

ALTA VARIABILIDADE DO GENE BoLA-DRB3 EM BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA

Graziela Vieira Fontequê^{2*}; Mariana da Silva Casa¹; Carla Ivane Ganz Vogel¹; Luiz Claudio Miletto¹; Guillermo Giovambattista³; Joandes Henrique Fontequê¹

¹Universidade do Estado de Santa Catarina. ²Centro Universitário UNIFACVEST.

³Universidad Nacional de La Plata. *E-mail do autor apresentador: grazi.medvet@hotmail.com

O complexo de histocompatibilidade principal (MHC) em bovinos é conhecido como BoLA (antígeno leucocitário bovino) e está localizado no cromossomo 23. A região BoLA-DR contém o locus monomórfico BoLA-DRA e três loci BoLA-DRB, sendo que o gene BoLA-DRB3 é o mais expresso e polimórfico. Com o objetivo de determinar a variabilidade do gene BoLA-DRB3 em bovinos da raça Crioula Lageana, seus alelos foram amplificados utilizando a técnica de PCR-SBT, com primers específicos, gerando produtos de 284pb. Os fragmentos foram sequenciados utilizando o ABI PRISM BigDye Terminator Cycle. Os dados brutos das sequências foram analisados através do software Assign 400ATF ver. 1.0.2.41. A raça Crioula Lageana obteve 44 alelos identificados através da análise das sequências, sendo que destes, dez alelos estão presentes somente na raça Crioula Lageana, quando comparada à outras raças localmente adaptadas. Análises estatísticas demonstraram que esta população encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg ($F_{IS}=0,00633$; $p=0,3978$), ou seja, não há forte pressão de seleção atuando sobre esta população. Os valores de heterozigosidade esperada (0,94) e observada (0,95) foram altos, confirmando a alta variabilidade genética do gene BoLA-DRB3 na raça Crioula Lageana. Observou-se ainda proximidade genética da raça Crioula Lageana com outras raças localmente adaptadas. Concluiu-se que a raça Crioula Lageana, apesar de representar uma população pequena, mantém alta diversidade genética, o que, assim como em outras raças crioulas, contribui para a manutenção de características imunológicas desejáveis dentro do ambiente em que se encontra.

Palavras-chave: Polimorfismo; Raça Crioula; Sequenciamento.

Agradecimentos: à FAPESC por fomentar esta pesquisa e à CAPES pela concessão de bolsa de estudo.