

Associação entre polimorfismos de única base (SNP) dos genes PPARGC1A e PSMC1 com espessura de gordura subcutânea em animais da raça Canchim

Tizioto, PC¹; Veneroni, GB¹; Meirelles, SL²; Gasparin, G³; Ibelli, AMG¹; Oliveira, HN⁴; Alencar, MM⁵; Regitano, LCA⁵

¹Programa de pós graduação em Genética e Evolução – UFSCAR.

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

³Bolsista DTI CNPq

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

⁵Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos/SP

polytizioto@yahoo.com.br

Palavras-chave: SNP, PPARGC1A, PSMC1, carne, espessura de gordura.

O Brasil é um grande produtor de carne bovina, e para manter-se consolidado no mercado é necessário comercializar carne de qualidade, com características requeridas pelos frigoríficos e consumidores. Um dos fatores que afeta a qualidade da carne é a deposição de gordura subcutânea (EGS). O Canchim é uma raça composta (5/8 Charolês 3/8 Zebu), que vem sendo cada vez mais incorporada como opção para produção de carne à pasto, no entanto, esta apresenta pouca gordura de cobertura. Diversos SNPs localizados em genes candidatos têm sido descritos e associados com características de deposição de gordura em bovinos. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi associar SNPs dos genes candidatos *peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 alpha* (PPARGC1A) e *proteasome 26S subunit, ATPase, 1* (PSMC1) com deposição de gordura em bovinos da raça Canchim. Foram calculados os valores genéticos (VG) para EGS de 113 touros, pais de uma população de meio-irmãos constituída de 987 animais avaliados para EGS no músculo *Longissimus lumborum*, na região entre a 12^a e 13^a costela, com um equipamento de ultra-sonografia. Seis touros com maior VG e maior acurácia e 6 touros com menor VG e maior acurácia foram escolhidos para análise de DNA. Dos 987 animais avaliados para EGS foi obtido o resíduo de um modelo, através do método de máxima verossimilhança restrita, que incluía ano de nascimento, fazenda de nascimento, sexo, grupo genético, idade do animal na data da mensuração da EGS e não incluía informações de genótipos. Os animais foram organizados em ordem crescente segundo o resíduo, escolheu-se 15 animais com maior resíduo e 15 com menor resíduo. Assim, foram genotipados 42 animais para os SNPs localizados no intron 9 dos genes PPARGC1A e PSMC1 através da técnica PCR-RFLP. Após a amplificação, foram utilizadas as enzimas de restrição BsuRI e MvaI, respectivamente. Um teste exato de Fisher foi aplicado para checar a distribuição de frequência alélica entre os extremos de cada SNP estudado. Adotando um nível de significância de 10%, para o SNP do gene PPARGC1A não foi observada associação significativa com espessura de gordura ($P < 0.15$), porém observou-se uma associação sugestiva ($P < 0.09$) entre o SNP no gene PSMC1 e espessura de gordura subcutânea.

Apoio financeiro: FAPESP, CAPES, CNPq, EMBRAPA.

