

ANÁLISE DE QTL'S CORRELACIONADOS À PRODUÇÃO DE LEITE EM BÚFALOS (*Bubalus bubalis*)

SILVA, Caio Santos¹; COSTA, Maria Rosa²

A inserção da análise de QTL's (Quantitative Trait Loci) no programa de melhoramento genético de búfalos (*Bubalus bubalis*) desenvolvido pela Embrapa Amazônia Oriental é de suma importância considerando-se que as características de interesse econômico são, na maior parte, características quantitativas e estão sob controle de vários genes e existem poucos trabalhos nesta área com bubalinos. Desta forma, o trabalho objetiva analisar esta correlação através de sequenciamento de DNA e análise de microssatélites em animais pré-selecionados como bons produtores de leite. Serão avaliados, por meio da biologia molecular, animais avaliados que se destaquem nas características produtivas e aqueles abaixo da média, com base nas informações fenotípicas e de parâmetros genéticos (herdabilidades, repetibilidades, DEPs, PTAs, etc), partindo-se de um número em torno de 100 animais, representativos de todos os locais trabalhados, envolvendo famílias de meios-irmãos, oriundas de, aproximadamente, 10 reprodutores, com mais de 15 filhos por touros. Após a extração, o DNA será quantificado em gel de agarose 1% e será utilizada a técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) para a amplificação dos genes candidatos, utilizando diferentes *primers* de acordo com o gene a ser avaliado, ou seja: DGAT1 (Winter et al., 2002), GH - hormônio de crescimento (Yerle et al., 1993), Leptina (Salman et al., 2005). Os polimorfismos já detectados para a espécie bovina serão testados na espécie bubalina (PCR e RFLP) em animais de acordo como foi descrito acima. Pelo menos cinco indivíduos considerados polimórficos, de acordo com o gene amplificado, serão seqüenciados de forma a validar os polimorfismos e prospecção de novos SNPs nas regiões amplificadas. A correlação do efeito dos polimorfismos obtidos com os caracteres escolhidos será de acordo com os dados de produção. Os controles serão indivíduos polimórficos da espécie bovina. Com o objetivo de verificar a existência de indivíduos que possuam polimorfismos ainda não descritos na literatura, serão também procurados polimorfismos nos genes amplificados através de SSPC (*Single Strand Conformation Polymorphism*). As informações obtidas serão repassadas aos melhoristas de búfalos de forma a incrementar o programa de melhoramento genético.

¹ PIBIC/CNPq/EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL

Ciências Biológicas 6º semestre – UFPA e Agronomia 1º semestre – UFRA

² Pesquisadora DSc. Genética e Biologia Molecular – EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL

VI Seminário de Iniciação Científica da UFRA e XII Seminário de Iniciação Científica da Embrapa Amazônia Oriental/2008.