

Mapas de ligação de três cromossomos bovinos (5, 7 e 14) utilizando marcadores microssatélites

Gustavo Gasparin¹, Marcelo Miyata², Luciana C.A. Regitano³

¹ Programa de Pós-graduação em Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos, bolsista CNPq; ² Programa de Pós-graduação da Faculdade de Ciências Farmacêuticas, UNESP – Araraquara; ³ Embrapa Pecuária Sudeste

Muito do atual progresso na identificação de genes associados à susceptibilidade a doenças em humanos e camundongos é devido ao sequenciamento do genoma dessas espécies. Em organismos cujo genoma ainda não foi sequenciado, o uso de mapas de ligação fornece uma boa fonte de informação para o mapeamento e a localização de genes, a partir do momento em que podem ser comparados com os mapas de outras espécies, buscando homologies entre eles. Isso é muito importante para a pecuária, pois o material genético da maioria dos animais domésticos ainda não foi completamente analisado. Em bovinos, a construção de mapas de ligação é um passo primordial na busca de QTL (do inglês *Quantitative Trait Loci*, ou locos de características quantitativas) responsáveis por pelo menos uma parte da variação genética observada para os mais variados fenótipos, desde características de carcaça até resistência à parasitas.

A partir do cruzamento de parentais da raça holandesa e Gir foi formada uma das únicas populações experimentais bovinas em delineamento F₂ do mundo, utilizamos 23 marcadores microssatélites para montar o mapa de ligação dos cromossomos 5, 7 e 14. Os microssatélites são pequenas regiões de DNA repetitivo distribuídos abundantemente ao longo de todo o genoma dos eucariotos, além de serem extremamente polimórficos e de fácil identificação nos indivíduos. Após a identificação genotípica dos animais para os microssatélites, utilizamos o software *CRI-MAP*, o qual transforma a frequência de recombinação entre os marcadores em distância genética, a partir de uma função matemática (função de Kosambi). Em relação aos mapas utilizados como referência, verificamos em nossa população que todos os cromossomos ficaram maiores do que o observado nesses outros mapas, além de termos identificado uma inversão entre dois marcadores adjacentes no cromossomo 5. As explicações para esses resultados recaem sobre o pequeno número de indivíduos analisados (cerca de 600 animais no total), o que faz com que tenham menos recombinações informativas na população, e também do baixo número de marcadores utilizados por cromossomo (média de apenas oito por cromossomo). A construção desses mapas para essa população já possibilitou o mapeamento de QTL para características como peso ao nascimento e resistência ao carrapato *Boophilus microplus* e à berne. Porém, o uso de mais marcadores microssatélites na população muito provavelmente tornaria as estimativas de distância mais precisas, diminuindo o tamanho final dos cromossomos e aumentando a acurácia na identificação de QTL e genes candidatos.