

POLIMORFISMO GENÉTICO DAS REGIÕES NÃO TRADUZIDAS DO GENE DA HORMONA
DO CRESCIMENTO EM OVINOS SERRA DA ESTRELA

MARQUES, M.R.^{**}, SANTOS, I.C.^{**}, BELO, C.C.^{**} E CRAVADOR, A.^{*}

^{*} Faculdade de Engenharia de Recursos Naturais, Universidade do Algarve, Campus de Gambelas, 8000-810 Faro, Portugal. E-mail: mrmarques@ualg.pt; icsantos@ualg.pt; acravador@ualg.pt

^{**} Departamento de Sistemas e Técnicas de Produção Animal, Estação Zootécnica Nacional, Fonte Boa, 2000-763 Vale de Santarém, Portugal. E-mail: dovi.ezu@mail.telepac.pt

As regiões 5' e 3' não traduzidas (5'-UTR e 3'-UTR) de mRNAs (ácido ribonucleico mensageiro) eucariotas desempenham um papel fundamental na regulação da expressão génica. Sequências nucleotídicas específicas, presentes nestas regiões não traduzidas, revelaram-se cruciais em muitos aspectos da regulação e expressão génica, controlando a localização celular, a estabilidade e eficiência de tradução do mRNA.

Na continuação dos trabalhos sobre variabilidade genética ao nível das regiões codificantes da GH ovina que temos vindo a desenvolver, analisámos neste estudo as regiões 5'-UTR e 3'-UTR daquele gene. Uma amostra de 500 ovinos Serra da Estrela foi analisada pelo método PCR-SSCP (do inglês "Polymerase Chain Reaction - Single Strand Conformation Polymorphism"), o qual permite a detecção de mutações de natureza desconhecida em fragmentos de DNA (ácido desoxiribonucleico) amplificados por PCR. Por este método foi revelado um elevado grau de polimorfismo na região 3'-UTR.

Procurou-se estabelecer uma associação estatística entre a produção de leite dos animais analisados e os resultados obtidos ao nível da 5' e 3'-UTRs do gene da GH, de modo a detectar marcadores genéticos que possam ser utilizados no melhoramento da raça ovina Serra da Estrela.