

10^o SIRGEALC

**Simpósio de Recursos Genéticos
para a América Latina e o Caribe**



Anais

**Recursos Genéticos no Século 21:
de Vavilov a Svalbard**

**26 a 29 de outubro de 2015
Bento Gonçalves - RS
Brasil**

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GALINHAS DA NIGÉRIA E DO BRASIL UTILIZANDO UMA REGIÃO DO D-LOOP DO DNA MITOCONDRIAL

Adriana Mércia Guaratini Ibelli¹, Samuel Rezende Paiva², Oluronke Bolatito³, Lucky Akpere⁴, Silvia Tereza Ribeiro Castro⁵, Ofelia Galman Omitogun⁶, Mônica Corrêa Ledur⁷, Arthur da Silva Mariante⁸

¹Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: adriana.ibelli@embrapa.br

²Embrapa Sede, Secretaria de Relações Internacionais, Brasília, DF, e-mail: samuel.paiva@embrapa.br

³National Centre for Genetic Resources and Biotechnology, Ibadan, Nigéria, e-mail: rontitodg@yahoo.com

⁴Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: lakpere@gmail.com

⁵Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: silvia.castro@embrapa.br

⁶Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: ogomitogun@hotmail.com

⁷Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: monica.ledur@embrapa.br

⁸Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: arthur.mariante@embrapa.br

A preocupação com a conservação de recursos genéticos de animais domésticos tem aumentado nas últimas décadas devido ao intercâmbio global da biodiversidade, que pode causar erosão genética de muitas espécies. Além disso, a caracterização genética é uma etapa inicial essencial para os países que desejam fazer o uso sustentável dos recursos genéticos disponíveis, assim como, para aqueles que desejam fazer a introdução de germoplasma provenientes de outros países. Desta maneira, sabendo que os dados moleculares em aves domésticas são escassos, o objetivo deste estudo foi caracterizar galinhas localmente adaptadas da Nigéria e compará-las com grupos genéticos de galinhas criadas no Brasil utilizando DNA mitocondrial. Este trabalho foi realizado através de um projeto de cooperação internacional África Brasil (Africa Brazil Agricultural Innovation Marketplace). Foram utilizados cinco ecótipos de galinhas nativas coletadas em 5 diferentes regiões da Nigéria e onze grupos genéticos de galinhas encontradas no Brasil, sendo três linhagens de corte, quatro linhagens poedeiras, além de quatro grupos genéticos localmente adaptados, coletados na região Sul pela Embrapa Suínos e Aves e na região Centro-Oeste, pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, totalizando 307 amostras. Para as análises, o DNA de todas as amostras foi extraído e uma região do D-loop do DNA mitocondrial foi sequenciada. Após, as sequências foram analisadas em duas etapas: (1) considerando-se apenas os dados obtidos neste estudo (amostras da Nigéria e do Brasil); e (2) utilizando-se sequências da África e da América do Sul, obtidas no Genbank (NCBI). De acordo com os resultados obtidos, foi possível observar que os índices de heterozigosidade observada (H_o) foram inferiores aos da heterozigosidade esperada (H_e) em todas as populações estudadas, sendo que o H_o das populações brasileiras foi menor que o dos diferentes ecótipos da Nigéria. Além disso, os haplótipos foram praticamente exclusivos de acordo com o país, sendo 65% das amostras da Nigéria agrupadas em apenas um haplótipo. Quando consideradas as amostras as brasileiras, 3 haplótipos principais contendo 87% das amostras foram observados. Foi possível observar que, de acordo com as sequências de DNA mitocondrial, há uma divergência genética significativa entre os dois países. Resultados similares foram encontrados quando as mesmas amostras foram analisadas utilizando marcadores microsatélites. A maior homogeneidade entre as amostras da Nigéria possivelmente se deve ao fato das aves serem criadas em sistema extensivo, diferentemente do que ocorre no Brasil. Por isso, atenção especial deve ser dada a uma melhor caracterização desses grupos genéticos utilizando outros tipos de marcadores, como, por exemplo, os SNPs. Dessa forma, além de ampliar o conhecimento biológico, essas análises possibilitam decidir quais grupos genéticos serão futuramente considerados em um intercâmbio de germoplasma entre os dois países.