

Investigação e variabilidade genética de polimorfismos no gene da oxitocina bovina em animais da raça Guzerá

Rosse, IC¹; Steinberg, RS¹; Sandes, SHC¹; Machado, MA²; Peixoto, MGCD²; Verneque, RS²; Carvalho, MRS¹

Departamento de Biologia Geral, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG, Brasil
Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil
mraquel@icb.ufmg.br

Palavras-chave: ejeção do leite; Guzerá; marcadores moleculares; oxitocina; SNPs.

O gene da oxitocina, localizado por mapeamento físico no cromossoma 13 de bovinos, codifica um neuropeptídeo liberado pela neuro-hipófise em resposta à estimulação tátil das tetas pelo bezerro, manualmente ou através de máquinas de ordenha. A oxitocina é responsável pela ejeção do leite a qual é importante durante a amamentação ou ordenha para obtenção do leite alveolar que pode representar mais que 80% do leite estocado no úbere de vacas leiteiras. Ela está envolvida também na formação de vínculo materno e é fundamental no estabelecimento do cuidado parental, sendo este um importante fator na determinação da sobrevivência e viabilidade da prole. Além disso, esse hormônio é também importante no processo de contração muscular durante o parto. Visto que existem poucos estudos para validação de marcadores moleculares em *Bos indicus* (espécie predominante no Brasil) e com o objetivo de investigar a existência de variantes neste gene em animais da raça Guzerá, amplificamos e sequenciamos a região do gene em 12 touros oriundos do núcleo MOET do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para leite de diferentes rebanhos brasileiros. O DNA foi obtido do banco de DNA da EMBRAPA Gado de leite. A amplificação do gene foi feita por PCR e o sequenciamento foi realizado pelo método de Sanger com kit ABI Prism® Big Dye® Terminator v3.1 em um sequenciador ABI3130. A análise de qualidade e a edição das sequências foi realizada utilizando o pacote PhredPhrap/Consed. Os polimorfismos de nucleotídeo-único (SNPs) foram identificados usando alinhamento múltiplo (MEGA 4.0). A sequência de referência usada foi da espécie *Bos taurus* depositada no NCBI. Foram identificados 8 SNPs correspondentes a regiões intrônicas do gene, observando-se: na posição 390 da sequência referência, substituição T→G (frequência do alelo G: 0,92); posição 423, substituição G→T (freq. alelo T: 0,58); posição 459, substituição C→T (freq. alelo T: 0,42); posição 515, substituição C→T (freq. alelo T: 0,08); posição 527, substituição A→G (freq. alelo G: 0,17); posição 648, substituição G→T (freq. alelo T: 0,33); posição 658, substituição T→C (freq. alelo C: 0,25); posição 890, substituição T→C (freq. alelo C: 0,17); sendo os sete primeiros presentes no íntron 1 e o último no íntron 2. Estimamos a fase de ligação dos haplótipos através do PHASE 2.1.1 e com isso montamos a árvore filogenética enraizada por uma sequência de *Ovis aries* depositada no NCBI pelo método de Neighbor-Joining. Com a árvore foi possível observar que os 12 haplótipos formados se separam em duas linhagens haplotípicas (uma com 7 e outra com 5). Esse estudo fornece os primeiros SNPs identificados na região do gene da oxitocina em animais da raça Guzerá. Nosso próximo passo será estabelecer uma correlação entre os polimorfismos e variações observadas na ejeção do leite e na viabilidade da prole.

Apoio Financeiro: CNPQ, FAPEMIG E CAPES