

Identificação de SNPs no gene DDEF1 bovino

Veneroni, GB¹; Meirelles, SL²; Gouveia, JJS¹; Santiago, AC³; Oliveira, HN⁴; Alencar, MM⁵; Regitano, LCA⁵

¹Programa de pós graduação em Genética e Evolução - UFSCAR

²Departamento de Genética e Melhoramento Animal - UNESP Jaboticabal/SP

³Graduanda em Ciências Biológicas, UNICEP

⁴Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal - UNESP Botucatu/SP

⁵Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos/SP

giseleveneroni@yahoo.com.br

Palavras-chave: SNP, gene DDEF1, raça Canchim, espessura de gordura, marcador molecular

A raça Canchim foi criada objetivando a produção de carne de melhor qualidade nas condições brasileiras e, tem sido muito utilizada em cruzamentos. Padrões específicos de algumas características da carcaça como, por exemplo, de espessura de gordura, contribuem para a manutenção da qualidade da carne. A raça Canchim produz carcaças com espessura de gordura inferior ao desejável pelo mercado, necessitando assim de estudos que visem auxiliar o melhoramento dessa característica. Os marcadores moleculares surgem nesse contexto como uma possibilidade de auxiliar o melhoramento tradicional. O BTA14 possui relatos de QTLs para espessura de gordura, motivando o estudo de genes candidatos a influenciar a deposição de gordura nessa região do genoma dos bovinos. Um dos genes encontrados nessa região e que foi relacionado à adipogênese é o DDEF1. Este trabalho teve por objetivos a identificação de polimorfismos em parte do domínio P H centaurina do gene DDEF1. Foram calculados os valores genéticos de 113 touros, pais de uma população de meio-irmãos constituída de 1193 animais. Procedeu-se a escolha de 6 touros com maior valor genético e maior acurácia e 6 touros com menor valor genético e maior acurácia. O DNA desses 12 touros foi utilizado em reações de sequenciamento do domínio P H centaurina do gene *DDEF1*, que foi dividido em 5 amplicons devido ao grande distanciamento dos exons codificadores desse domínio. No entanto, até o momento apenas as análises de 3 desses amplicons foram finalizadas. Os sequenciamentos foram realizados em um seqüenciador ABI Prism 3100 Avant (Applied Biosystems). Os eletroferogramas gerados pelo seqüenciador foram submetidos ao programa de base calling Phred. Em seguida tais seqüências foram submetidas ao programa de montagem Phrap. A visualização das seqüências geradas foi realizada através do programa Consed, onde foi possível a observação dos SNPs. Esta metodologia permitiu identificação de polimorfismos somente em indivíduos heterozigotos para o SNP. Para identificação de polimorfismos entre indivíduos homozigotos submeteu-se as seqüências consenso ao programa CLUSTAL W. Foram identificados 10 polimorfismos no amplicon RP1, 8 no RP2 e 9 no RP3. As seqüências consenso obtidas foram comparadas as depositadas no banco de SNPs do NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/SNP/snp_blastByOrg.cgi). Tendo-se verificado que os polimorfismos identificados nesse trabalho não estão depositados naquele banco de dados.

Apoio financeiro: Embrapa, CNPq, FAPESP.