

Frequência alélica de polimorfismos do gene estearoil-coa dessaturase (*SCD1*) em raças bovinas

Primeiro autor: Catherine Cecília Walker

Demais autores: Walker, C. C.^{1}; Morais, M. G.²; Feijó, G. L. D.³; Alves, F. V.³; Egito, A. A.³*

Resumo

A enzima SCD1 possui um papel determinante na biossíntese de monoinsaturados no tecido adiposo, por isso despertou grande interesse como um gene candidato para a variação lipídica da carne bovina. Assim sendo, o objetivo do trabalho foi analisar as frequências alélicas e genotípicas dos polimorfismos g.10153G>A e g.10213C>T do gene *SCD1*, relacionados ao aumento de monoinsaturados no tecido adiposo na raça Wagyu, em diferentes bovinas raças criadas no Brasil. Foram genotipados 318 animais das raças Nelore, Guzerá, Gir, Curraleiro, Crioulo Lageano, Caracu, Pantaneiro, Holandês, Wagyu e a F1 Nelore x Wagyu, por sequenciamento de Sanger. As frequências alélicas e genotípicas foram obtidas por contagem gênica sendo comparadas pelo teste de Qui-Quadrado (χ^2), a 5% de probabilidade. A frequência do alelo A (considerado favorável) do polimorfismo g.10153G>A nas raças Wagyu (0,72) e Holandesa (0,79) não difeririam estaticamente, sendo superiores às demais. No polimorfismo g.10213C>T, observou-se uma frequência alta do alelo T (favorável) nas raças Holandesa (0,79), Pantaneira (0,68) e Wagyu (0,72), que não diferiram estaticamente entre si ($P>0,05$). Também não houve diferença significativa ($P>0,05$)

(1) Mestranda da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS, catherine-cwalker@hotmail.com. (2) Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. (3) Professora da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. * Autor correspondente.

entre as frequências das raças zebuínas Gir, Guzerá e Nelore, sendo que, o alelo T foi observado em alta proporção (1; 0,98 e 0,99, respectivamente). Observou-se que, embora tenha sido descrito para bovinos Wagyu, nas raças analisadas neste trabalho os dois polimorfismos não estão em desequilíbrio de ligação, exceto em Caracu, Holandesa, e Wagyu. Foram observados cinco blocos haplotípicos diferentes dos descritos para Wagyu. Conclui-se que existe alta variabilidade genética nas raças brasileiras e que são necessários estudos de associação dos polimorfismos detectados com dados fenotípicos, no sentido de validar sua relação com o aumento de ácidos graxos monoinsaturados nas raças taurinas localmente adaptadas e zebuínas.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa Gado de Corte, UFMS e Fundect.