



# Identificação de QTL associados ao estresse calórico no cromossomo 1 de bovinos

Azevedo, ALS<sup>1</sup>; Belo, VA<sup>1</sup>; Machado, MA<sup>1</sup>; Pires, MFA<sup>1</sup>; Silva, MVGB<sup>1</sup>; Campos, AL<sup>1</sup>; Domingues, R; Teodoro, RL<sup>1</sup>; Freitas, C<sup>1</sup>; Verneque, RS<sup>1</sup>; Guimarães, MFM<sup>1</sup>; Guimarães, SEF<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG; <sup>2</sup>Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG  
luisasousa35@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** QTL, estresse calórico, BTA1

O estresse calórico, especialmente nas regiões tropicais, é uma importante fonte de perda econômica na pecuária bovina, tendo efeito adverso sobre a produção de leite, produção de carne, reprodução, mortalidade de bezerras e saúde do úbere. Diversas características são utilizadas para avaliar a resistência/suscetibilidade do animal em resposta às variações de temperatura, tais como: diferença da temperatura retal, diferença da temperatura da pele, diferença da taxa de movimentos respiratórios, taxa de sudação, comprimento do pêlo, densidade dos pêlos, espessura da capa e comprimento da capa. Sabe-se que existe uma grande variabilidade relacionada à resposta ao estresse calórico em diferentes raças, principalmente entre as raças Zebuínas e taurinas, sendo a primeira mais resistente às variações de temperatura. O objetivo desse trabalho foi mapear regiões genômicas no cromossomo 1, relacionadas à resistência ao estresse calórico em uma população F<sub>2</sub> de bovinos (Holandês x Gir). As coletas dos dados fenotípicos foram realizadas em duas etapas, fora e dentro da câmara climática, e em duas épocas do ano: inverno e verão. Oito marcadores microsatélites foram selecionados visando cobrir o cromossomo 1 com espaçamento médio de 20 cM. No total, 332 animais foram utilizados para as análises de associação entre os genótipos e as características fenotípicas. Foram incluídos no modelo como efeito fixo: tipo de pêlo, cor da pelagem e sexo do animal e como covariável: idade à contagem. O resultado das análises de associação realizadas pelo programa QTL Express, mostrou a existência de três QTL para as características avaliadas. No verão foram detectados dois QTL, sendo um para comprimento de pêlo, localizado a 76 cM ( $p < 0,01$ ) e outro para comprimento da capa, localizado a 93 cM ( $p < 0,05$ ). Os alelos responsáveis por esses QTL foram provenientes dos animais da raça Gir, ou seja, esses animais apresentam maior comprimento de pêlo e capa quando comparados aos animais holandeses. Para os dados coletados no inverno foi detectado um QTL ( $p < 0,05$ ) para diferença de temperatura da pele localizado a 129 cM sendo que os alelos que contribuíram para esse QTL são oriundos dos animais holandeses. A porcentagem da variação fenotípica explicada por esses QTL foi, respectivamente: 12,5%, 9,9% e 5,2%. Estudos adicionais, como a realização do mapeamento fino nas regiões identificadas, são necessários para a detecção de genes candidatos que poderão ser utilizados na seleção assistida por marcadores. Os demais cromossomos estão sendo analisados visando encontrar outras regiões relacionadas ao estresse térmico dentro do genoma bovino.

Apoio financeiro: FAPEMIG/CNPq/Embrapa Gado de Leite.

SP 3775  
P. 133

SP 3775  
P. 133