

## ESTIMATIVA DA PROPORÇÃO DE GENES IDÊNTICOS POR DESCENDÊNCIA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS PARA MAPEAR QTL

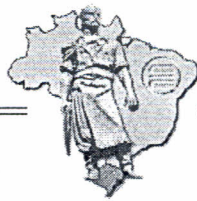
MARIO LUIZ MARTINEZ<sup>1</sup>, NATASCHA VUKASINOVIC<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Pesquisador da Embrapa Gado de Leite - CNPGL - 36038-330 - Juiz de Fora - MG

<sup>2</sup> Swiss Federal Institute of Technology, Clausiusstr. 50, 8092 Zurich, Switzerland.

**RESUMO:** O desenvolvimento de mapas de ligações tem estimulado a procura por métodos que permitam mapear genes responsáveis por variação em locus de características quantitativas (QTL). O método de pares de irmãos baseado na relação entre genes idênticos por descendência (IBD) tem sido utilizado para mapear QTL. O objetivo deste trabalho foi estender o método de pares de irmãos (HASEMAN e ELSTON, 1972) para se estimar a proporção ( $p$ ) de genes IBD em famílias de meio-irmãos. Os resultados obtidos sugerem que os procedimentos utilizados foram eficientes para se estimar  $p$ , mesmo quando os genótipos dos pais foram parcial ou totalmente desconhecidos.

**PALAVRAS-CHAVE:** genes idênticos por descendência, meio-irmãos, QTL



## CARACTERIZAÇÃO DA RAÇA NELORE COM BASE EM SEIS MARCADORES MOLECULARES

DANIELLA D. TAMBASCO<sup>1</sup>, MAURÍCIO M. DE ALENCAR<sup>2</sup>, LUIZ L. COUTINHO<sup>3</sup>, ANTONIO J. TAMBASCO<sup>2</sup>, MARINA D. TAMBASCO<sup>1</sup>, LUCIANA C. A. REGITANO<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Genética e Evolução - UFSCar, São Carlos, SP

<sup>2</sup> Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, Caixa Postal 339, CEP: 13560-970, São Carlos, SP

<sup>3</sup> Departamento de Zootecnia - ESALQ/ USP, Piracicaba, SP

**RESUMO:** No presente trabalho, 180 fêmeas da raça Nelore, provenientes de 8 rebanhos, foram analisadas quanto aos marcadores microssatélites TEXAN15, BMI224 e CSFM50 e quanto aos polimorfismos de fragmentos de restrição (RFLP) nos locos k-caseína, b-lactoglobulina e hormônio de crescimento (GH). Com exceção de GH, todos os marcadores foram polimórficos na amostra estudada. Os valores de heterozigosidade, diversidade gênica, conteúdo de informação polimórfica (PIC) e probabilidade de exclusão de paternidade (PE) foram estimados. Os maiores valores de PIC (0,685) e PE (0,521) foram obtidos para o marcador BMI224.

**PALAVRAS-CHAVE:** bovino, DNA, marcador, microssatélite, Nelore, RFLP

PROCI-1999.00042

1999

SP-1999.00042