

Prospecção e validação de polimorfismos de nucleotídeo único nos genes bovinos *FABP3* e *FABP4*

Primeiro autor: Isabella Maiumi Zaidan Blecha

Demais autores: Blecha, I. M. Z.^{1}; Siqueira, F.²; Ferreira, A. B. R.³; Feijó, G. L. D.²; Torres Júnior, R. A. A.²; Santiago, G. G.⁴; Ferraz, A. L. J.⁵*

Resumo

Diversos polimorfismos nos genes bovinos *FABP3* (*Heart Fatty Acid Binding Protein*) e *FABP4* (*Adipocyte Fatty Acid Binding Protein*) estão associados com deposição de tecido adiposo. A gordura intramuscular e subcutânea influenciam diretamente na qualidade da carne bovina, pois estão relacionadas com maior proteção da carcaça, suculência e sabor. Dessa forma, objetivou-se a prospecção e validação de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) nos genes *FABP3* e *FABP4* por meio de sequenciamento automático de DNA. As amostras de sangue, sêmen e informações fenotípicas foram coletadas de 201 animais cruzados terminados em sistema superprecoce. Para a varredura, foram montados pools de DNA dos animais presentes numa fração equivalente a 10% dos extremos da distribuição de grau de marmoreio e espessura de gordura subcutânea. Para a amplificação das regiões de interesse foram desenhados *primers* específicos a partir das sequências dos genes disponíveis em bancos de dados públicos. Os produtos amplificados foram purificados com as enzimas ExoI/SAP para degradar excessos de reagentes não incorporados e submetidos à reação de

(1) Mestranda da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – UEMS, isablecha@hotmail.com. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Analista da Embrapa Gado de Corte. (4) Mestrando da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul - UFMS. (5) Professor da Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul – UEMS. * Autor correspondente.

sequenciamento usando *BigDye® Terminator Cycle Sequencing*. Para o gene *FABP3*, o sequenciamento revelou cinco SNPs, sendo que quatro desses já haviam sido depositados em banco de dados. No gene *FABP4* foram encontrados nove SNPs e todos já haviam sido depositados. Dos 14 SNPs identificados, selecionaram-se quatro para validação, que foram analisados por PCR-RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorfism-Polymerase Chain Reaction*) quando foi encontrado sítio de restrição ou PCR em Tempo Real, quando não foi possível a utilização de enzimas de restrição. Posteriormente, serão realizados testes de associação dos SNPs com as características fenotípicas. Espera-se demonstrar o potencial de utilização destes marcadores nos programas de melhoramento genético de bovinos de corte por meio da validação dos efeitos dos SNPs. Os resultados obtidos poderão fornecer ferramentas para viabilizar a seleção de animais que produzam carne de melhor qualidade.

Parceria / Apoio financeiro

Embrapa, UEMS, UFMS, CNPq e Capes.