

Análise das freqüências alélicas e genotípicas do polimorfismo LEP/Kpn2I em bovinos de corte

Moura, WC¹; Siqueira, F²; Torres Junior, RAA²; Regitano, LCA³; Alencar, MM⁴;
Silva, LOC²; Feijó, GLD²; Carvalho, TD²; Machado, COF⁵

¹Ciências Biológicas, Universidade para o Desenvolvimento do Estado e da Região do Pantanal, Campo Grande/MS

²Melhoramento Genético Animal, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS

³Genética Molecular Animal, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP

⁴Melhoramento Genético Animal, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP

⁵Ciências Biológicas, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande/MS

wolneym@hotmail.com

Palavras-chave: bovinos, melhoramento genético, seleção assistida por marcadores, leptina, freqüências alélicas

Embora seja o maior exportador de carne bovina no mundo, o Brasil não detém o maior faturamento, já que não exporta para os mercados de maior valor agregado, pois, além das questões sanitárias a carne brasileira não é considerada de boa qualidade. A maciez da carne, o grau de marmoreio, a cobertura de gordura da carcaça e a área do músculo *Longissimus dorsi* são fatores relevantes na procura por qualidade e padronização. Em razão das várias raças disponíveis, diversas estratégias podem ser usadas no sentido de adequar tipo de animal e ambiente para aumentar a produtividade e melhorar a qualidade da carne. Uma delas é a utilização de cruzamentos *Bos taurus* e *Bos indicus*, resultando em animais produtores de carne de boa qualidade em ambientes tropicais, como consequência da heterose, da complementaridade e do efeito aditivo das raças. Com o rápido avanço dos estudos de fisiologia e de genômica, alguns dos fatores moleculares envolvidos na fisiologia dessas características se tornaram conhecidos e, a partir disso, marcadores moleculares puderam ser identificados. Até o momento, vários genes foram identificados como possíveis responsáveis pela qualidade de carcaça e de carne em bovinos, como os genes: *DGAT1*, *FABP3*, *GH1*, *LEP*, *TG*, *CAST* e *CAPN*. A proteína leptina, codificada pelo gene *LEP*, está associada com diversas características de interesse econômico, como capacidade de ingestão alimentar, produção de leite e deposição de gordura na carcaça. Dados da literatura mostram que uma transição C/T (arginina/cisteína) localizada no éxon 2 está estreitamente relacionada com deposição de gordura na carcaça. Neste trabalho, foram avaliadas as diferenças de freqüências alélicas e genotípicas do polimorfismo LEP/Kpn2I entre raças taurinas adaptadas (Bonsmara, Caracu e Senepol) e delas com a raça Nelore (zebuína) e Angus (taurina não adaptada) em 124 touros escolhidos em centrais de inseminação e com o menor grau de parentesco possível. A genotipagem foi realizada por PCR-RFLP e as freqüências alélicas e genotípicas foram comparadas utilizando o teste de Qui-quadrado. O alelo favorável para deposição de gordura foi designado de T e o alelo desfavorável de C. As freqüências alélicas variaram entre as raças, sendo que dos 26 touros Nelore avaliados apenas dois apresentaram o alelo T (3,9%). Esse alelo também está presente nas raças taurinas adaptadas (Bonsmara 58,0%, Caracu 62,0%, Senepol 43,5%), assim como na raça Angus (62,0%). Dessa forma, esse marcador poderá ser viável na seleção de animais taurinos, adaptados ou não, já que a freqüência de média a alta observada na população em estudo permite que esse teste seja aplicado, desde que confirmada a associação desse alelo com a característica. Essas informações poderão contribuir para o melhoramento genético de bovinos de corte e para a seleção de animais com potencial para produção de carne de maior qualidade.

Apoio Financeiro: EMBRAPA e FUNDECT.