

NOME DO PRIMEIRO AUTOR**CAMILA DE OLIVEIRA FREITAS MACHADO**

5^a Jornada Científica da Embrapa Gado de Corte
21 a 23 de outubro de 2009

Campo Grande - MS

TÍTULO**IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS RELACIONADOS À RESISTÊNCIA/SUSCEPTIBILIDADE A ENDOPARASITAS EM BOVINOS DA RAÇA NELORE****AUTORES**

MACHADO, C. O. F. (1)*; SIQUEIRA, F. (2); ARAÚJO, F. R. (2); SILVA, L. O. C. (2); CATTO, J. B. (2); BIANCHIN, I. (2); GUIMARÃES, M. F. M. (3); REGITANO, L. C. A. (4)

CHAMADA DE RODAPÉ

(1) Acadêmica de Ciências Biológicas da UFMS, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Gado de Corte, camila_ofm@cnpqc.embrapa.br. (2) Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. (3) Pesquisadora da Embrapa Gado de Leite. (4) Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste.

RESUMO

A identificação de genes responsáveis pela variação fenotípica de características de interesse econômico em bovinos de corte é um passo importante para o desenvolvimento de métodos auxiliares para a seleção de genótipos superiores. A aplicação de métodos que permitam o perfilamento de expressão gênica em larga escala, como os *microarrays*, nos quais a expressão de milhares de genes pode ser simultaneamente analisada, é uma estratégia que independe de pressuposições na escolha dos genes e gera uma infinidade de dados que podem ser analisados sob diferentes aspectos (vias metabólicas, processos fisiológicos, homologia de sequências e interações não alélicas). Neste contexto, os objetivos deste trabalho foram: identificar genes e genótipos de animais da raça Nelore que apresentam maior resistência genética à ação de endoparasitas e possibilitar a seleção de animais com maior potencial genético para a característica mencionada. Para isso, foram utilizados animais provenientes do rebanho PO da Embrapa Gado de Corte, e não submetidos a tratamento anti-helmíntico. Os animais Nelore mais resistentes e os mais susceptíveis, foram identificados por contagem do número de ovos de helmintos por grama de fezes (OPG) e, seis bezerros entre os mais susceptíveis e seis entre os mais resistentes foram necropsiados. Foram coletadas amostras de tecido do abomaso, intestino delgado, intestino grosso e linfonodos mesentéricos para extração de RNA total e realização dos experimentos com *microarrays*. Os RNAs já foram obtidos e deverão ser enviados no mês de outubro de 2009 para as análises de hibridização na empresa contratada para este fim. Em seguida, os genes diferencialmente expressos serão validados pela metodologia de PCR em Tempo Real. Os resultados obtidos neste projeto poderão contribuir para o conhecimento dos mecanismos de imunidade de bovinos, do número de genes envolvidos nesta característica e dos processos reguladores que interagem na expressão genética durante a infecção.

PARCERIA/APOIO FINANCEIRO

Projeto financiado pela Embrapa e CNPq

* autor correspondente