



FILOGENIA DE OVINOS NATURALIZADOS DO PANTANAL SUL-MATO-GROSSENSE

JOYCE AZAMBUJA DE OLIVEIRA¹; BRUNO DO AMARAL CRISPIM¹;
LEONARDO DE OLIVEIRA SENO²; ANDRÉA ALVES DO EGITO³; FERNANDO
MIRANDA DE VARGAS JUNIOR²; ALEXÉIA BARUFATTI GRISOLIA¹

¹Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD, Dourados – MS,
joyce_azambuja@hotmail.com; brunocrispim.bio@gmail.com;
alexiagrisolia@ufgd.edu.br

²Faculdade de Ciências Agrárias, UFGD, Dourados - MS, leonardoseno@ufgd.edu.br;
fernandojunior@ufgd.edu.br

³Embrapa Gado de Corte, Campo Grande - MS , andrea.egito@embrapa.br

Ferramentas moleculares e tecnologias recentes têm marcado a descoberta da origem e de processos de domesticação de ampla variedade de espécies, utilizando-se tanto marcadores moleculares genômicos quanto mitocondriais. O objetivo foi caracterizar molecularmente, avaliar a variação existente nas populações por meio de análises de genes do DNA mitocondrial e do cromossomo Y, investigar a possível origem da ovelha Pantaneira por meio de comparação com a ovelha Crioula do Sul do Brasil e gerar informações sobre a filogenia desta e de outras raças de ovinos utilizadas no Estado do Mato Grosso do Sul. As reações de amplificação seguidas de sequenciamento foram realizadas com marcadores mitocondriais e do cromossomo Y. A análise do DNA mitocondrial mostrou diferenças significativas entre as populações quando comparadas entre si e com sequências obtidas no GenBank. Pela formação dos haplótipos observou-se miscigenação da raça Pantaneira e foi possível sugerir que a origem das populações é européia. Houve diferenças significativas entre a ovelha Pantaneira e os animais da raça Crioula, sendo possível inferir que tenha ocorrido diferenciação entre esses grupos. As análises contribuíram para gerar informações a respeito da filogenia dessas raças de ovinos do Estado.

Palavras-Chave: Herança materna; raça Pantaneira; sequenciamento.

Agradecimentos: Fundect-MS e CNPq

