



## Expressão diferencial do gene p4r (receptor de progesterona) em células da granulosa de suínos

Miranda, CL<sup>1</sup>; Fonseca, I<sup>1</sup>; Silva, PV<sup>1</sup>; Nascimento, CS<sup>1</sup>; Guimarães, SEF<sup>1</sup>; Guimarães, MFM<sup>2</sup>; Lopes, PS<sup>1</sup>; Guimarães, JD<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite

<sup>3</sup>Departamento de Veterinária, Universidade Federal de Viçosa

clibardim@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** Real Time PCR, produção de suínos, prolificidade

Dentre as características produtivas, o número de leitões é fundamental para o sucesso na produção de suínos. A taxa de ovulação é um dos principais fatores que determinam o tamanho da leitegada e o estudo da expressão gênica nos folículos ovarianos, mais precisamente nas células da granulosa, pode causar grande avanço no entendimento desta característica. Um dos hormônios de grande importância na determinação da eficiência reprodutiva de mamíferos é a progesterona e, por conseguinte seu receptor (P4R), o qual medeia os efeitos desse hormônio. O Progesterona é responsável pelo estabelecimento e manutenção da prenhez em mamíferos. A expressão do P4R é regulada positivamente pelo estrogênio e negativamente pelo progesterona. Dessa forma, o objetivo neste trabalho foi caracterizar a expressão do gene P4R (Receptor de Progesterona) em células da granulosa durante a fase folicular do ciclo estral de fêmeas suínas de alta e de baixa prolificidade por meio da metodologia de PCR quantitativo em Tempo Real (qPCR). A média do número de leitões por leitegada foi 13,23 e 10,42, respectivamente para fêmeas de alta e de baixa prolificidade. O RNA total do líquido folicular foi extraído, imediatamente após a contagem do número de células presentes em cada amostra, utilizando-se o kit RNeasy Mini Kit (Qiagen) de acordo com o fabricante. Após a extração, fez-se dois pools com o RNA total do grupo de fêmeas com alta e com baixa prolificidade. O RNA total de cada um dos pools foi usado na confecção da primeira fita de cDNA utilizando o kit SuperScript III First-Strand Synthesis SuperMix (Invitrogen). As reações de qPCR foram realizadas utilizando-se o kit SYBR Green® PCR Master Mix (BioRad), de acordo com as recomendações do fabricante, e como controle endógeno foi utilizado o gene  $\beta$ -Actina. Os primers foram gerados a partir de seqüências obtidas nos bancos de ESTs de suínos. Os resultados mostraram que o gene P4R expressou 2,84 vezes a mais no pool das fêmeas de baixa prolificidade. Este resultado sugere que esses animais possuem baixos níveis de progesterona, já que este hormônio controla negativamente o nível do seu receptor, e como este hormônio é essencial na manutenção da prenhez, isto pode estar afetando a taxa de concepção desses animais.

Apoio financeiro: FAPEMIG, FINEP, CAPES e CNPq.

SP 3772  
P. 133

SP 3772  
P. 133