

# RESÚMENES



**25 al 27 de OCTUBRE 2017**

**CHIQUIMULA, GUATEMALA**

## CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE CINCO RAÇAS OVINAS EXPLORADAS NO ESTADO DE SÃO PAULO, BRASIL.

Lara M.A.<sup>1\*</sup>, Santos-Silva M.F.<sup>2</sup>, Bueno M.S.<sup>1</sup>, Cavalcante-Neto, A.<sup>1</sup>, Ruivo C.C.<sup>3,4</sup>, Juliano R.S.<sup>5</sup>, Landi V.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Zootecnia, Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, Brasil. \*malara@iz.sp.gov.br

<sup>2</sup>Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Unidade de Genética, Reprodução e Melhoramento Animal – INRB. Vale de Santarém. Portugal

<sup>3</sup>Associação Brasileira dos Criadores de Dorper – ABCDorper, Valinhos, SP, Brasil.

<sup>4</sup>Cabanha Interlagos, Valinhos, SP, Brasil

<sup>5</sup>Embrapa Pantanal. Corumbá, MS. Brasil

<sup>6</sup>Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, España.

### Palavras chave:

Morada Nova

Santa Inês

Suffolk

Dorper

Microssatélite

### Resumo

Com o objetivo de conhecer a variabilidade genética de 17 rebanhos de raças exploradas no Brasil, na região do Estado de São Paulo, genotiparam-se 341 indivíduos das raças Morada Nova (n=30), Santa Inês (n=83), Suffolk (n=108), Dorper (n=77) e White Dorper (n=43), utilizando-se 30 microssatélites, selecionados segundo recomendações da FAO/ISAG e do Consórcio BIOVIS da Rede Conbiand, sendo amplificados por PCR/multiplex. Para a identificação dos genótipos, os amplificados foram submetidos à eletroforese capilar utilizando sequenciador ABI3130. Na população investigada, foram detectados 402 alelos (NA) e 13,4 alelos por *locus* (N/L). Nos rebanhos Morada Nova, Santa Inês, Suffolk, Dorper e White Dorper, os valores de NA, N/L e de variabilidade observada foram respectivamente: 230 (57,21% do total de alelos observados), 7,67 e variando de 4 (MAF65 e ETH225) a 14 (INRA06); 305 (75,87%), 10,2 e variando de 4 (ETH10) a 17 (HSC e OarCP49); 317 (78,85%), 10,56 e variando de 5 (ETH10) a 16 (INRA05); 270 (67,16%), 9,0 e variando de 4 (ETH10) a 16 (INRA63); e 211 (52,48%), 7,03 e variando de 1 (CSM66) a 13 (MAF209). Os marcadores foram informativos, com valores médios de PIC variando entre 0,5659 (White Dorper) e 0,6866 (Morada Nova). Considerando a população total (341 indivíduos), o valor médio da heterozigosidade esperada foi superior ao da observada (0,7070 vs 0,5875). O maior valor de Fis foi estimado para Morada Nova (0,157), enquanto o menor para White Dorper (0,073). Esses resultados estão de acordo com o esperado, uma vez que, nas raças mais produtivas, como o caso do Dorper e Suffolk, os reprodutores vêm sendo introduzidos de diferentes origens, evitando endogamia, o que não ocorre na raça Morada Nova, no Estado de São Paulo, encontrando-se em declínio populacional.