

Gasparin, G¹; Miyata, M¹; Coutinho, LL²; Martinez, ML³; Machado, MA³; Barbosa, MVGB³; Campos, AL³; Regitano, LCA⁴¹Programa de Pós Graduação em Genética e Evolução – UFSCar ; ²ESALQ – USP ; ³Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora/MG;⁴Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos/SP.

Mapa de ligação do cromossomo 7 (BTA7) de bovinos mestiços provenientes de cruzamento Holandês x Gir

Mapas genéticos baseados em marcadores microssatélites são ferramentas essenciais para o mapeamento de características de interesse, sejam elas monogênicas ou poligênicas, pois os microssatélites são excelentes marcadores genéticos devido ao alto grau de polimorfismo e abundante distribuição no genoma. Os mapas de ligação também são incorporados em metodologias de clonagem posicional para possibilitar a identificação de genes responsáveis por doenças hereditárias, e mesmo características quantitativas economicamente importantes em rebanhos comerciais (do inglês *QTL - Quantitative Trait Loci*). Baseando-se em um mapa, é possível saber a localização correta de um QTL, a partir dos genótipos marcadores adjacentes à esse QTL. No presente trabalho, foram utilizados cerca de 400 animais F₂, provenientes de cruzamentos entre touros parentais da raça Holandesa e fêmeas da raça Gir. Amostras de DNA desses animais foram utilizadas para determinação dos genótipos de oito marcadores microssatélites, distribuídos ao longo do cromossomo 7 com intervalo aproximado de cerca de 20 cM entre eles. Os marcadores foram escolhidos em função de sua posição no cromossomo, utilizando como referência o mapa do USDA (www.marc.usda.gov/genome), heterozigosidade dos machos F1, e disponibilidade do marcador no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Pecuária Sudeste. Os produtos das ampliações foram analisados em um seqüenciador automático ABI 3100 Avant (*Applied Biosystems*), e a determinação do tamanho dos alelos foi realizada através dos softwares *GeneScan 3.71* e *Genotyper 3.7*. Após a montagem dos heredogramas de cada família, os dados obtidos foram utilizados para a criação do mapa de ligação do cromossomo 7, através da função *build* do software CRIMAP (Green *et al.*, 1990). Como padrão de qualidade na montagem do mapa, foi utilizado um LOD score de 3.0. Os marcadores foram ordenados na seguinte seqüência: BM7160 - BM2607 - BOBT24 - IL4 - BM6117 - INRA192 - BM9065 - ILSTS006, com as respectivas distâncias de 32.9 - 15.8 - 0.8 - 43.6 - 29.5 - 33 - 43.4 cM entre os marcadores. O resultado foi um mapa de ligação no qual os marcadores estão em posições equivalentes em relação ao mapa utilizado como referência, porém com diferenças quanto às distâncias entre os marcadores. O comprimento total do mapa de ligação obtido para a população em estudo (Embrapa) foi de 199 cM, superior ao do mapa de referência (116 cM), e com distância média entre marcadores de 28.4 cM. Isso pode ter ocorrido devido às diferentes quantidades de meioses informativas dos marcadores entre a população avaliada e a população experimental que originou o mapa de referência. Para conseguirmos um mapa mais preciso, seria necessário aumentar o número de marcadores, a fim de cobrir os intervalos maiores que 20 cM, uma vez que a obtenção de mais indivíduos seria muito mais onerosa e demorada. ■

Apoio financeiro: Embrapa e CNPq.