

POLIMORFISMOS DO GENE DA LEPTINA EM EFETIVOS BOVINOS DE CARNE NA REGIÃO DO ALTO ALENTEJO

Rute Santos^{1,2}, André Churra³, Luís Conceição^{1,2}, Miguel Minas¹, M^a da Graça Pacheco de Carvalho¹, Noémia Farinha¹
 1 – Instituto Politécnico de Portalegre, Portugal; 2 – ICAAM – Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas; 3 – ELIPEC, SA

INTRODUÇÃO

A leptina é codificada por um gene com 167 aminoácidos, e a sua função é essencialmente hormonal e autócrina. O peso de carcaça, o marmoreado da carne e o próprio rendimento da carcaça estão associados à ação da leptina, como referem Geary *et al.* (2003), que observaram uma correlação positiva entre as concentrações séricas da leptina e estas características em raças bovinas. Pretendeu-se averiguar a existência de variabilidade genética da leptina em efetivos bovinos de carne localizados na região do Alto Alentejo. Para tal, investigaram-se dois SNP, o UASMS2 C>T e o Exon 2FB C>T.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As frequências alélicas foram de 76,84% para o alelo C e de 23,16% para o alelo T no UASMS2, e de 64,14% para o alelo C e de 35,86% para o alelo T no Exon2FB. As frequências genotípicas constam do quadro 1, e não diferiram significativamente das esperadas numa população em equilíbrio.

Quadro 1: Frequências genotípicas

	CC(%)	CT(%)	TT(%)
SNP UASMS2	61,05	31,58	7,37
SNP EXON 2FB	51,52	25,25	23,23

Schenkel *et al.* (2005) calcularam a frequência destes mesmos alelos em distintas raças de bovinos de aptidão cárnica, tendo obtido frequências superiores do alelo C nos SNP UASMS2 (entre 65,5% e 77,3%) e Exon2FB (entre 45,4% e 58,8%). Relativamente ao SNP UASMS2, as frequências alélicas obtidas neste estudo são semelhantes às obtidas por aqueles autores nas diferentes raças. Quanto ao SNP Exon2FB, observa-se nos resultados deste estudo uma frequência do alelo C aparentemente superior à encontrada noutras raças.

O peso médio das carcaças foi de 178,22 ± 39,79 kg, variando entre um mínimo de 99,60 kg e um máximo de 270,97 kg. Tanto a Exploração (figura 1) como a Idade ao Abate influenciaram significativamente o peso das carcaças (p<0,001).

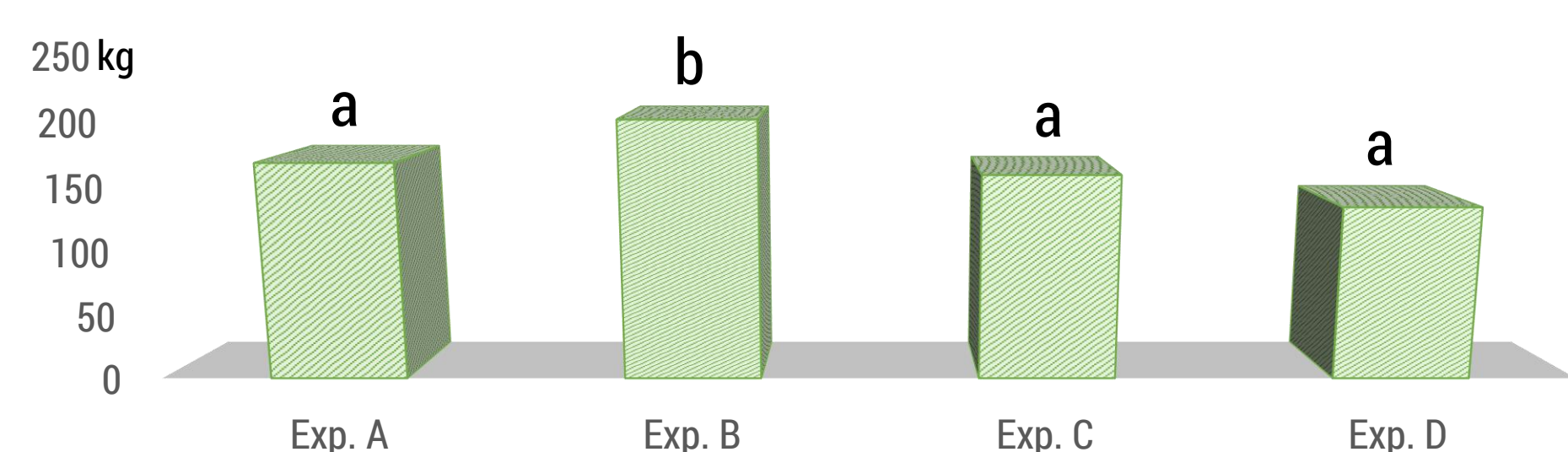


Figura 1: Peso das carcaças em função da exploração (MME)

Os resultados não revelaram um efeito significativo de qualquer dos genótipos em estudo sobre o peso da carcaça, quer para o UASMS2 (quadro 2, p=0,958), quer para o Exon2FB (quadro 3, p=0,551).

Quadro 2: Peso das carcaças (MME ± EP) para os genótipos do UASMS2

SNP UASMS2	CC (n=51)	CT (n=29)	TT (n=4)
Peso da carcaça (kg)	165,63 ± 4,30	167,71 ± 6,26	165,44 ± 15,79

Quadro 3: Peso das carcaças (MME ± EP) para os genótipos do EXON2FB

SNP EXON2FB	CC (n=43)	CT (n=21)	TT (n=20)
Peso da carcaça (kg)	162,56 ± 6,32	171,57 ± 8,87	164,66 ± 8,71

AGRADECIMENTOS

Este trabalho foi desenvolvido no âmbito do projeto VITAPEC – Vitela e vitelão da ELIPEC, cofinanciado pelo PRODER - Programa de Desenvolvimento Rural, Subprograma 4: 4.1. Cooperação para a Inovação. Os autores agradecem à ELIPEC, à Equigerminal (em particular, à Doutora Isabel Fidalgo Carvalho) e a todos os produtores parceiros que participaram neste estudo.

MATERIAL E MÉTODOS

Colheram-se amostras de 110 bovinos cruzados de sexo feminino, provenientes de 4 explorações do distrito de Portalegre. As amostras foram remetidas à empresa Equigerminal, para extração de ADN e pesquisa de SNP no gene da leptina. Foram desenhadas novas sondas específicas para os polimorfismos UASMS2 e Exon2FB. Os fragmentos específicos foram amplificados por PCR convencional e em tempo real. A presença de todos os polimorfismos foi confirmada por sequenciação por Sanger.

Os animais foram abatidos a uma idade média de 8,93 ± 2,16 meses, e foram recolhidos os pesos das carcaças.

No tratamento estatístico utilizou-se o *software* Statistica v.12 (Statsoft ®). Compararam-se, mediante um teste de Chi-quadrado, as frequências genotípicas observadas com as esperadas numa população em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Para avaliar o efeito dos genótipos de cada SNP sobre o peso das carcaças, utilizou-se um modelo linear misto, considerando o genótipo e a exploração como fatores e a idade ao abate como covariável. Para apresentação dos resultados, optou-se por calcular as médias marginais estimadas (MME) e os erros padrão (EP).

CONCLUSÕES

- As frequências alélicas obtidas neste estudo são semelhantes às obtidas por outros autores para os alelos do SNP UASMS2.
- Quanto ao SNP Exon2FB, observa-se nos resultados uma frequência do alelo C aparentemente superior à encontrada noutras raças, o que se poderá dever à influência das raças autóctones (concretamente, Alentejana e Mertolenga) nos efetivos cruzados que foram objeto do estudo.
- Não se observou um efeito significativo de qualquer dos genótipos em estudo sobre o peso da carcaça.
- Os animais foram abatidos em idades precoces (quando comparados com os estudos publicados) o que poderá ter influenciado a expressão dos genótipos da leptina, já que a deposição de gordura assume uma importância superior em fases posteriores do crescimento.



BIBLIOGRAFIA

- Geary, T. W., McFadin, E. L., MacNeil, M. D., Grings, E. E., Short, R. E., Funston, R. N., & Keisler, D. H. (2003). Leptin as a predictor of carcass composition in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 81(1), 1-8
- Schenkel FS; S. P. Miller, SP; Ye, X; Moore, SS; Nkrumah, JD; Li, C; Yu, J; Mandell, IB; Wilton, JW; Williams, JL. (2005). Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 83:2009–2020

COFINANCIAMENTO