

FREQUÊNCIA DOS ALELOS DA HEMOGLOBINA EM BOVINOS DAS RAÇAS: NELORE, GIR E GUZERÁ.
P.F. OLIVEIRA¹, A.P.S. VELLOSO¹, S.G. RODRIGUES¹, D.A.A. OLIVEIRA. Laboratório de Genética da Escola de Veterinária da Escola de Veterinária da UFMG.

A maioria dos estudos genéticos em bovinos dependem da análise de parentesco feita por tipagem sanguínea, envolvendo também o estudo de polimorfismos protéicos, entre eles o da Hemoglobina. A eficácia desses testes na exclusão de falso parentesco é obtida pelo cálculo da Porcentagem de Exclusão (PE), dependendo: do número de loci testados; número e frequência de alelos/loci; e, da possibilidade dos genótipos poderem ou não ser definidos diretamente a partir dos fenótipos. Assim, é importante conhecer as frequências dos alelos da Hemoglobina, cujo teste é obrigatório nas verificações de paternidade feitas no Brasil, conforme a Portaria Nº 19 de junho/96 - Ministério da Agricultura e do Abastecimento. Nas raças zebrinas Nelore, Gir e Guzerá foram analisadas 437, 81 e 197 animais, respectivamente. Nos alelos estudados, A e B, as frequências observadas dos genótipos AA; AB e BB, nesta ordem, foram: na raça Nelore 37,75%, 42,33% e 19,90%; na raça Gir 25,93%, 44,44% e 29,63% e na raça Guzerá 45,18%, 41,62% e 13,20%. Tal estudo nessas raças tem papel fundamental nas análises de parentesco, contribuindo para o cálculo da Porcentagem de Exclusão do teste de tipagem sanguínea

Apoio: CNPq, CBRA

GENETIC AND PHENOTYPIC CORRELATIONS OF PERFORMANCE TRAITS IN THOROUGHBRED HORSES.
M.D.S. Mota¹, H.N. Oliveira¹, C.R. Tiosso¹ e L.S.L.S. Mota¹ - DMNA, FMVZ - Unesp, Botucatu - SP.

The racing performance data of 1140 Thoroughbred horses (609 male and 531 female) recorded from 1985 to 1991, were studied. Genetic and phenotypic correlations were estimated for the following traits: number of victories (NV), number of top 3 finishes (N3), number of top 5 (N5) finishes, percentage of victories (PV), percentage of top 3 (P3) finishes, percentage of top 5 (P5) finishes, and number of starts (NS), using MTDFREML software and the sire model. Phenotypic correlations among all traits were positive (0.02 - NS;P3 to 0.92 - N3;N5) except those between NS and PV (-0.13). Number of starts had positive genetic correlations just with N3 and N5. For the traits related to final placings, negative genetic correlations were observed between N5;PV (-0.45), N5;P3 (-0.34) and N5;P5 (-0.25).

DISTÂNCIA GENÉTICA MULTILOCOS ENTRE PARENTAIS DE BOVINOS.
Tambasco, D.D.¹, Alencar, M.M.², Freitas, A.R.², Coutinho, L.L.³, Tambasco, A.J.², Tambasco, M.D.², Ferreira, E.J.⁴, Regitano, L.C.A.²
¹Depto. Genética e Evolução - UFSCar, São Carlos - SP; ²Embrapa-CPPSE, São Carlos-SP; ³Depto. Zootecnia-ESALQ, Piracicaba-SP, ⁴Embrapa-CNPq, São Carlos-SP.

A máxima heterose em bovinos é observada em cruzamentos que envolvem animais com elevada divergência genética, como os cruzamentos entre raças zebrinas e taurinas. O emprego de marcadores moleculares para identificar parentais mais divergentes a serem utilizados em cruzamentos, poderá contribuir para a redução do tempo despendido nestas avaliações. Com este objetivo foram analisadas 180 vacas da raça Nelore (Ne₍₁₋₁₈₀₎) e dois touros das raças Simental (Si₁ e Si₂), Angus (An₁ e An₂) e Canchim (Cn₁ e Cn₂), quanto aos marcadores microsatélites Texan15 e BM1224, e os polimorfismos de restrição do Hormônio de Crescimento (GH), K-caseína (CSN3) e β-lactoglobulina (LGB), amplificados pela técnica de PCR ("Polymerase Chain Reaction"). Os microsatélites Texan15 e BM1224 foram polimórficos em todas as raças analisadas. O marcador CSN3 se mostrou polimórfico nas raças Nelore e Angus, enquanto que o marcador LGB foi polimórfico nas raças Nelore, Angus e Simental. Quanto ao loco GH, não foi detectado polimorfismo nos animais da raça Nelore e Canchim, sendo todos homozigotos LL. Nas raças Angus e Simental foi verificada a presença do alelo V. A distância genética (DG) entre parentais foi obtida a partir do genótipo multilocus de cada animal. Além de dispensar os cálculos prévios das frequências gênicas dos alelos nas raças analisadas, este método permite a medida da DG entre animais da mesma raça. A distribuição das DG entre vacas e touros apresentou amplitude de 0,2 a 0,7, refletindo heterogeneidade dentro da raça Nelore. As médias de DG entre os parentais Ne₍₁₋₁₈₀₎ - An₁, Ne₍₁₋₁₈₀₎ - An₂, Ne₍₁₋₁₈₀₎ - Si₁, Ne₍₁₋₁₈₀₎ - Cn₁, Ne₍₁₋₁₈₀₎ - Cn₂ e Ne₍₁₋₁₈₀₎ - Si₂, foram 0,56; 0,48; 0,46; 0,43; 0,40 e 0,40; respectivamente, indicando, nesta ordem, os parentais mais divergentes quanto aos marcadores utilizados. Esta metodologia poderá ser útil na identificação de acasalamentos mais promissores quanto à características de produção.

Auxílio Financeiro: CAPES, Embrapa

UTILIZAÇÃO DA TÉCNICA DO "DNA fingerprinting" NA IDENTIFICAÇÃO DE SIMILARIDADE GENÉTICA EM AVES: Paulo Hellmeister Filho¹, Marco A. N. da Silva², Edmilson Martins³, Antonio A. D. Coelho³, Vicente J. M. Savino³, Geraldo A. Tosello³, Anete P. de Souza⁴, Laura M. Otoboni⁴ e Gilberto S. Schimidt⁴
¹Bolsista MS/FAPESP/FCAV-UNESP - Jaboticabal - SP; ²Bolsista IC/CNPq/ESALQ/USP - Piracicaba - SP; ³Depto. de Genética - ESALQ/USP - Piracicaba - SP; ⁴Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética - UNICAMP - Campinas - SP; ⁵Centro Nacional de Pesquisas com Suínos e Aves - EMBRAPA - Concórdia - SC.

As análises de polimorfismo de DNA, através da avaliação de fragmentos de restrição, vem se tornando uma importante ferramenta para a avaliação de diversidade genética. Para tanto utilizou-se a técnica do "DNA fingerprinting" que permitiu a obtenção de polimorfismos adequados, através dos quais foi possível a obtenção do nível de variabilidade genética existente entre indivíduos. Nas análises foram utilizados materiais genéticos de galinhas para corte oriundas de linhagens experimentais e linhagem comercial empregadas no Programa de Melhoramento Genético Avícola da ESALQ/USP. Os resultados do polimorfismo foram avaliados através da metodologia do "Band Sharing", que vem a ser a proporção de bandas em comum relativa ao total de bandas avaliadas na comparação entre dois indivíduos. Os valores de "Band Sharing" obtidos foram analisados no programa NTSYS - pc para a obtenção de dendograma que possibilitou uma melhor avaliação da similaridade entre os indivíduos. Através dos valores dos "Band Sharing" e dendograma calculados verificou-se que o grupo 8 foi o que apresentou o valor mais baixo de similaridade (BS = 0,29) e desta forma pretende-se utilizar esses indivíduos menos assemelhados nos cruzamentos para a obtenção das progênes híbridas no Programa de Melhoramento da ESALQ.

Auxílio Financeiro: FAPESP e CNPq