

VII Encontro de Iniciação Científica da Universidade Estadual Vale do Acaraú - UVA
DETERMINAÇÃO DA SEQÜÊNCIA PARCIAL DE NUCLEOTÍDEOS DO GENE DO RNA RIBOSSÔMICO 18S DE
CAPRINOS (CAPRA HIRCUS)

Ricardo Basto Souza (Biologia – UVA), Francisco Vassiliepe Sousa Arruda (Biologia – UVA) e Raymundo Rizaldo Pinheiro (Embrapa Caprinos/UVA, Colaborador)

Rodrigo Maranguape Silva da Cunha (Orientador). Curso de Biologia - UVA.

Palavras-Chave: rDNA, Caprinos e Análises Genéticas.

Gostaríamos de agradecer a FUNCAP pelo apoio financeiro para a realização deste projeto de pesquisa.

Apoio: Núcleo de Biotecnologia de Sobral - NUBIS

Introdução

A produção de caprinos (*Capra hircus*) e ovinos (*Ovis aries*), com base em sistemas empíricos de exploração tradicionalmente praticados na Região Nordeste, não mais constitui solução para a fixação do homem à terra. Os novos conceitos de organização e gestão da propriedade rural, isto é, da unidade produtiva, bem como, a adoção de tecnologias é necessária para a inserção do caprino-ovino na economia de mercado e para a promoção da qualidade de vida do homem no campo, em patamares condizentes com as exigências das organizações internacionais de desenvolvimento econômico e social. Os estudos de variabilidade genética constituem uma importante ferramenta tanto na conservação de raças como no aumento da eficácia dos programas de melhoramento genético. Dentre os diferentes métodos de análise da variabilidade genética, a comparação das seqüências de nucleotídeos do cluster do rDNA é uma das mais utilizadas. O presente trabalho teve como objetivo a determinação da estrutura primária do gene do rRNA 18S de caprinos.

Material e Métodos

Iniciou-se este trabalho com a coleta de sangue de três raças de caprino: saanen, anglo-nubiana e mestiça de parda. A extração de DNA genômico foi realizada a partir de sangue e com utilização do detergente CTAB. Através de espectrofotometria e de eletroforese em gel de agarose 0,8% foi possível a quantificação e a mensuração da qualidade.

A amplificação do gene de cada um dos espécimes foi realizada utilizando-se oligonucleotídeos universais específicos. O anelamento dos iniciadores ocorreu sob uma temperatura 55°C. A amplificação foi confirmada através de eletroforese em gel de agarose 1,0%. A obtenção da estrutura primária do gene foi realizada em Analisador Genético MegaBacc 750, após a incorporação dos didesoxinucleotídeos marcados. A qualidade das seqüências obtidas foi mensurada pelo programa Sequence Analyzer. Após a obtenção da seqüência, esta foi comparada às outras sequencias existentes no GenBank, através da rede mundial de computadores.

Resultados e Discussão

A concentração do DNA genômico extraído das três raças variou de 38,5 µg/ml para Mestiça-Parda até 214 µg/ml para Anglo-Nubiana. As relações entre as absorvâncias a 260 nm e 280 nm demonstrando a boa qualidade na extração do DNA. A eletroforese em gel de agarose revelou que os fragmentos componentes do DNA genômico estão com um comprimento de 23.000 pb, aproximadamente. O comprimento total da região codificadora do gene do rRNA 18S é de 1.800 pb, destes foram sequenciados com qualidade os 600 pb terminais, constituindo uma seqüência inédita no GenBank que encontra-se em processo de submissão.

Conclusão

A utilização da presente metodologia foi eficaz no sequenciamento parcial do gene do rRNA 18S, contudo outras abordagens deverão ser aplicadas para a completa elucidação da seqüência de nucleotídeos deste gene.