

Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

Ferramentas moleculares para a gestão, uso e conservação das raças Curraleiro Pé-Duro e Pantaneira

Andréa Alves do Egito<sup>1</sup>; Raquel S. Juliano<sup>2</sup>; Maria Clorinda Fioravanti<sup>3</sup>

1.Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS

andrea.egito@embrapa.br

2. Embrapa Pantanal, Corumbá, MS

3. Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO

# Introdução

A diversidade genética animal, em termos globais, é de vital importância para a agricultura, a produção de alimentos, o desenvolvimento rural e o meio ambiente. Futuras adaptações às mudanças nas condições socioeconômicas e ambientais, incluindo as mudanças climáticas, somente serão viáveis se houver variabilidade genética suficiente que permita a adequação das populações existentes à estas flutuações.

Um longo trabalho foi realizado pela FAO, a partir de 1990, para orientar o manejo sustentável dos Recursos Genéticos Animais (RGA) no mundo, buscando fomentar e orientar planos nacionais e regionais de conservação, documentação e caracterização dos RGAs existentes, reforçando a contribuição dos animais domésticos e de seus produtos, bem como a importância da prevenção da sua erosão (FAO, 2007).

Este trabalho culminou, em 2007, durante a Conferência Técnica Internacional sobre Recursos Genéticos Animais, realizada em Interlaken, na Suíça, com a adoção do primeiro Plano de Ação Mundial para os Recursos Genéticos Animais. Suas 23 prioridades estratégicas destinam-se a combater a erosão da diversidade genética animal e utilizar, de forma sustentável, os recursos genéticos animais. Além disto neste evento, mais 100 delegações de diferentes países firmaram a Declaração de Interlaken sobre os recursos genéticos animais, onde assumem responsabilidades comuns e individuais pela conservação, uso sustentável e desenvolvimento dos RGAs para a alimentação e a agricultura; pela segurança alimentar mundial; pela melhora do estado nutricional da humanidade e pelo desenvolvimento rural (FAO, 2007).

Na América Latina o Brasil é um dos países pioneiros na conservação de raças de animais domésticos e, desde 1983, possui ações que visam resguardá-las da extinção. Dentre as etapas envolvidas neste processo, podemos citar: (a) identificação das populações em risco de extinção ou diluição genética; (b) caracterização fenotípica e genética e (c) avaliação do potencial produtivo das populações (Egito et al., 2002). Seguindo os preceitos da FAO, em termos de pesquisa, as prioridades foram dadas à caracterização e avaliação das populações localmente adaptadas e a mensuração das diferenças entre e dentro destas. Neste trabalho, representantes de raças economicamente importantes foram incluídas, com o intuito de se obter uma visão geral da diversidade genética existente, conforme preconizavam Fitzhugh e Strauss (1992) e Barker (1994).

### Ferramentas moleculares

Embora tenham sido desenvolvidas desde a década de 70, técnicas baseadas em polimorfismos de DNA, foram efetivamente aplicadas para estudos da diversidade genética em espécies animais a partir do final da década de 80, intensificando-se nos anos 90 (Bruford et al., 2003). Sendo a genética molecular essencialmente dinâmica, a cada dia, novas ferramentas moleculares, mais acuradas e de alta resolução, surgem e podem ser aplicadas para responder a diferentes questionamentos relacionados à gestão, uso e conservação RGAs. A gestão de RGA, embora ainda não caracterizada como uma disciplina cientifica, envolve as medidas necessárias para entender, usar, desenvolver e manter estes recursos genéticos (FAO, 2007).



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

Um marcador molecular é por definição uma porção do DNA (correspondente a regiões expressas ou não do genoma) ou produto de um gene (proteína) que aparece em mais de uma forma na população (polimorfismos). Estas variações podem ser detectadas e relacionadas a indivíduos ou grupos raciais. A sequência de nucleotídeos e a função de um marcador molecular podem ou não ser conhecidas.

Dentre as vantagens de se utilizar os polimorfismos de DNA para a caracterização genética pode-se citar as seguintes: (i) são altamente polimórficos; (ii) a mesma técnica pode ser utilizada para qualquer segmento de DNA; (iii) a automatização é fácil e (iv) existem diferentes tipos de marcadores cada qual com seu mérito (Cavalli-Sforza 1998; Hanotte & Jianlin, 2005).

Marcadores moleculares com distintos padrões de herança podem elucidar questões diferentes e importantes para a tomada de decisões na gestão e conservação de RGA. Marcadores de herança bi-parental, como os *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), microssatélites e os Polimorfismos de base única (SNPs – do inglês *Single Nucleotide Polymorphisms*) podem inferir a respeito da população como um todo ou apenas de um indivíduo. Marcadores moleculares localizados no DNA mitocondrial (mtDNA) e no cromossomo Y podem fornecer informações complementares a respeito da população analisada. Sendo essencialmente haplóides e transmitidos uniparentalmente, eles refletem aspectos diferentes da biologia e da história de uma população. Enquanto o mtDNA informa sobre a contribuição materna na evolução da população em análise, o cromossomo Y fornece informações sobre a contribuição paterna.

A análise genômica pode fornecer informações a respeito da identificação dos ancestrais selvagens que originaram as espécies domésticas atuais, a localização e o momento dos eventos de domesticação, bem como a respeito dos processos, como mutações, deriva genética, fluxo gênico e seleção natural, que influenciaram a variação entre os genomas e as populações (Bruford *et al.*, 2003; Luikart *et al.*, 2003).

Técnicas que auxiliem a análise de parentescos e a identificação genética de um indivíduo podem ser utilizadas para a implementação e o monitoramento de programas de conservação *ex situ* (Hanotte & Jianlin, 2005). Pode-se com estas informações promover o direcionamento dos acasalamentos visando favorecer a manutenção da variabilidade genética, escolher indivíduos menos similares genotipicamente para a formação de um novo núcleo de conservação ou analisar a eficiência do trabalho realizado em prol da manutenção da variabilidade nos núcleos de conservação ao longo dos anos (Egito et al., 1999; Spritze et al., 2003; Oliveira et al., 2005; Egito et al., 2005). Índices de diversidade genética, como a heterozigosidade média de uma população podem ser utilizados para se verificar o nível de endocruzamento do rebanho (Cepica *et al.*, 1995) enquanto que índices de similaridade genética entre indivíduos podem ser utilizados para direcionar os acasalamentos visando à manutenção da variabilidade genética em núcleos de conservação (Lara et al., 1998, Egito et al., 1999; Spritze et al., 2003; Oliveira et al., 2005; Egito et al., 2005; Paiva et al., 2005)

Diversos trabalhos envolvendo a análise da diversidade genética e da relação entre diferentes raças bovinas de diversos países foram publicados. Diferentes marcadores foram utilizados e observou-se a preocupação e o direcionamento para trabalhos envolvendo a conservação dos RGAs.

No Brasil estudos realizados com diferentes marcadores moleculares, demonstraram que as raças bovinas localmente adaptadas possuem uma mesma origem e podem ser consideradas entidades genéticas distintas (Serrano et al., 2004; Lara et al., 2005; Egito et al., 2007), embora algumas possuam fenótipos semelhantes, como a Curraleira e a Pantaneira. Além disto, contrariando o esperado, observou-se uma alta variabilidade genética em todas elas, independente do marcador molecular estudado, o que demostrou que existe um grande potencial para trabalhos de melhoramento genético animal.

# Caracterização genética das raças Curraleiro Pé-Duro e Pantaneira

Norteados pela necessidade de conservar e promover o uso potencial e diversificado dos RGAs como estratégia para evitar a extinção dessas espécies, os grupos de pesquisa tem trabalhado com a caracterização genética das raças bovinas Curraleiro Pé-Duro (assim denominada a partir de 2012) e Pantaneiro, investigando, por meio de diferentes metodologias, suas características genéticas, distância e



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

similaridades genéticas entre as raças localmente adaptadas e sua relação com as raças criadas no Brasil (Figura 1a)(BRITO, 1995, LARA, 1998; SERRANO et al. 2004; EGITO, 2007; EGITO et al., 2007, 2011; Almeida et al., 2011), e entre seus rebanhos (Figura 1b), o processo de miscigenação e a diversidade genética em núcleos de conservação *in situ* (LARA et al., 2000).

Estudos com diferentes marcadores demostraram que, em algum momento houve a introdução de animais de origem zebuína das raças Curraleiro Pé-Duro e Pantaneiro, bem como em outras raças localmente adaptadas. O cromossomo Y acrocêntrico, típico de raças Afro-asiáticas, foi observado em animais Curraleiro Pé-duro e Pantaneiro (Brito, 1995; Issa, 2005). Além disto, observou-se a ocorrência dos alelos  $Ca^Z$ ,  $Pep-B^I$  e  $Alb^C$ , considerados marcadores isoenzimáticos raciais do gado zebu, na raça Pantaneira (Lara et al., 2005), bem como foi possível verificar esta introgressão com marcadores moleculares do tipo RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) (Serrano et al., 2004) e do tipo microssatélites (Egito et al., 2007). A raça Pantaneira foi a que apresentou maior índice de introgressão quando comparada com as demais raças localmente adaptadas (Egito et al., 2007) sendo que introgressão ocorreu possivelmente via paterna, pois o mtDNA é exclusivamente de origem taurina (Egito, 2007). Estudos com marcadores mitocondriais também foram uteis para atestar a unicidade da raça Curraleira Pé-duro criada em distintas regiões do País (Egito et al., 2011), a qual já havia sido verificada por marcadores do tipo microssatélites (Egito, 2007).

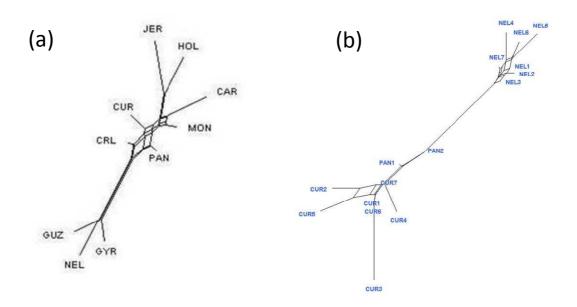


Figura 1. Gráficos Neighbor-Net construídos a partir da frequência alélica de 22 locos microssatélites. (a) Relação genética entre 10 raças bovinas (Jer – Jersey, Hol – Holandês, Car – Caracu, Mon – Mocho Nacional, Cur – Curraleiro Pé-duro, Pan – Pantaneiro, Crl – Crioulo Lageano, Gyr – Gir, Guz – Guzerá e Nel – Nelore; Egito et al., 2007); e (b) entre rebanhos das raças Pantaneira (Pan1 e 2), Curraleira Pé-duro (Cur 1 a 7) e Nelore (Nel 1 a 7).

Dentro da gestão de rebanhos em conservação inclui-se a verificação de diversidade genética ao longo das gerações visando o monitoramento da variabilidade genética existente. Em um trabalho pioneiro realizado neste sentido, Lara et al. (1998) utilizando marcadores isoenzimáticos, fizeram o acompanhamento do Núcleo de Conservação *In Situ* da raça Pantaneira da Embrapa Pantanal. Nas comparações realizadas a partir de frequências alélicas estimadas para indivíduos adultos e progênies,



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

constaram que o programa de conservação do bovino Pantaneiro estava atingido o seu objetivo, pois os animais jovens apresentam valores superiores de diversidade em relação aos indivíduos adultos.

Egito et al. (2007) observaram uma riqueza alélica superior na raça Pantaneira quando comparada com as demais raças localmente adaptadas e raças zebuínas brasileiras, a qual pode ser reflexo da inexistência de um programa de melhoramento genético intenso na população. Os níveis de endogamia observados (7,7%) embora não fossem alarmantes, quando comparados com as outras raças estudadas, demonstravam a deficiência de reprodutores, o que também foi observado na raça Curraleira Pé-duro com níveis mais contundentes e preocupantes de endogamia (9,48%). Embora o número de indivíduos da raça Curraleira Pé-duro seja superior a Pantaneira, verifica-se que dentro das populações/rebanhos existe um número limitado de reprodutores machos, o que demostra a necessidade premente de intercâmbio entre os criadores.

Estudos recentes realizados no âmbito da Rede Pró-Centro Oeste coordenado pela Dra. Maria Clorinda Fioravanti (Egito et al., 2015 – dados ainda não publicados) corroboram os dados observados anteriormente (Egito et al, 2007). Com o intuito de auxiliar o manejo genético e o conhecimento da estrutura populacional das raças Curraleira Pé-duro e Pantaneira avaliou-se, com um painel de marcadores microssatélites, animais oriundos de todas as propriedades conhecidas destas duas raças.

Na raça Curraleira Pé-duro foram avaliadas 21 propriedades sendo os rebanhos provenientes dos estados de Goiás, do Tocantins e do Piauí, sendo os dois últimos geograficamente mais próximos. Como era de se esperar, os rebanhos de Goiás são mais distantes geneticamente que os do Tocantins e do Piaui. Várias populações, independentemente de seu Estado de origem, não se diferenciaram estatisticamente (p<0,05) indicando uma alta similaridade genética entre elas. Além disto, dendrogramas gerados demostram que apenas 9 populações são geneticamente mais distantes enquanto que as demais (12) formam um *pool* demostrando sua alta similaridade. O  $F_{IS}$  médio apresentou valores razoáveis (0,045), mas pode-se observar uma alta consanguinidade ( $F_{IS}=0,17$ ) em dois destes rebanhos. Resultado semelhante pode também ser observado na figura 1b, com um número menor de populações, onde observa-se que alguns rebanhos se agrupam demostrando uma alta similaridade, enquanto que outros se posicionam de modo distinto. A partir dos resultados gerados buscar-se-á auxiliar a gestão da raça visando estimular o intercâmbio de reprodutores entre as populações mais divergentes visando maximizar a sua variabilidade genética.

Na raça Pantaneira avaliou-se 4 rebanhos sendo que um deles diferencia-se dos demais, contradizendo os resultados observados em 2007 (Egito, 2007) onde verificou-se, à época, que não havia subestruturação na população. Esta diferenciação pode estar relacionada à distância geográfica em relação aos demais ou pela possível introdução de material de origem distinta. Nesta análise também foi possível realizar o monitoramento do Núcleo de Conservação localizado na Fazenda Nhumirim e atestar o trabalho conduzido na conservação da raça espelhado pelos baixos níveis de endogamia observados ( $F_{IS} = 3.9\%$ ) e a maior diversidade gênica (0,7508) em relação às demais. Também se constatou que a formação dos novos rebanhos foi realizada de modo a favorecer a diversidade genética, onde se verifica níveis de heterozigosidade observados superiores à heterozigosidade esperada e valores de  $F_{IS}$  negativos (Egito et al., 2015 – dados ainda não publicados).

Dentro enfoque da gestão genética relacionada ao enriquecimento da diversidade genética dos rebanhos e de suas populações, abordagens envolvendo estudos de alocação racial também estão sendo conduzidos visando auxiliar a agregação de novos animais aos rebanhos existentes, descoberta de novas populações e descarte de indivíduos. Mediante a comparação de um dado animal ou rebanho com bancos de dados de perfis multilocos pré-existentes, é possível predizer com objetividade sua composição genética e se o mesmo pertence a raça em questão ou se a semelhança é meramente fenotípica, bem como pode-se verificar seu grau de miscigenação com outras raças.

A demanda crescente por alimentos visando atender o crescimento contínuo da população mundial requer uma produção intensiva e mais eficiente de produtos de origem animal e das demais fontes de nutrientes. Neste contexto, pode-se observar uma grande variabilidade genética envolvendo as raças localmente adaptadas o que demonstra o potencial existente nestas populações. Entretanto, para que o



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

potencial de uso dessas raças bovinas seja conhecido, é fundamental realizar pesquisas para avaliar sua capacidade produtiva e suas características de adaptabilidade em diferentes sistemas de produção e associá-las à alelos favoráveis que poderão ser transmitidos a seus descendentes. Assim, visando integrar estas populações ao mercado econômico, têm se buscado através de estudos em genes candidatos relacionados a características de interesse econômico, marcadores que possam ser utilizados precocemente ou que demonstrem o potencial existente nestas populações, fornecendo assim, subsídios para o uso, desenvolvimento e a conservação sustentável destas populações.

Resultados obtidos até o momento, confirmam a presença de alelos favoráveis relacionados a características da qualidade da carne nessas populações. O alelo 3 do gene da tireoglobulina, relacionado ao maior teor de marmoreio, possui uma frequência superior nas raças localmente adaptadas em relação a raça Nelore (Egito *et al.*, 2005; Barreto et al., 2012); bem como, o alelo CPAN2<sup>A</sup> da calpaína, relacionado à maciez da carne (Smith *et al.*, 2000), possui frequência superior a 43% nas raças localmente adaptadas, enquanto que as raças zebuínas de corte apresentam uma frequência ao redor de 10% (Lara *et al.*, 2005). Genes envolvidos na expressividade dos ácidos graxos (perfil lipídico), relacionados principalmente com as propriedades nutricionais da carne, seus aspectos sensoriais e a estabilidade oxidativa (Walker et al., 2013; 2014) também já foram avaliados e verificou-se a presença de alelos considerados favoráveis. Estes fatos evidenciam o potencial que as raças localmente adaptadas, de origem taurina, possuem em relação à indústria de carne quando se fala em produtos com maior qualidade e valor comercial agregado.

Da mesma forma, o alelo favorável à produção leiteira do gene DGAT1 (Winter et al., 2002) ocorre em uma frequência de 50% na raça Pantaneira (Egito et al., 2005), demonstrando que com uma seleção dirigida, pode-se auxiliar a formação de linhagens leiterias visando a inclusão desta população em nichos de mercado diferenciados, p.ex. a produção de queijos com indicação geográfica e com valor comercial agregado.

Além destas características, recentemente têm-se avaliado características funcionais e de adaptabilidade, as quais podem auxiliar sobremaneira a inserção das raças localmente adaptadas no mercado produtivo. Estratégias de mitigação e adequação às novas condições climáticas, p.ex., devem ser pensadas tendo em vista o aumento da vulnerabilidade dos sistemas produtivos e, nesta conjuntura, o uso de material genético adaptado, que tenha capacidade de responder aos desafios futuros, poderá fazer a diferença permitindo sistemas de produção lucrativos e sustentáveis. A descoberta ou incorporação de raças/genes que apresentem potencial genético para maior capacidade de tolerância ao calor, que sejam capazes de sobreviver, produzir e reproduzir-se em condições térmicas extremas ou alteradas pode ser crucial para o futuro.

Dentro do estudo de tolerância ao estresse térmico, tem-se avaliado diferentes parâmetros, tais como taxas cardiorrespiratórias, padrões hematológicos, taxa de sudação, além do tipo de pele e pelame, com resultados que demonstraram a capacidade adaptativa das raças localmente adaptadas em relação aos mecanismos de termorregulação (McManus et al., 2005). Santos et al. (2005) avaliaram raças bovinas Pantaneira e Junqueira, Nelore e Holandesa, e citaram que bovinos Pantaneiros e mestiços tiveram temperaturas de pele e retal menores se comparada com o Nelore. Bianchini et al. (2006) e Cardoso et al. (2014) verificaram que a raça Curraleiro Pé-Duro esteve entre as raças com características mais condizentes com a tolerância ao calor, em experimentos realizados nas condições climáticas do Planalto Central brasileiro. Estudos conduzidos em genes candidatos determinaram a existência de novas variantes alélicas nos genes estudados nas nossas raças localmente adaptadas, reforçando sua importância para a manutenção e/ou adequação dos sistemas produtivos frente às mudanças ambientais pela introdução de alelos favoráveis de termotolerância.

Além dos trabalhos aqui citados, estudos de assinatura de seleção, utilizando painéis de SNPs de alto desempenho e pelo sequenciamento completo do genoma, destas raças estão em execução em projetos desenvolvidos em parceria. Espera-se que estes possam auxiliar a busca de marcadores informativos que venham a fomentar o uso destas populações em uma escala que permita seu desenvolvimento sustentável e dinâmico.



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

Embora estudos desta magnitude estejam sendo conduzidos, ressalta-se que o principal foco na aplicação de tecnologias de biologia molecular relacionadas à avaliação e uso de marcadores moleculares no melhoramento genético animal, consiste em identificar, analisar a variabilidade genética e a correlação dos marcadores com os fenótipos de interesse. Com isto atesta-se a importância do registro e anotação de dados fenotípicos para que se possa validar nas raças, ou população de interesse, os marcadores observados em outras populações ou até mesmo a descoberta de novas variantes de interesse.

#### Considerações finais

Ressalta-se que, dado o histórico de quase extinção destas raças localmente adaptadas, suas populações possuem normalmente um número reduzido de indivíduos, e, por conseguinte, estão sujeitas a dinâmica e riscos inerentes aos processos evolutivos que caracterizam as pequenas populações.

Este ponto por si só demonstra necessidade premente da gestão destes recursos genéticos ser efetuada de modo sistemático e rápido, evitando assim que alelos favoráveis possam ser perdidos ao longo do tempo. Neste ponto, as ferramentas moleculares possuem as qualidades necessárias para que este trabalho seja realizado de maneira eficaz e acurada, auxiliando na manutenção da variabilidade genética, no intercâmbio de estoques genéticos, promovendo a diminuição da endogamia e evitando possíveis depressões endogâmicas, bem como, auxiliando na conservação e uso do material genético existente.

### Bibliografia citada

Almeida, G.M. De, Diniz, F.M., Brito, F.B., Martins Filho, R., Carvalho, G. M. C., Almeida, M.J.O., Azevedo, D.M.M.R., Egito, A. A., Silva, G.R. **O gado pé-duro e o uso de ferramentas moleculares no melhoramento genético e conservação da raça.** In: Produção de bovinos no nordeste do Brasil: desafios e resultados. Série BNB Ciência e Tecnologia.1 ed.Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, v.9, p. 97-126. 2011.

Barbosa, B.R.P., Santos, S.A, Abreu, U.G.P., Egito, A.A., Comastri Filho, J.A., Juliano, R.S., Paiva, S.R., McManus, C. Tolerância ao calor em bovinos das raças Nelore branco, Nelore vermelho e Pantaneira na região do Pantanal, Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal** 15: 854 – 865. 2014.

Barker, J. S. F. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 5, 1994. Guelph, **Proceedings...,** p.501-508. 1994.

Barreto, C. F.; Walker, C. C.; Juliano, R. S.; Ramos, A. F.; Barbosa, E. A.; Alves, F. V.; Egito, A. A. Polimorfismo de base única no gene da tireoglobulina relacionado ao marmoreio cárneo em bovinos da raça Pantaneira. **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal 2**: 221-225. 2012.

Bianchini, E.; Mcmanus, C.; Lucci, C. M.; Fernandes, M. C. B.; Prescott, E.; Mariante, A. S.; Egito, A. A. Características corporais associadas com a adaptação ao calor em bovinos naturalizados brasileiros. **Pesquisa Agropecuária Brasileira 41**: 1413-1448. 2006.

Brito, C. M. C. **Polimorfismo do cromossomo Y no plantel de gado Pé-duro da Embrapa/PI**. Campinas: UNICAMP, 86 p. Tese de Doutorado, 1995.

Bruford, M.W.; Bradley, D.G.; Luikart, G. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. **Nature Reviews 4**: 900-908. 2003.

Cardoso, C.C.; Lima, FG, Fioravanti, MC, Egito, AA, Paim, TP, Silva, FCP, McManus, C. Tolerância ao calor em bovinos Curraleiro Pé duro, Pantaneiro e Nelore usando imagens termográficas. III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos. Santos. **Anais...**2014.

Egito, A.A.; Albuquerque, M.S.M.; Mariante, A.S. Situação atual da caracterização genética animal na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. In: Simpósio de Recursos Genéticos Para a América



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

Latina e Caribe, 2. 1999. **Anais...**SIRGEALC, Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 1999.

Egito, A.A., Mariante, AS, Albuquerque, MSM. Programa Brasileiro de Conservação de Recursos Genéticos Animais. **Archivos de Zootecnia** 51: 39 – 52. 2002.

Egito, AA; Almeida, LD; Paiva, SR; Albuquerque, MSM; McManus, C; Mariante, A da S; Serrano, GMS; Castro, SR. Polimorfismos do gene TG (tireoglobulina) em diferentes raças bovinas criadas no Brasil. In: V Simpósio Iberoamericano de Conservación y Utilización de Recursos Genéticos, 2004, Puno. **Memorias...**, 1: 95-97. 2004.

Egito, A. A; Fuck, B. H; Spritze, A. L; Oliveira, R. R.; McManus, C.; Mariante, A. S.; Ribeiro, M.N.; Albuquerque, M.S.M.; Paiva, S.R.; Castro, S.T.R.; Santos, S.A. RAPD markers utilization on the formation or maintenance of conservation nuclei of livestock species. **Archivos de Zootecnia** 54: 277-281. 2005a.

Egito, A. A., Albuquerque, M.S.M., Pappas, M.C.R., Paiva, S.R., Grattapaglia, D., McMManus, C., Castro, S.R., Almeida, L.D., Cunha, P.A., Mariante, A.S. Polimorfismo Lisina-232/Alanina no Gene DGAT1 em Raças Bovinas Criadas no Brasil. Comunicado Técnico. Brasília:Embrapa (Comunicado Técnico, 134) 2005b.

Egito, A. A., Paiva, S.R., Albuquerque, M.S.M., Mariante, A.S., Almeida, L.D., Castro, S.R., Grattapaglia, D. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. **BMC Genetics** 8: 83. 2007.

Egito, A. A. Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças bovinas no Brasil com base em microssatélites e haplótipos de DNA mitocondrial: subsídios para a conservação. Tese de doutoramento. UnB (Ciências Biológicas). 232p. 2007.

Egito, A. A; Fioravanti, M. C. S.; Grattapaglia, D.; Ramos, A. F.; Albuquerque, M. S. M.; Mariante, A. S. Origem e diversidade genética materna de populações de bovinos da raça Curraleira de diferentes regiões do Brasil. **Actas Iberoamericanas de Conservacion Animal**, v. 1, p. 110-113, 2011.

Issa, EC. **Análise do Cromossomo Y e do DNA Mitocondrial em Raças Bovinas Nacionais.** 2005. Dissertação (Mestrado em GENÉTICA) - Universidade Estadual Paulista - Júlio de Mesquita Filho. 89p.

FAO. Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration. FAO, Roma, Italy. 2007. Disponível em http://www.fao.org/docrep/012/a1404p/a1404p00.htm. Acesso em 10 de outubro de 2013.

Hanotte, O; Jianlin, H. Genetic characterization of livestock populations and its use in conservation decision-making. In: The Role of Biotechnology for the Characterization of Crop, Forestry Animal and Fishery Genetic Resources, 2005, Turim. **Proceedings...** p. 131-136. 2005.

Lara, M. A. C. Variabilidade Genética em bovinos e bubalinos através de polimorfismos proteicos: análise populacional e suas implicações no melhoramento. Ribeirão Preto: USP, 1998, 215p. Tese de Doutorado.

Lara, M. A. C.; Sereno, J. R. B.; Abreu, U. G. P.; Mariante, A. S.; Egito, A. A.; Contel, E. P. B. Genetic diversity in Pantaneiro cattle determined by protein polymorphism. In: 4a. Global Conference on Conservation of Domestic Animal Genetic Resource, 2000, Kathmandu. **Proceedings** ... p. 59-65. 2000.

Lara, MAC; Nardon, RF; Bufarah, G; Demarchi, JJAA; Sereno, JR; Santos, SA; Abreu, UGP. Polimorfismo del gen Calpaína em razas vacunas por técnica PCR-RFLP. **Arch. Zootec. 54**, 305-310. 2005.

Luikart, G.; England, P. R; Tallmaon, D.; Jordan, S.; Taberlet, P. The power and promise of population genomics: from genotyping to genome typing. **Nature Reviews 4**: 981-994. 2003.



Sustentabilidade e Propriedade Intelectual

Teresina, PI 19 a 22 de agosto de 2015

Mariante, A.S., Egito, A.A. Animal Genetic Resources in Brasil: Result of Five Centuries of Natural Selection. **Theriogenology 57**: 223 – 235. 2002.

McManus, C.; Paludo, G. R.; Louvandini, H, Garcia, J. A. S., Egito, A. A.; Mariante, A. S. Heat tolerance in naturalized cattle in Brazil: physical factors. **Archivos de Zootecnia 54**: 453–458. 2005.

Oliveira, R. R; Egito, A. A; Ribeiro, M. N; Paiva, S. R.; Albuquerque, M. S. M; Castro, S. T. R; Mariante, A S; Adrião, M. Genetic characterization of the Moxotó goat breed using RAPD markers. **Revista Agropecuária Brasileira 40**: 233-239. 2005

Paiva, S. R., Silvério, V.C., Egito, A. A., Pimentel, CMM, Faria, DA, Mariante, AS, Castro, STR, Albuquerque, MSM, Dergam, JA. Genetic variability of the main Brazilian hair sheep breeds using RAPD-PCR markers and conservation implications. **PAB 40**: 887 - 893, 2005.

Santos, S. A.; Mcmanus, C.; E Souza, G. S.; Soriano, B. A.; Silva, R. A. M. S.; Comastri Filho, J. A.; García, J. B. Variaciones de la Temperatura Corporal y la Piel de Vacas y becerros de Panteira y Nelore no Pantanal. **Archivos de Zootecnia 54**: 237-244. 2005.

Serrano, GMS; Egito, A. A.; Mcmanus, C; Mariante, A Da S. Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira 29**: 543-549, 2004.

Spritze, A. L; Egito, A. A; Mariante, A. S; Mcmanus, C. Caracterização genética da raça bovina Crioulo Lageano por marcadores moleculares RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira 38**: 1157-1164. 2003.

Suniga, P. A. P., Ferreira, A. B. R., Oliveira, F. S., Lima, T. P. C., Juliano, R. S., Egito, A. A. Genotipagem e prospecção de SNPs no gene HSF1, relacionado à termotolerância em bovinos In: 10<sup>a</sup> Jornada Científica Embrapa Gado de Corte, 2014, Campo Grande. **Anais...**. Brasilia, 2014. v.10. p.84 – 85. 2014.

Walker, C. C.; Morais, M. G; Alves, F. V.; Feijó, G. L. D.; Albuquerque, M. S. M.; Egito, A. A. Frequência alélica de polimorfismos de genes associados à composição lipídica da carne em raças taurinas localmente adaptadas. X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2013, Uberaba. **Anais...**, 2013.

Walker, C. C., Egito, A. A. Do, Feijo, G. L. D., Morais, M. G. Estudos do Gene Ácido Graxo Sintase em Taurinos Localmente Adaptados In: III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2014, Santos. **Anais** ... Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2014. v.1. p.CBRG\_634.

Winter, A., Krämer, W., Werner, F.A.O., Kollers, S., Kata S., Durstewitz, G., Buitkamp, J., Womack, J. E., Thaller, G., Fries, R. Association Of A Lysine-232\_Alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. **Proceedings of the National Academy of Sciences of United States of America** 99, 9300–9305. 2002.