



PROCI. 2007.00173

Análise de associação entre marcadores moleculares no cromossomo 3 de ovinos e resistência aos nematódeos gastrintestinais

Gouveia, JJS¹; Santiago, AC³; Ibelli, AMG¹; Freitas, AR²; Oliveira, MCS²; Gigliotti, R³; Esteves, SN²; **Regitano, LCA²**

¹Programa de Pós Graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos (PPGEV/UFSCar), Bolsista CAPES

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa de Pecuária do Sudeste (EMBRAPA/ CPPSE)

³Centro Universitário Central Paulista (UNICEP)

jjsgouveia@gmail.com

Palavras-chave: ovinos, nematódeos gastrintestinais, marcadores moleculares

A ovinocultura brasileira tem experimentado considerável crescimento nos últimos anos (cerca de 17% entre 2003 e 2006). Porém, apresenta números pouco significativos quando comparado ao cenário mundial. Uma das principais causas de prejuízos desta exploração é a infecção por nematódeos gastrintestinais. Em razão disso, a descoberta de marcadores moleculares para resistência a endoparasitas em ovinos tem recebido grande atenção por parte dos pesquisadores, e diversos estudos vêm sendo conduzidos em várias partes do mundo e com diversas raças. No Brasil, entretanto, estes estudos são insipientes. O objetivo deste trabalho foi verificar associação entre marcadores tipo microsatélite do cromossomo três de ovinos e a resistência aos nematódeos gastrintestinais. Foram utilizados 218 ovinos de três grupos genéticos (Santa Inês X Santa Inês; Dorper X Santa Inês e Suffolk X Santa Inês), dos quais foram coletadas fezes mensalmente, de maio a agosto de 2006, e realizadas contagens do número de ovos por grama de fezes (OPG). Os animais foram genotipados para os marcadores microsatélites BP1 (171,1cM), BL4 (207,7cM) e BMS1617 (214,1cM). Os dados de OPG foram submetidos à transformação $\log_{10}(OPG + 1)$ e analisados estatisticamente pelo procedimento MXED do SAS, segundo o modelo: $y_{ijklmn} = \mu + gg_i + s_j + a_k + g_l + \epsilon_{m(ijk)} + c_n + (ggxc)_{in} + (sxc)_{jn} + (axc)_{kn} + \epsilon_{ijklmn}$, em que y_{ijklmn} é a contagem de OPG na coleta n do animal m no marcador l do ano k do sexo j e do grupo genético i; μ é a média global, gg_i , s_j , a_k e g_l indicam, respectivamente, o efeito fixo do grupo genético, sexo, ano de nascimento e marcador; $ggxc$, sxc e axc são os efeitos de interação e ϵ_{ijklmn} é o erro aleatório que reflete as variações dos dados de OPG no animal. Para o BP1 foi analisada também a interação marcador x sexo. Para os três marcadores houve significância ($P < 0,05$) entre coleta e interação ano x coleta. Analisando-se dentro de cada marcador, houve significância ($P < 0,0213$) entre os genótipos (7) de BP1. Estes genótipos, em ordem decrescente de média e respectivas significâncias pelo teste de Tukey (letras diferentes indicam significância) foram: 285289, 285285, 289289, 291291, 289291, 285291, 287291; $2,94a \pm 0,29$, $2,88ab \pm 0,46$, $2,71ab \pm 0,25$, $2,52abc \pm 0,12$, $2,51abc \pm 0,15$, $2,00d \pm 0,18$ e $1,54cd \pm 0,58$. Não observou-se significância ($P > 0,2526$) entre os genótipos (33) do BL4 e também entre os genótipos (6) do BMS1617 ($P > 0,6770$). Outros autores, trabalhando com diversas raças, já observaram a associação de marcadores localizados nesta região do cromossomo 3, e tem-se sugerido o gene do interferon gama como sendo um possível gene candidato.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, EMBRAPA.

