

Rodrigues, TO¹; Baccaglioni, M²; Machado, MBB³; Alencar, MM⁴; Regitano, LCA⁴¹Centro Universitário de Araraquara – UNIARA, CNPq-PIBIC; ²Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – USP Pirassununga;³Mestre pelo Programa da Pós Graduação em Genética e Evolução – UFSCar; ⁴Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos/SP - CNPq

Marcadores moleculares aplicados ao programa de melhoramento de bovinos da raça Canchim

Com o intuito de obter um rebanho mais produtivo e resistente o Médico Veterinário e Zootecnista Dr. Antônio Teixeira Vianna, por meio de cruzamento entre a raças, criou a raça Canchim, sendo constituída inicialmente por aproximadamente 5/8 de alelos de Charolês e 3/8 de alelos de Zebu. Atualmente linhagens distintas da raça Canchim são mantidas na Embrapa Pecuária Sudeste em São Carlos. Uma das linhagens analisadas neste trabalho é constituída por animais Canchim formados pelo cruzamento chamado “cruzamento clássico”, entre animais Charolês e exemplares de diferentes raças zebuínas. A outra linhagem, desenvolvida a partir de 1986, é composta por animais provenientes do cruzamento entre Charolês, Nelore e Canchim selecionados, sendo os animais Canchim pertencentes a esta linhagem também chamados “Canchim MA”. A composição genética dos animais oriundos do “cruzamento clássico”, pertencentes a linhagem antiga (G1), é de 62,5% de alelos Charolês e 37,5% de alelos zebuínos, enquanto os da linhagem atual (G2) apresentam 65,7% de Charolês e 34,3% de Nelore. Tem se usado marcadores do tipo microsatélite para detecção de QTLs (*Quantitative trait loci*) devido à sua alta taxa de polimorfismo, à grande quantidade existente e por serem amplamente distribuídos no genoma, sendo apropriados para estudos de caracterização populacional, verificação de parentesco e QTLs. Em trabalhos realizados anteriormente foram encontrados dois QTLs no cromossomo 5 (BTA 5) afetando o peso dos animais da população G2. Para este trabalho os marcadores selecionados foram BMS1617 e BM490, que segundo o mapa utilizado como referência (www.marc.usda.gov/genome) estariam próximos ao gene IGF-1 e que expandiam o intervalo onde os QTLs haviam sido mapeados em direção ao centrômero. Foram analisados 624 animais pertencentes a 20 famílias das duas linhagens existentes na Embrapa Pecuária Sudeste. Amostras de DNA genômico foram amplificadas pela técnica de PCR (*Polymerase Chain Reaction*) e analisadas em sequenciador automático ABI PRISM® 3100-Avant. Os dados fenotípicos (peso ao nascimento, peso a desmama, peso aos doze meses, valor genético do peso ao nascimento, valor genético do peso a desmama e valor genético do peso aos doze meses) e dados de seis marcadores foram utilizados em análise de mapeamento por intervalo para múltiplos marcadores com o software QTL Express. No mapeamento de QTL, embora os valores do teste F fossem significativos apenas a 10%, houve indícios de um QTL na mesma localização encontrado anteriormente por Machado et al., (2003) para peso ao nascimento, a 9,9 cM do gene IGF-1 (73 cM), e a 13cM do gene IGF-1 para valor genético de peso aos 12 meses na população G2. Esses resultados sugerem que a inclusão de novos marcadores para estreitar um intervalo de QTL deve ser acompanhada do aumento de tamanho amostral a fim de manter o poder de detecção. ■

Apoio financeiro: Embrapa e CNPq