



Varredura dos cromossomos 24 e 29 em uma população F2 de bovinos (Gir x Holandês) no mapeamento de QTL para resistência a parasitas e características de crescimento

Cervini, M¹; Machado, MA²; Verneque, RS³; Teodoro, RL³; Campos, AL³; Regitano, LCA²

¹Universidade Federal de São Carlos

²Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil

³Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil

marcelo_cervini@yahoo.com.br

Palavras-chave: QTL, carrapato, mapeamento, bovino, melhoramento

A utilização de metodologias moleculares no melhoramento animal apresenta grande potencial para incrementar o ganho na seleção de várias características de valor comercial no rebanho mundial. Esse conhecimento pode ser aplicado, tanto no manejo adequado de cruzamentos de animais quanto na seleção. A identificação de regiões do DNA que controlam uma parte da variação de características quantitativas (QTL, Quantitative Trait Loci) que possuam interesse econômico é uma etapa importante para o desenvolvimento de estratégias de seleção assistida por marcadores. Dentre esses fenótipos de variação quantitativa, podemos apontar: características de crescimento, medidas por meio do peso corporal, e a resistência à parasitas, como o carrapato (*Rhipicephalus (Boophilus) microplus*), o qual é responsável, direta ou indiretamente, por perdas anuais que giram em torno de 1 bilhão de dólares só no Brasil. A identificação de QTLs para características de crescimento e resistência ao carrapato poderá auxiliar em estudos posteriores de identificação de marcadores moleculares em gene(s) específico(s), os quais poderão ser informativos na identificação de animais com maior valor genético para essas características. Dessa forma, esse trabalho tem como objetivo mapear QTLs para características de crescimento e resistência a carrapatos nos cromossomos 24 e 29, utilizando marcadores do tipo microssatélites em uma população F2 Gir x Holandês. Os valores fenotípicos de contagem de carrapato e medidas de peso ao nascimento, peso a desmama, peso aos 180 dias e peso aos 365 dias foram coletados em 370 animais F2. Os genótipos para 12 marcadores, cobrindo os cromossomos 24 e 29, foram determinados para as três gerações. O mapeamento de possíveis QTLs está sendo realizado por análise de intervalos com o auxílio dos softwares CRI-MAP e QTL Express.

Apoio financeiro: Prodetab Embrapa.