

ASSOCIAÇÃO DO MARCADOR LEPR COM COMPOSIÇÃO DA COXA EM FRANGO DE CORTE

Peri, E.^{1*}; Fongaro, G.¹; Tessmann, A. L.²; Ribeiro, J. B.²; Peixoto, J.O.²; Ledur, M. C.²

¹Graduanda em Ciências Biológicas pela Fundação Universidade do Contestado, Campus Concórdia, estagiária da Embrapa Suínos e Aves, Bolsista CNPQ/PIBIC. E-mail: edi_peri@hotmail.com

²Embrapa Suínos e Aves

Palavras - chave: análise de associação, linhagem pura, gene candidato e polimorfismo.

Introdução

O conhecimento sobre os genomas vem contribuindo para decifrar parte do controle genético de características de interesse econômico. A identificação de marcadores moleculares associados a essas características importantes tem sido objeto de muitas pesquisas. A finalidade dessas pesquisas é a implementação de informações genômicas em complemento aos métodos tradicionais de avaliação genética em programas de melhoramento.

O gene da Leptina (LEP) e seu receptor (LEPR) vêm sendo objeto de estudos nos últimos anos em animais domésticos. Devido a importância metabólica das proteínas codificadas por tais genes, muitos estudos tem sido realizados com intuito de achar mutações em suas seqüências nucleotídicas que possam ser utilizadas como marcadores em produção animal (3). Diante da importância desse gene no crescimento e deposição de gordura, objetivou-se investigar associação entre o marcador LEPR1 A>G, visando a validação desse marcador molecular com potencial uso na seleção.

Material e Métodos

Os animais utilizados pertencem a uma população específica para estudos de validação de marcadores em populações comerciais, desenvolvida pela Embrapa Suínos e Aves. Nesse estudo foram avaliadas as seguintes características relacionadas a composição da coxa em frango de corte: Peso da coxa, peso da carne da coxa, peso da pele da coxa e peso do osso da coxa (Fêmur).

Os primers utilizados para amplificação da região de interesse no LEPR foram: Direto-5' TCTGGAGTGAATGGAGCACAA3' e Reverso-5' GCTACGCTCTGGTTTTGTT3'. Utilizando esse conjunto de iniciadores amplificou-se uma região de 754pb. As condições de amplificação da PCR foram: Um ciclo de a 95°C por 6 minutos; 32 ciclos de: 95°C por 1 minuto, 60°C por 1 minuto e 72°C por 1 minuto; seguido de extensão final a 72°C por 10 minutos.

O Polimorfismo estudado é um SNP (polimorfismo de nucleotídeo único) caracterizado pela troca A>G, identificado no intron 8 do gene LEPR da galinha (2).

Para diagnóstico desse SNP utilizou-se a técnica de PCR-RFLP. Foi adicionado á 15ul do produto de PCR, 0,4 ul da enzima Hha I a 1U/ul e 2,5 ul de tampão. A reação ocorreu a 37°C.

As análises descritivas e de associação entre o polimorfismo e as características fenotípicas foram realizadas utilizando-se o programa QxPak (1), que utiliza procedimentos de máxima verossimilhança. A análise de associação foi realizada usando modelo misto onde foram incluídos o efeito infinitesimal, os efeitos fixos de sexo, incubação e do SNP e o erro aleatório. Também foram estimados os efeitos aditivos e de dominância dos alelos do SNP.

Resultados e Discussão

Verificou-se que 58,49% dos animais avaliados para o SNP LEPR eram homozigotos AA, 36,17% eram heterozigotos e 5,34% eram homozigotos GG.

Na análise de associação entre o SNP LEPR e as características analisadas, o modelo que melhor se ajustou foi o modelo aditivo-dominante.

Os resultados da análise de associação do polimorfismo LEPR com as características em estudo estão apresentados na Tabela 1. Observa-se que o polimorfismo está associado significativamente com peso da coxa e peso da carne da coxa, sendo o alelo G favorável ao aumento de peso na coxa.

Esse efeito observado pode ser causa direta da troca A por G, Isso pode ser verdadeiro desde que essa mutação ocorra em região funcionalmente importante desse gene, Sabe-se que, mesmo regiões de intron (não expressas) podem ser importantes para a regulação da expressão gênica, Outra possibilidade é que o efeito observado seja devido ao desequilíbrio de ligação entre esse SNP e outra mutação que seja a verdadeira causa da variação.

Tabela 1. Número de animais (N), significância da associação (P) e efeitos aditivos (a) e de dominância (d), seguidos de seus respectivos erros-padrão (ep).

Caract.	N	P	a ± ep (g)	d ± ep (g)
PC	758	0,056	2,38±1,00	2,22±1,20
PCC	759	0,017	1,71±0,72	2,42±0,87

Característica; PC – Peso da coxa e PCC – peso da carne da coxa

Conclusões

O polimorfismo LEPR apresenta associação com peso da coxa e peso da carne da coxa, apresentando uso potencial em programas de seleção assistida por marcadores.

Referências

1. NINOV, K, LEDUR, M. C., NONES, K., et al. Associação de polimorfismo de base única (SNP) no íntron 8 do gene do receptor da leptina em galinhas com rendimento de órgãos. In: 44 Reunião anual da SBZ, 2007, Jaboticabal, 2007.
2. PÉREZ-ENCISO, M.; MISZTAL, I. Qxpak: a versatile mixed model application for genetical genomics and QTL analyses. *Bioinformatics*, v.20, p.2792-2798, 2004.
3. SOARES, M.A.M e GUIMARÃES, S. E. F. O papel da leptina e de seus receptores no metabolismo da gordura. II Conferência Internacional Virtual sobre Qualidade de Carne Suína, 05 de novembro à 06 de dezembro de 2001 - Via Internet.