

Caracterização molecular de uma amostra de touros da raça Nelore

Regitano, LCA¹; Tizioto, PC²; Siqueira, F³; Rosa, AN³; Silva, LOC³; Torres Júnior, RAA³; Cervini, M²; Veneroni, GB²; Ibelli, AMG²; Alencar, MM¹.

¹Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos/SP.

²Programa de pós-graduação em Genética e Evolução - UFSCAR.

³Embrapa Gado de Corte - Campo Grande/MS.

Palavras-chave: Nelore, variabilidade, SNP, qualidade de carne

A raça Nelore é de procedência indiana e em seu país de origem é utilizada exclusivamente para produção de leite. No Brasil, sofreu intenso melhoramento genético para produção de carne e representa hoje a principal raça de corte do País. A genética é um dos fatores determinantes nas características de qualidade da carne. Polimorfismos de base única (SNPs) têm sido elencados para associação com estas características, porém a maioria destes trabalhos diz respeito à populações e condições de criação do hemisfério Norte, focalizando raças de bovinos *Bos taurus*. Estudos de avaliação da segregação destes polimorfismos em bovinos *Bos indicus* são incipientes. O presente trabalho teve por objetivo avaliar a variabilidade de uma amostra de 30 touros, representativa das principais genealogias de Nelore comercializadas no País, quanto à polimorfismos em genes candidatos para qualidade de carne, investigando a viabilidade de estudos de associação nesta raça. Foram genotipados 7 SNPs previamente determinados para populações de *Bos taurus* localizados nos genes candidatos *Tireoglobulina* (TG - C/T - região 5' líder), *Proteasome 26S subunit ATPase 1* (PSMC1- G/A - intron 9), *Leptina* (Lep - C/T - intron 2), *Peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 alpha* (PPARGC1A - C/T - intron 9), *Corticotropin releasing hormone* (CRH - C/T - região promotora), *Development and differentiation enhancing factor 1* (DDEF1 - G/A - intron 13) e *m-Calpaína* (CAPN - G/A - exon 14 codon 53). Os SNPs dos genes DDEF1 e CAPN foram genotipados pela técnica ARMS-PCR, todos os demais por PCR-RFLP. Foi utilizada a versão do software Genepop disponível na Web para estimar as frequências alélicas e genotípicas de cada marcador. Os SNPs dos genes TG, PSMC1A e Lep, não foram polimórficos nesta amostragem. Para o SNP no CRH, o alelo T foi encontrado em uma frequência muito baixa (3,3%). Os polimorfismos dos genes PPARGC1A, DDEF1 e CAPN se mostraram mais informativos. Os alelos de maior ocorrência apresentaram frequência de 80% (alelo C - PPARGC1A), 90% (alelo G - DDEF1) e 91,7% (alelo G - CAPN). A frequência de heterozigotos dos SNPs avaliados variou de zero a 33,33%, indicando que polimorfismos descritos para raças taurinas não são adequados para estudos de segregação na raça Nelore. O desenvolvimento de um projeto de identificação de polimorfismos especificamente para a raça Nelore deverá contribuir para a efetiva aplicação da genética molecular ao melhoramento dessa raça no Brasil.

Apoio Financeiro: Embrapa, FAPESP, CAPES e CNPq.

