

FREQUÊNCIA DE MARCADORES MOLECULARES RELACIONADOS À PRODUÇÃO DE LEITE EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO

Raiany Soares de Paula¹, Juliana Moraes Dias¹, Thais Miranda Silva Freitas²,
Adriana Santana do Carmo¹, Cintia Minafra¹, Maria Clorinda Soares Fioravanti¹

¹Universidade Federal de Goiás, ²Universidade Estadual de Goiás. E-mail do autor apresentador: julianadias@ufg.br

A utilização de ferramentas moleculares para seleção e melhora do desempenho produtivo já é uma realidade em rebanhos comerciais. Transpor esta ferramenta para raças bovinas localmente adaptadas como Curraleiro Pé-Duro (CPD) é uma estratégia que pode auxiliar os programas de conservação genética. Pois apresenta geneticamente aos produtores a potencialidade e capacidade da raça, o que possibilita agregar valor aos produtos, não apenas pelo contexto histórico da raça, mas também pelo potencial de qualidade. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a frequência de marcadores moleculares relacionados à produção de leite em bovinos CPD para embasar geneticamente os programas de melhoramento genético e conservação da raça. Foram avaliados 625 animais de duas propriedades (Rebanho 1 – R1 e Rebanho 2 - R2) localizadas em Goiás, submetidos ao mesmo sistema de manejo. O DNA extraído foi enviado para genotipagem dos polimorfismos de sítio único (SNP) em um laboratório terceirizado. Os marcadores utilizados fazem parte do painel que avalia as regiões de codificação dos genes relacionados a produção, qualidade e composição do leite: Kappa-caseína (CSN3), Leptina (LEP), Diacilglicerol O-aciltransferase 1 (DGAT1) e Coativador 1 alpha - Receptor Gama Ativado por Proliferador de Peroxissoma (PPARGC1A). O marcador do gene LEP g_1048 foi removido das análises pois apresentou-se monomórfico na população. Amostras que apresentaram falha na genotipagem nos marcadores foram removidas, assim, avaliou-se 612, 612 e 613 animais para os genes CSN3, DGAT1 e PPARGC1A, respectivamente. Utilizou-se o programa *Genepop v. 4.7* para quantificar as frequências alélicas e genotípicas, o desvio de HWE e os índices FST, FIS e FIT. O HWE foi estimado pelo teste Exato de Fischer com 5% de probabilidade. Não houve marcador com desvio no HWE, indicando que os animais não estão sob seleção. O valor de FIS global foi menor do que 15% (0,0104) indicando baixa endogamia nos rebanhos. Os valores de FST (0,0255) e FIT (0,0356) também foram menores do que 15%, indicando baixa diferenciação entre os rebanhos. O SNP do gene de PPARGC1A apresentou alta frequência do genótipo CC (R1–299% e R2–246%), sugerindo que está em processo de fixação na população. Na Kappa-caseína (CSN3), foram encontradas maiores frequências do genótipo AA (R1–244% e R2–212%) e o alelo G de DGAT1 apresentou as maiores frequências (R1–52% e R2–67%). Embora os resultados dos SNPs localizados nos genes LEP e PPARGC1A indicam que eles não são bons marcadores para serem aplicados na seleção. Os demais genótipos identificados demonstram potencialidades para seleção de características como produção de leite e queijo. As informações genéticas aplicadas podem auxiliar a seleção da raça CPD, de forma a guiar os acasalamentos nas propriedades a fim de evitar diminuição da população efetiva. Bem como podem levar a melhora do progresso genético, trazendo incremento das características de produção e qualidade do leite da raça.

Palavras-chave: Conservação genética; Composição e qualidade do leite; Raças localmente adaptadas.

Agradecimentos: CAPES, Rede PRÓ CENTRO-OESTE e Universidade Federal de Goiás.