

GENOTIPAGEM DO GENE MDR1 EM CÃES DA RAÇA COLLIE

LABORATÓRIO DE BIOTECNOLOGIA – ULBRA/Canoas



SILVA, Cláudia Rodrigues^{4,6}; BAJA, Karine Gehlen^{1,3}; PEREIRA, Katiana Santos Stelmach^{5,6}; NATALINI, Cláudio Correa;² AGUIAR, Paulo Ricardo Loss.^{1,6}

¹Professor(a) do curso de Medicina Veterinária/ULBRA; ²Professor do curso de Medicina Veterinária/UFRGS; ³Doutoranda PPG em Fisiologia/UFRGS; ⁴Acadêmica do curso de Medicina Veterinária/ULBRA e bolsista voluntária PROICT/ULBRA; ⁵Acadêmica do curso de Biomedicina-/ULBRA; ⁶Laboratório de Biotecnologia Veterinária-HV/ULBRA.

INTRODUÇÃO

O gene de resistência múltipla a drogas (MDR1) é responsável pela expressão de uma proteína de membrana, denominada P-glicoproteína (P-gp). A expressão da P-gp limita o acesso das drogas ao cérebro e interfere na absorção intestinal quando da administração por via oral, atuando como uma proteção a diversos xenobióticos. Assim, a P-gp possui importante papel na barreira hematoencefálica, além de muitos outros tecidos, sendo que algumas raças de animais são mais sensíveis a determinadas medicações. A sensibilidade à ivermectina é um exemplo clássico, pois algumas raças como o Collie, apresentam maior incidência de intoxicação (66%). Esta sensibilidade está correlacionada à mutação MDR1-nt230(del4), sendo que nos caninos a sensibilidade à ivermectina é associada, até o momento, aos indivíduos homozigotos para uma deleção de quatro pares de bases (pb) no éxon quatro do cromossomo 14, resultando em uma P-gp inativa.

OBJETIVO

Genotipar 14 cães da raça Collie frente ao gene MDR1, relacionando aos valores referenciados sobre a incidência de sinais clínicos de intoxicação e de resistência à intoxicação em Collie.

MATERIAL E MÉTODOS

O DNA foi extraído a partir de leucócitos e o fragmento amplificado por PCR para posterior eletroforese vertical em gel de poliacrilamida 30% e análise visual das bandas após coloração com nitrato de prata (AgNO₃).

RESULTADOS

Foram identificados 7% de homozigotos mutados (144 pb), 57% de heterozigotos (144 e 148 pb) e 36% de homozigotos não mutantes (alelos selvagens com 148 pb). Portanto, nesta população, 64% dos indivíduos apresentaram a mutação em, pelo menos, um dos alelos.

DISCUSSÃO E CONCLUSÃO

Os resultados sugerem compatibilidade entre os percentuais citados pela literatura e os observados neste estudo, desde que somados os homozigotos mutados aos heterozigotos, ou seja, apenas um alelo mutado já seria suficiente para tornar o indivíduo suscetível à intoxicação.

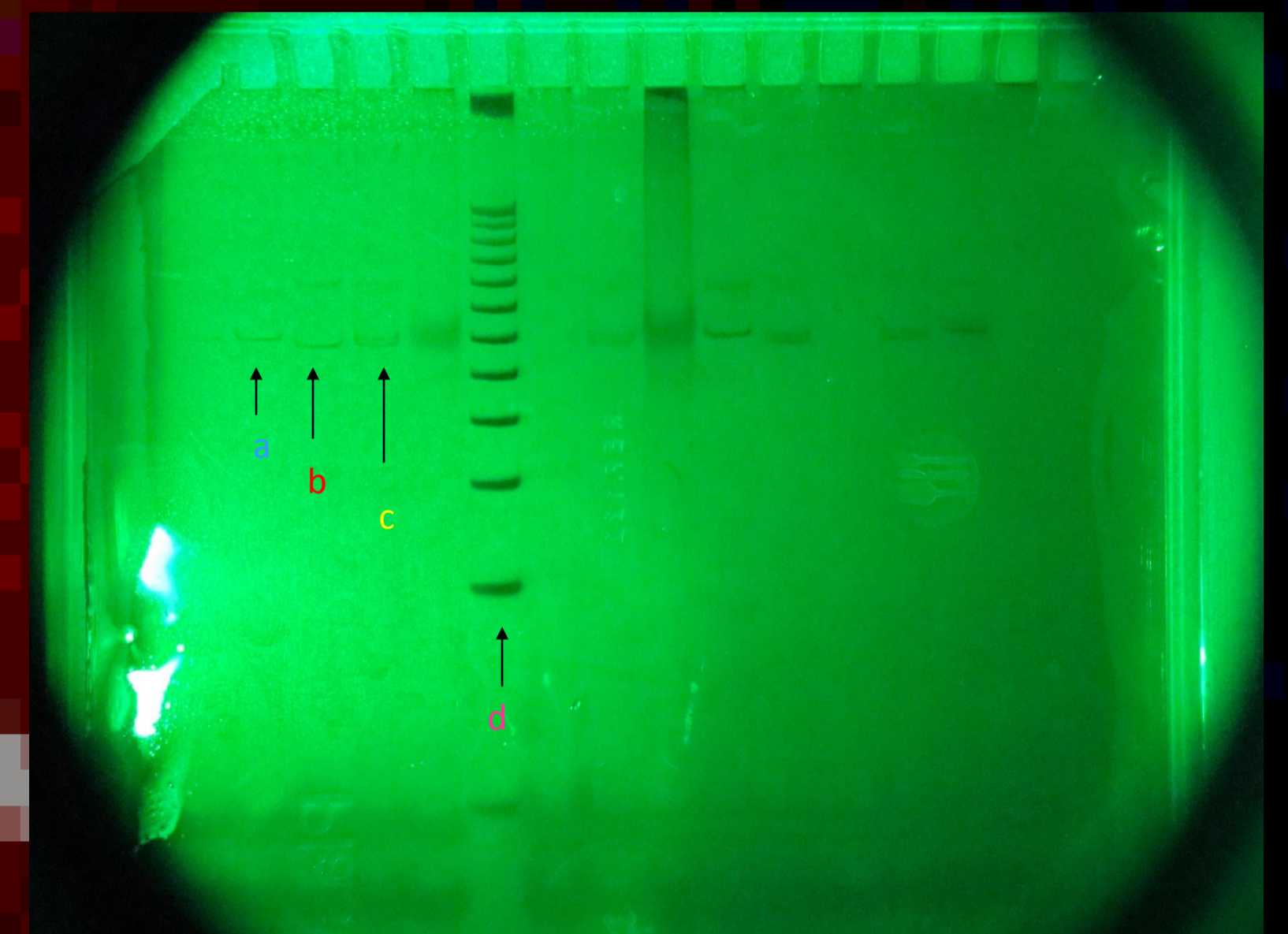


Fig 1. Gel apresentando as bandas com 148 pb (a), bandas com 144 pb (b), heterozigoto (c) e marcador molecular com peso de 25 pb (d)

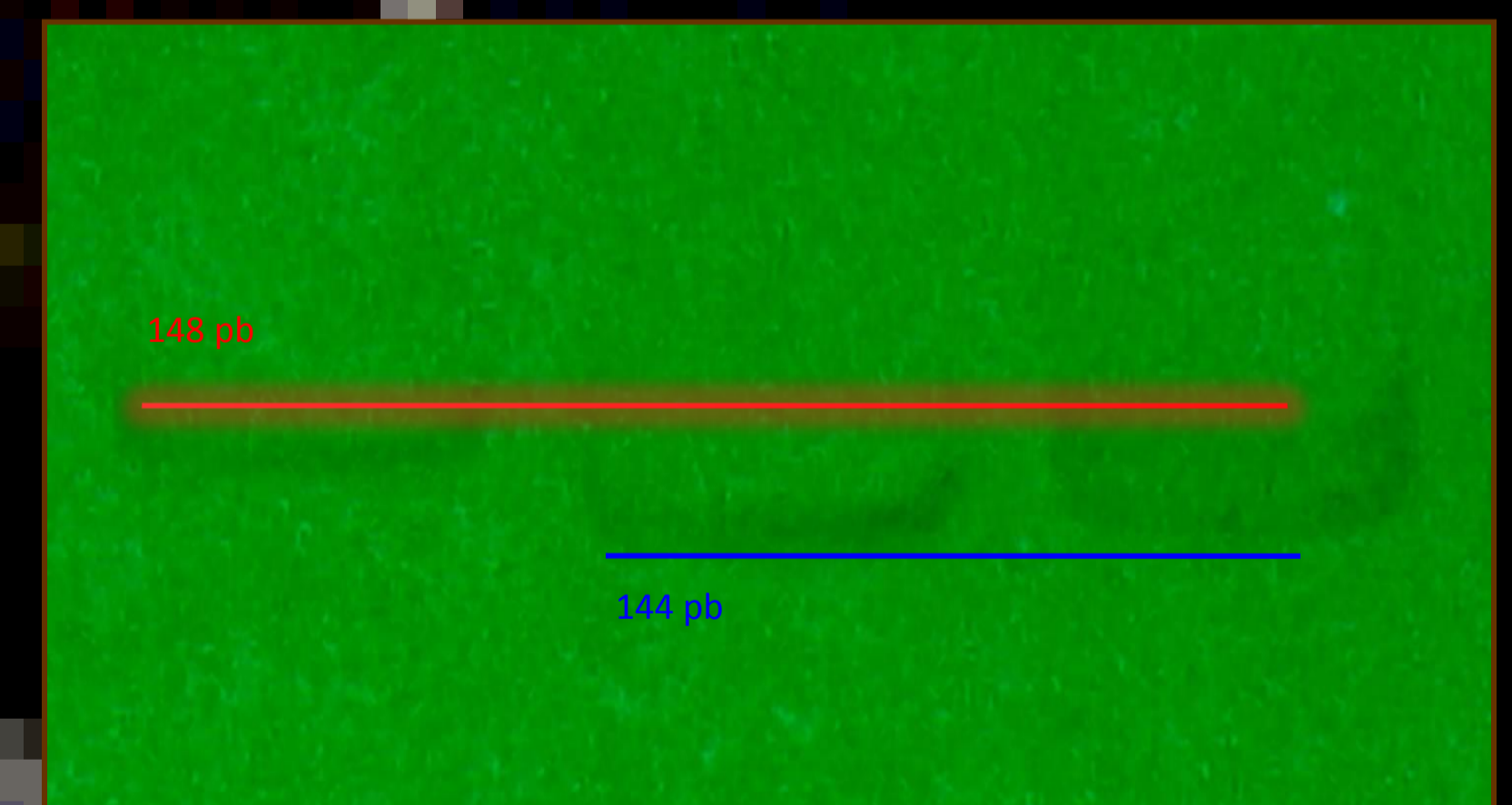


Fig 2. Detalhe evidenciando a diferença de 4 pb entre as bandas

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FECHT, S. et al. Analysis of the canine mdr1-1Δ Mutation in the Dog Breed Elo. J. Vet. Med., p.401-405, 2007.
GUEDES, A. G. P; NATALINI, C. C; ALVES, S. D. L; OLIVEIRA, S. T. Ciência Rural, v.32, n.2, p.345-46, 2002.
MEALY, K. L. Therapeutic implications of the MDR1 gene. J. Vet. Pharm. Therap, Baltimore, v.27, p.257-264, 2004.
ROSSETTI, M. L.; DORNELLES, C. M.; RODRIGUES, J. J. S. Doenças Infeciosas-Diagnóstico Molecular Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, p.1-45, 197-208. 2006.