

4945  
P.158

R.A.

78



## Diferenciação genética na metapopulação da raça Guzerá criada no estado de Minas Gerais

Silva, LA<sup>1</sup>; Cestaro, LS<sup>1</sup>; Gasparini, K<sup>1</sup>; Bernardo, KB<sup>1</sup>; Caldi, JFB<sup>1</sup>; Azevedo, ALS<sup>1</sup>; Carvalho, MRS<sup>2</sup>; Egito, AA<sup>3</sup>; Machado, MA<sup>1</sup>; Verneque, RS<sup>1</sup>; Peixoto, MGCD<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora, MG

<sup>2</sup> Laboratório de Genética Médica e Humana, Instituto de Ciências Biológicas, UFMG – Belo Horizonte, MG

<sup>3</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – Brasília, DF.

lidianeandrades@gmail.com

**Palavras-chave:** Variabilidade genética, Marcador microssatélite, *Bos indicus*, Estatística F

Na Índia, na região conhecida como Kankrej, de terras baixas e secas, solo arenoso e sem árvores, desenvolveu-se a raça Guzerá (*Bos indicus*). A introdução da raça Guzerá no Brasil se deu ao final do século 19, onde se adaptou de forma satisfatória às condições ambientais, relevando alta capacidade para produção de carne e leite. O Guzerá predominou no país até 1930 e após este período foi muito utilizado em cruzamentos, o que levou à redução no tamanho efetivo da população. Em 1994, iniciou-se o Programa Nacional de Melhoramento de Gado Guzerá para Leite com o objetivo de melhorar a produtividade deste importante recurso genético tropical. A preocupação é crescente com respeito ao impacto do programa sobre a variabilidade genética da população, em função da utilização intensa de reprodutores provados e superiores. O objetivo desse trabalho, portanto, foi avaliar a diversidade genética dentro e entre populações da raça Guzerá em Minas Gerais. Para tanto, foram colhidas aleatoriamente amostras de sangue de cerca de 10% dos animais em 15 rebanhos disseminadores de genética para corte ou duplo propósito, totalizando 744 animais. As amostras de sangue foram submetidas à extração de DNA pelo método do fenol-clorofórmio. O produto da extração foi quantificado e qualificado por nanoespectrofotometria. Foram utilizados 11 marcadores microssatélites, previamente testados (polimorfismo e heterozigidade), para genotipagem dos animais. As amostras de DNA foram amplificadas por PCR e os produtos das ampliações submetidos à eletroforese capilar no equipamento MegaBACE 1000 (GE Healthcare). Os genótipos observados foram analisados por meio do programa GENEPOP versão 4.0 (Rousset, 2008). A diferenciação populacional foi analisada pela estatística *F<sub>is</sub>* para a diversidade dentro e entre indivíduos em cada rebanho, pelos cálculos do *pairwise F<sub>st</sub>* para comparação dos pares de rebanhos e do *F<sub>st</sub>* para toda a população, todas baseadas na identidade alélica (Weir e Cockerham, 1984). A estatística *F<sub>is</sub>* encontrou valores de -0,0534 a 0,1106, evidenciando baixos níveis de variabilidade genética nos rebanhos estudados. Por meio do *pairwise F<sub>st</sub>*'s, foi mostrada a baixa diferenciação (0,0269) entre as populações. Os rebanhos de duplo propósito (corte e leite) diferenciaram-se mais dos rebanhos de corte ( $\bar{X}$  = 0,0410) e assemelharam-se mais ( $\bar{X}$  = 0,0146). Os rebanhos de corte, por sua vez, diferenciaram-se mais entre si ( $\bar{X}$  = 0,0370). Nos rebanhos de duplo propósito, o aspecto geográfico interferiu pouco no fluxo gênico e os rebanhos de formação mais recente são os que mais se assemelharam aos demais rebanhos. Provavelmente, a ampla utilização de inseminação artificial contribuiu para este resultado. Nos rebanhos de corte, pode-se observar que nem sempre a proximidade geográfica favoreceu o fluxo gênico entre as populações. Conclui-se que há certo grau de diferenciação genética entre as linhagens de corte e de duplo propósito na população Guzerá estudada. Apoio financeiro: Fapemig e CNPq