



Realização:



Apoio:



XVII CIC
X ENPOS

Conhecimento sem fronteiras
XVII Congresso de Iniciação Científica
X Encontro de Pós-Graduação
11, 12, 13 e 14 de novembro de 2008

Loci de Características Quantitativas (QTL) em Peixes

Autor(es): ALMEIDA, Diones Bender; COSTA, Marco André Paldes da; MOREIRA, Carla G. Alves; VAZ, Bernardo dos Santos; TAVARES, Rafael Aldrighi; OLIVEIRA, Plínio Aguiar de; SILVA, Janaína Camacho da; BASSINI, Liane Ney; MOREIRA, Heden Luiz Marques

Apresentador: Diones Bender Almeida

Orientador: Heden Luiz Marques Moreira

Revisor 1: Carlos Oliveira Amaral

Revisor 2: Beatriz Helena Gomes Rocha

Instituição: Universidade Federal de Pelotas

Resumo:

Em face do potencial de melhoramento que pode ser realizado com a aplicação da análise de QTL (Quantitative Trait Loci), esta revisão foi realizada no período de 2006 a 2008, tomando como base artigos e revisões de acesso público. O objetivo é apresentar o estágio atual do desenvolvimento do mapeamento de locos quantitativos em peixes. Entre as aplicações do mapeamento genômico, está a procura por QTL que influenciam características economicamente importantes na produção animal, objetivando identificar a existência de relações entre variações ao nível do DNA e valores fenotípicos. Em anos recentes a análise destas relações tem sido focada, principalmente, em estudos quantitativos, que são a base das características de produção. Normalmente, para estas características a região no DNA responsável pelo efeito fenotípico é definida como QTL. A identificação do QTL pode ser realizada pela varredura genômica ou pela análise de cromossomos individualmente. Baseado no ponto de vista estatístico, os métodos para mapear QTL são agrupados em 3 grandes classes: modelos de regressão, modelos de máxima verossimilhança e modelo Bayesiano. Um próximo passo na análise de QTL é identificar os genes presentes na região próxima aos marcadores ligados ao QTL que estão controlando a característica de interesse, através do mapeamento fino, com o emprego de um maior número de marcadores próximos a região de localização do QTL. Este refinamento da análise de ligação ou saturação da região de mapeamento permite reduzir o tamanho em cM da região mapeada do QTL e portanto, reduzir o número de genes a serem analisados na relação com o QTL. Um dos objetivos do estudo de associação marcador-QTL é utilizar os marcadores que estão em desequilíbrio de ligação com o QTL na seleção assistida por marcadores, de forma que maiores incrementos na taxa de resposta possa ser obtido em relação a seleção tradicional. Diversos QTL ligados ao crescimento, resistência a doenças e reprodução tem sido identificados em diversas espécies de peixes, entretanto, seu número é reduzido comparativamente a outros taxons. Neste contexto, a identificação de QTL tem potencial para aumentar a taxa de melhoramento genético, através da seleção assistida por marcadores. Recentemente, a utilização dos marcadores genéticos moleculares tem possibilitado estudar, melhor, a variação das características quantitativas e a identificação de locos individuais, controlando as características de importância econômica.