

ASSOCIAÇÃO DE POLIMORFISMOS DE GENES CANDIDATOS COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM CRUZAMENTOS *Bos taurus* X *Bos indicus*. Tambasco DD<sup>1</sup>, Paz CCP<sup>2</sup> Tambasco MD<sup>1</sup>, Pozzi A<sup>1</sup>, Alencar MM<sup>3</sup>, Freitas AR<sup>3</sup>, Coutinho LL<sup>4</sup>, Packer IU<sup>4</sup>, Regitano LCA<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Depto. Genética e Evolução - UFSCar, São Carlos - SP; <sup>2</sup>Instituto de Zootecnia-SP, <sup>3</sup>Embrapa-CPPSE, São Carlos-SP, <sup>4</sup>Departamento de Produção Animal - ESALQ, Piracicaba, SP. [ftalhari@terra.com.br](mailto:ftalhari@terra.com.br)

O melhoramento genético de bovinos vem sendo realizado pela seleção de animais de fenótipo superior ou de maior mérito genético aditivo provável para características de produção. Técnicas de biologia molecular estão tornando viáveis a identificação de genótipos de locos específicos do genoma e de suas variações. Uma vez estabelecidas associações entre genótipos específicos e características de importância econômica, o melhoramento de rebanhos poderá ser acelerado pela seleção assistida por marcadores. O objetivo desse trabalho é estudar o efeito de três polimorfismos de DNA sobre características de crescimento em animais oriundos de cruzamentos entre raças taurinas e zebuínas. Foram utilizados 70 animais F<sub>1</sub> resultantes de cruzamentos entre vacas Nelore e touros Aberdeen Angus, Canchim e Simental, totalizando 211 animais. Os polimorfismos utilizados foram K-caseína-*HinfI* (CSN3), B-lactoglobulina-*HaeIII* (LGB) e hormônio de crescimento-*AluI* (GH), pois são genes candidatos à associação com traços quantitativos de interesse. O DNA dos animais foi obtido a partir de leucócitos de sangue periférico, e a identificação dos genótipos foi realizada pela técnica de RFLP-PCR. Todos os locos apresentaram-se polimórficos. Para a análise de variância foram utilizados como variáveis dependentes o ganho de peso do nascimento ao desmame (GPDM) e do desmame à um ano de idade (GPDM365). O modelo de análise incluiu, além do efeito dos genótipos (GH e LGB), os efeitos de grupo genético (GG), touro dentro de grupo genético (T(GG)) e grupo contemporâneo (GC), como efeitos fixos, usando o PROC GLM (SAS). Para GPDM, observou-se efeito significativo de GH ( $p < 0,05$ ), tendo sido LL o genótipo mais favorável. O efeito do loco LGB foi observado apenas quando da interação com GH ( $p < 0,05$ ). Quando o genótipo GH foi LL, observou-se diferença ( $p < 0,05$ ) entre heterozigotos e homozigotos BB para LGB. No entanto, quando o genótipo de GH foi LV, o efeito de LGB foi não significativo ( $p < 0,05$ ) para GPDM. Foi verificado também efeito significativo do loco GH sobre a característica GPDM365, e efeito significativo de LGB quando em interação com GH ( $p < 0,05$ ). Opostamente à GPDM, o genótipo mais favorável de GH para GPDM365 foi o LV. Não se verificou efeito significativo do loco CSN3 sobre as características consideradas. As interações GHxGG e LGBxGG não foram significativas. Este estudo demonstra a necessidade de investigação mais detalhada sobre associações entre marcadores e características de interesse econômico, o que propiciará a seleção assistida por marcadores. Ao analisar os efeitos de locos específicos isoladamente, é possível que parte considerável do efeito devido à interação dos mesmos com características de produção não esteja sendo considerada. Os resultados sugerem a investigação do efeito da interação dos locos sobre a produção, o que não é normalmente considerado nas análises. Auxílio Financeiro: FAPESP, Embrapa