat1* passou a ser sugerido como gene candidato funcional e posicional para conteúdo de gordura no leite. Um polimorfismo descrito no exon VIII do gene, que ocasiona uma substituição de um resíduo de lisina por alanina (K232A), apresentou correlação com conteúdo e porcentagem de gordura no leite em populações de raças taurinas leiteiras, chegando a representar 30% da variação fenotípica. Por seu papel na síntese de gordura de depósito, *dgat1* também foi proposto como candidato à associação com deposição de gordura intramuscular (marmoreio), uma característica de interesse em gado de corte por estar relacionada à maciez e palatabilidade da carne. O efeito desse polimorfismo sobre deposição de gordura no leite e na carne foi investigado em poucas raças, todas taurinas. O único dado disponível para *B. indicus* se refere à não observação do alelo alanina em animais testados (Winter, PNAS, 2002). Visando descrever as frequências alélicas deste polimorfismo em raças de *B. indicus* e em outras raças criadas no Brasil, iniciamos a genotipagem de indivíduos das raças Gir leiteiro, Nelore e seus cruzamentos com as raças Angus e Canchim. A genotipagem foi feita por inspeção de seqüências de fragmentos, contendo o polimorfismo K232A, amplificados por PCR a partir de DNA genômico. Dos 15 animais Nelore analisados, todos são homozigotos para o alelo lisina, em concordância com a literatura que sugere este como o alelo ancestral e supõe que a ocorrência da mutação em *B. taurus* tenha sido posterior à diferenciação entre *taurus* e *indicus*. Os animais F1 provenientes do cruzamento de touros Angus e Canchim com fêmeas Nelore apresentaram alta heterozigosidade, 0,88 e 0,86, respectivamente, sugerindo alta frequência do alelo alanina nos animais das raças Angus e Canchim utilizados nos cruzamentos. Nas 84 vacas Gir genotipadas, apenas 7% são heterozigotas para o polimorfismo K232A. As demais são homozigotas para o alelo lisina, o que representa uma frequência alélica de 0,96. A baixa frequência do alelo alanina pode indicar que a hipótese de fixação do alelo lisina em *B. indicus* não esteja correta ou ainda que a presença deste alelo na raça Gir Leiteiro possa estar associada a algum cruzamento de um ancestral com *B. taurus*, durante o seu processo de seleção e melhoramento. Pretende-se aumentar o número de animais genotipados e, com dados fenotípicos para leite e corte, fazer estudos de associação do polimorfismo K232A com estas características. ■

Agradecimentos: CNPq e PADCT.