

Mapeamento fino de QTL associado à resistência ao carrapato bovino no cromossomo 2

Gasparini, K¹; Bernardo, KB¹; Azevedo, ALS¹; Verneque, RS¹; Peixoto, MGCD¹; Silva, MVGB.¹; Machado, MA¹.

¹Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG.
machado@cnpqgl.embrapa.br

Palavras-chave: *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*, marcadores moleculares, BTA2, Gir, Holandês

Nas regiões tropicais, a alta incidência do carrapato bovino *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* causa grande impacto, reduzindo a produção, afetando características reprodutivas e deixando os animais mais suscetíveis a outras infecções. A identificação de regiões genômicas e de marcadores de DNA ligados a resistência ao carrapato poderá ser uma excelente estratégia para selecionar os animais mais resistentes. Com o mapeamento de QTL e a identificação de genes que afetam a resistência ao carrapato, a seleção assistida por marcadores (MAS) poderá ser usada em programas de melhoramento. Estudos anteriores realizados pelo nosso grupo detectaram a presença de QTL para resistência ao carrapato em uma população F2 Gir x Holandês. Contudo esse QTL foi detectado com uma resolução moderada, pois a distância entre os marcadores era relativamente grande. O intervalo de confiança para a maioria dos QTL detectados é de 20 a 30 cM, contudo a identificação de genes candidatos requer que o QTL seja mapeado em um intervalo menor, sendo necessário refinar a região onde o mesmo foi detectado. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi saturar a região onde foi identificado um QTL associado à resistência ao carrapato bovino no cromossomo dois. Quatro novos marcadores microssatélites foram adicionados ao BTA 2. Amostras de sangue foram coletadas de 480 animais experimentais, incluindo parentais, F1 e F2 e submetidas à extração de DNA. Os produtos de PCR foram detectados utilizando o seqüenciador automático de DNA MegaBACE 1000 e as análises estatísticas foram feitas utilizando do software GridQTL. Novas análises de associação foram realizadas após a adição dos novos marcadores confirmando a presença de um QTL na estação seca. O intervalo de confiança no BTA 2 sofreu redução de 22 para 13 cM. A variação fenotípica explicada por esse QTL é de 4.17% e o efeito aditivo encontrado não foi significativo, indicando que esse QTL tem efeito dominante. A adição de marcadores e a diminuição do intervalo de confiança é um importante passo para identificação de genes candidatos que futuramente poderão ser utilizados em programas de melhoramento. Apoio financeiro: Fapemig, CNPq, Embrapa

SP
4950
P.158

75 R.A.