

Detecção de uma *indel* na região 3' UTR do gene *DGAT1* em animais das principais raças bovinas do Brasil

Steinberg, RS¹; Teixeira, OM¹; Figueiredo, PO¹; Machado, MA²; Peixoto, MGCD²; Verneque, RS²; Carvalho, MRS¹

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

Palavras-chave: Marcadores moleculares, QTL, Seleção assistida por marcadores, Bovinos, DGAT1

O gene *DGAT1* codifica a enzima microsomal acilCoA:diacilglicerol aciltransferase. Um QTL (*Quantitative Trait Locus*) com efeito principal sobre a produção e composição de leite em *Bos taurus* foi identificado na região do cromossomo BTA14 em que se encontra esse gene. O polimorfismo DGAT1(K232A) é responsável pela maior fração da variância nestas características. Estudos recentes com animais *Bos indicus* apontam baixa frequência do alelo '232A', variando de 0 a 0,04 em raças zebuínas leiteiras. Outro polimorfismo identificado nessa região é uma VNTR (*Variable Number Tandem Repeats*) na posição 5' UTR, para a qual já foram identificados cinco alelos. O único estudo conduzido até o momento com este marcador, não identificou associação com características da produção leiteira. Portanto, com o objetivo de identificar novas variantes alélicas no gene *DGAT1*, foram sequenciados 600 nucleotídeos na região 3' UTR (*Untranslated Region*) em animais zebuínos da raça Guzerá. Utilizou-se *primers* anelando no final do éxon 17 e na região 3' UTR, englobando o sinal de poli-adenilação e 502 nucleotídeos dessa região. Foi identificada uma *indel* (inserção-deleção) de 15 nucleotídeos. Para averiguar a presença e a frequência da *indel* em outras raças, foram genotipadas amostras de animais taurinos (Holandês: 53, Jersey: 72, Pardo-suíço: 70) e zebuínos (Sindi: 60, Gir: 54, Nelore de corte: 59, Nelore leiteiro: 46 e Guzerá: 63). O DNA foi obtido do Banco de DNA de Bovinos de Leite do consórcio entre os Laboratórios de Genética Humana e Médica do ICB-UFMG e de Genética Molecular da Embrapa Gado de Leite. A região foi amplificada por PCR e os produtos separados por eletroforese em gel de poli-acrilamida 6% e corados com nitrato de prata. Não foi observada a presença da inserção em nenhum animal *B. taurus*. A frequência da inserção foi de 0,11 no Sindi, 0,27 no Gir, 0,33 no Guzerá, 0,52 no Nelore leiteiro e 0,63 no Nelore de corte. Todas as frequências encontram-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg ($p > 0,05$). Essa foi a primeira *indel* identificada em genes envolvidos com vias de metabolização de lipídios. Já foi relatada relação entre *indels* na 3' UTR e a estabilidade do mRNA. Diante da perspectiva de relação desse tipo de polimorfismo com a variância em características de interesse à produção de leite em zebuínos, faz-se necessária a condução de estudos de associação, para verificar o potencial desse marcador para a seleção assistida por marcadores moleculares em raças zebuínas.

Apoio financeiro: FAPEMIG e Cnpq