

## Teste de associação do hormônio liberador de corticotrofina (CRH) com espessura de gordura em bovinos da raça Canchim

<sup>1</sup>Veneroni, GB; <sup>2</sup>Meirelles, SL; <sup>3</sup>Mello, SS; <sup>1</sup>Ibelli, AMG; <sup>1</sup>Tizioto, PC; <sup>4</sup>Oliveira, HN; <sup>5</sup>Alencar, MM; <sup>5</sup>Regitano, LCA

<sup>1</sup>Programa de pós graduação em Genética e Evolução – UFSCAR, <sup>2</sup>Departamento de Genética e Melhoramento Animal - UNESP Jaboticabal/SP, <sup>3</sup>Graduanda em Ciências Biológicas, UNICEP; <sup>4</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal - UNESP Botucatu/SP, <sup>5</sup>Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos/SP.  
giseleveneroni@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** gene CRH, raça Canchim, espessura de gordura subcutânea, teste de associação, SNP

Canchim é uma raça sintética que tem sido usada na indústria de gado de corte. Entre os objetivos do melhoramento dessa raça está a seleção para maior deposição de gordura. O estudo de marcadores moleculares que possam auxiliar a identificação de animais com maior potencial genético para a característica tem sido realizado. QTLs para espessura de gordura subcutânea (EGS) e/ou marmoreio têm sido descritos no BTA14, inclusive na raça Canchim. Nesse cromossomo (a 30,4 cM) foi mapeado o gene para o hormônio liberador de corticotrofina (CRH). SNPs desse gene já foram associados com deposição de gordura subcutânea em uma população F2 de Wagyu x Limousin, sugerindo ser esse gene um candidato a influenciar a variação da deposição de gordura em bovinos. O objetivo desse estudo foi testar a associação do SNP g.9657C>T, contido no promotor do gene para o hormônio liberador de corticotrofina, com espessura de gordura subcutânea em bovinos da raça Canchim. Um total de 641 animais da raça Canchim (5/8 Charolês + 3/8 Zebu), compreendendo machos e fêmeas, nascidos de 2003 a 2006, criados em regime de pastagem em sete fazendas localizadas nos estados de SP e GO, foi avaliado para espessura de gordura subcutânea aos 18 meses de idade. Para mensuração da espessura de gordura (EG) foi utilizado um equipamento de ultra-som. As imagens foram obtidas na região entre a 12ª e 13ª costela do animal. O DNA foi extraído de amostras de sangue utilizando um método de desproteinização com sal. O polimorfismo g.9657C>T, contido no promotor do gene CRH, foi genotipado por PCR-RFLP utilizando a enzima HhaI. O teste de associação entre os genótipos dos marcadores e as medidas de espessura de gordura subcutânea foi realizado utilizando um modelo animal pelo método de máxima verossimilhança restrita. A característica não foi significativamente associada com o polimorfismo em CRH estudado, sugerindo ser outro gene que influencie a variação da espessura de gordura na população em estudo.

Apoio financeiro: Embrapa, CNPq, FAPESP