



marcelo\_miyatabr@yahoo.com.br

Palavras-chave: BTA14, bovinos, marcadores moleculares

Miyata, M<sup>1</sup>; Gasparin, G<sup>1</sup>; Coutinho, LL<sup>2</sup>; Martinez, ML<sup>3</sup>; Machado, MA<sup>3</sup>; Silva, MVGB<sup>3</sup>; Campos, AL<sup>3</sup>; Sonstegard, TS<sup>4</sup>; Regitano, LCA<sup>5</sup>  
<sup>1</sup>Programa de Pós Graduação em Genética e Evolução – UFSCar ; <sup>2</sup>ESALQ – USP ; <sup>3</sup>Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora/MG ; <sup>4</sup>Beltsville Agriculture Research Center – ARS – USA; <sup>5</sup>Embrapa Pecuária Sudeste – São Carlos/SP.

## Caracterização genética de uma população experimental F2 usando marcadores moleculares no cromossomo 14 (BTA14) de bovinos

No presente trabalho foi usada uma população experimental resultante do cruzamento de 28 fêmeas da raça Gir com quatro touros da raça Holandesa, resultando em 150 animais F1, que posteriormente foram acasalados entre si, totalizando 382 animais F2. As amostras de DNA dos animais foram extraídas a partir do sangue e do sêmen, e os dados genotípicos foram obtidos através do seqüenciador ABI Prism 3100 Avant (Applied Biosystems). As análises das frequências alélicas dos marcadores moleculares (CSSM066, ILSTS011, BMC1207, BMS2055, BL1036, BMS740 e BMS1899) foram realizadas através do software Cervus v.2.0 (Marshall *et al.*, 1998), onde foi calculado o número de alelos dos marcadores, com um total de 46 alelos nos sete loci estudados, com média de 6,57 alelos por locus. Dos sete loci, apenas dois estavam em equilíbrio de Hardy-Weinberg, possivelmente devido às duas populações parentais possuírem frequências alélicas semelhantes, o que permitiria a manutenção do equilíbrio mesmo após o cruzamento. A heterozigosidade esperada é definida como a probabilidade de um indivíduo ser heterozigoto para o locus em uma população. Para um marcador genético, um locus com heterozigosidade maior do que 70% é comumente considerado um marcador altamente polimórfico (Ott, 1992). As maiores e menores heterozigosidades esperadas foram dos marcadores CSSM066 e ILSTS011, com valores de 0,864 e 0,668, respectivamente, com média de heterozigosidade de 0,765, indicando que, os marcadores utilizados neste trabalho são altamente polimórficos. O valor do PIC (conteúdo de informação de polimorfismo), que é comumente usado como uma medida do polimorfismo para um locus marcador na análise de ligação, foi calculado para cada marcador, obtendo-se nos marcadores CSSM066 e ILSTS011, os valores 0,847 e 0,594, respectivamente. A média dos valores de PIC na população foi de 0,726. O maior e o menor valor de PIC correspondem ao maior e menor valor de heterozigosidade esperada, refletindo o número de alelos de cada marcador. Trabalhos futuros complementares incluem a construção de um mapa de ligação para estes marcadores e a comparação com um mapa consenso. ■

Apoio financeiro: Embrapa e CNPq.