

Associação do polimorfismo da Leptina com espessura de gordura em bovinos da raça Canchim

¹Gisele B. Veneroni, ²Adelita C. Santiago, ³Rogério Andreo, ⁴Sarah L. Meirelles, ⁵Henrique N. Oliveira, ⁶Maurício M. Alencar, ⁶Luciana C. A. Regitano

¹*Programa de Pós-graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos/SP*

²*Centro Universitário Central Paulista, São Carlos/SP, Bolsista PIBIC/CNPq*

³*Centro Universitário de Araraquara, Araraquara/SP*

⁴*Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento Animal, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal /SP*

⁵*Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UNESP, Botucatu/SP*

⁶*Embrapa Pecuária Sudeste*

A raça Canchim tem sido usada para a produção de carne bovina no Brasil, porém esta raça não apresenta boa cobertura de gordura, fator importante para a palatabilidade e conservação da carne após o abate. Por esse motivo, pesquisas visando o melhoramento dessa característica têm sido conduzidas. Uma das ferramentas utilizadas pela biologia molecular para auxiliar o melhoramento tradicional é o uso de marcadores moleculares para predizer o valor genético de um animal. Uma abordagem muito utilizada para encontrar marcadores para uma característica desejada é a busca por associação com polimorfismos em genes candidatos. Entre os genes candidatos para deposição de gordura, o gene da leptina tem se destacado. A leptina é uma proteína hormonal que se move pela circulação sanguínea até o cérebro, onde atua nos receptores do hipotálamo para diminuir o apetite e está positivamente correlacionada com a espessura da gordura subcutânea, hipertrofia de gordura no coração, marmoreio e grau de produção. O gene da leptina bovino foi mapeado no cromossomo 4. Um polimorfismo existente no intron 2 do gene da leptina foi associado com deposição de gordura. Com base no exposto, este projeto visa analisar a associação desse polimorfismo com espessura de gordura em bovinos da raça Canchim. Para análises iniciais foram

utilizados 336 animais da raça Canchim, nascidos nos anos de 2003 e 2004. Os animais foram criados em regime de pastagem na Embrapa Pecuária Sudeste, localizada no município de São Carlos, SP e em uma fazenda do grupo agropecuário Ipameri, localizada no município de Jussara, GO. A genotipagem foi feita por digestão dos produtos de PCR com a enzima *SauIII*A (PCR-RFLP). Estimativas de freqüências alélicas, testes de equilíbrio de Hardy- Weinberg e de diferenciação gênica entre populações foram realizados pelo programa Genepop. Associação dos genótipos do marcador com medidas de espessura de gordura foi analisada por um modelo misto em que foram considerados os efeitos de touro, sexo, fazenda e grupo genético combinados em dois grupos contemporâneos. A idade foi considerada como co-variável. Foi verificado que as populações não estão em equilíbrio de Hardy- Weinberg, o que já era esperado por serem totalmente influenciadas pelo homem, e são geneticamente diferenciadas entre si. Não foi encontrada associação entre o marcador LEP e a espessura de gordura na população estudada.