

Certificação Genealógica em animais do Programa Nacional de Melhoramento de Gir Leiteiro por meio de exames de DNA

Pinto^{1,2}, ISB; Gasparini, K¹; Cestaro, LS¹; Domingues, R¹; Azevedo, ALS¹; Campos, MGCD; Verneque, RS¹; Euclydes, RF²; Machado, MA¹.

¹ Laboratório de Genética Molecular - Embrapa Gado de Leite

² Departamento de Zootecnia - Universidade Federal de Viçosa
isabellajf@hotmail.com

Palavras-chave: marcadores, microssatélites, paternidade, PCR multiplex

A Embrapa Gado de Leite vem desenvolvendo há 23 anos o Programa Nacional de Melhoramento de Gir Leiteiro - PNMGIL - que tem como objetivo promover o melhoramento genético da raça Gir por meio da seleção de touros geneticamente superiores. O Programa utiliza informações das progênes dos touros em teste, sendo importante a precisa informação de paternidade, uma vez que erros de identificação de filiação podem afetar o ganho genético. O objetivo deste trabalho foi utilizar marcadores moleculares para verificar a genealogia dos animais pertencentes ao PNMGIL. Para isso foram coletadas amostras de sangue de 303 filhas de 55 touros diferentes em 75 fazendas, sendo 14 fazendas de Gir puro e 61 de mestiços - Gir x Holandês. Foram analisados 11 marcadores pertencentes ao Kit StockMarks for Cattle* Bovine Paternity PCR Typing recomendados pela ISAG. Os produtos de PCR foram analisados no seqüenciador de DNA Megabace 1000, a análise dos fragmentos foi feita no software Fragment Profiler e os valores de heterozigosidade esperada e observada, frequência alélica e número de alelos foram calculados com o aplicativo POPGENE 1.32. Os valores de PIC foram calculados no programa PowerStats v1.2. O marcador que apresentou o maior número de alelos foi o ETH3 com 19 alelos e os marcadores com menor número foram BM1824 e TGLA126, com 10 alelos cada um. As médias da heterozigosidade esperada e observada dos marcadores foram de 0.7423 e de 0.6559, respectivamente. O valor médio de PIC para todos os marcadores foi de 0,61, variando de 0,59 (ETH3) a 0,8 (INRA23 e TGLA122), valores que demonstram o alto índice de polimorfismos dos marcadores. A exclusão de paternidade foi considerada quando dois ou mais marcadores não foram compartilhados entre pai e filha. Foi encontrado um total de 20% de erros de paternidade em todos os casos analisados. Erros de 18% e 20% foram encontrados nas fazendas de gado puro e mestiços, respectivamente. Analisando o percentual de erros por touros foi encontrado que 49% dos touros apresentaram de 0-20 % de erros, 29% tiveram de 20-40% e 21% dos touros apresentaram de 40-60% de erros de genealogia. Os 11 marcadores utilizados demonstraram eficiência para verificação de paternidade, no entanto mais marcadores ainda estão sendo testados para aumentar a confiabilidade dos testes. A correta informação de pedigree é importante para o sucesso de um programa de melhoramento.

Apoio Financeiro: Capes, Embrapa