

LIBRO DE RESÚMENES

**XVI SIMPOSIO SOBRE CONSERVACIÓN
Y UTILIZACIÓN DE RECURSOS ZOOGENÉTICOS**

“Iberoamérica compartirá experiencias y logros científicos”

Villavicencio, Colombia
7, 8 y 9 de Octubre de 2015

ASOCRIOLLANOS
RED CONBIAND COLOMBIA
UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA SEDE PALMIRA
Calle 38 No 32 – 41. Oficina 803- edificio Parque Santander
CP: 500002 - Villavicencio, Colombia
Teléfono: 57 (8) 6625678
Cel: 57 3133774067
xviconbiandvillavicencio2015@gmail.com

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE REBANHOS DE BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO: IMPLICAÇÕES PARA A SUA CONSERVAÇÃO

Egito, A.A.¹, Martinez Martinez, A.², Fioravanti, M.C.S.³, Juliano, R.S.⁴, Landi, V.², Moura, M.I.³, Silva, M.C.³, Bermejo Delgado, J.V.²

¹Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil

²Universidad de Córdoba, Espanha

³Universidade de Goiás, Goiânia, GO, Brasil

⁴Embrapa Pantanal, Corumbá, MS, Brasil

andrea.egito@embrapa.br

Planos de gestão são fundamentais para a elaboração de estratégias de conservação e melhoramento genético em populações em situação de vulnerabilidade. Tendo em vista o exposto, realizou-se a genotipagem com 12 locos microssatélites em 1091 animais, oriundos de 21 propriedades/populações, da raça Curraleiro Pé-duro visando auxiliar o manejo genético e o conhecimento de sua estrutura populacional. Os rebanhos avaliados eram provenientes de três Estados distintos do Brasil –Goiás, Tocantins e Piauí, sendo os dois últimos geograficamente mais próximos. Índices de diversidade genética foram calculados a partir dos programas FSAT e ARLEQUIN. A diversidade gênica média da raça, também conhecida como heterozigosidade esperada, foi de $0,673 \pm 0,0321$ enquanto que a heterozigosidade observada foi de $0,642 \pm 0,0237$. Pelo AMOVA verificou-se que 6,7% da variabilidade observada estão entre as populações. Nos dendrogramas aos pares, gerados a partir de uma matriz baseada em índices de F_{ST} , observou-se que os rebanhos de Goiás estão mais distantes geneticamente que os de Tocantins e do Piauí. Várias populações, independente de seu Estado de origem, não se diferenciaram estatisticamente ($p < 0,05$) indicando uma alta similaridade genética. Pelo NeighborNet esta evidência fica clara, onde 9 populações distanciam-se das demais, enquanto estas formam um pool que, provavelmente, possuem alelos/origem comum. O F_{IS} médio apresentou valores razoáveis (0,045), mas dois rebanhos apresentam uma alta consanguinidade ($F_{IS} = 0,17$). A partir dos resultados gerados buscar-se-á auxiliara gestão da raça visando estimular o intercâmbio de reprodutores entre as populações mais divergentes visando maximizar a sua variabilidade genética.

Palavras chave: genética de populações, gestão genética, raça localmente adaptada, STR