

ORIGEM DAS PRINCIPAIS RAÇAS DE OVINOS NATURALIZADOS DO BRASIL A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES RFLP-PCR

Paiva, SR¹; Silvério, VC¹; McManus, C²; Egito, AA¹; Mariante, AS¹; Castro, SR¹; Albuquerque, MSM¹; Dergam, JA³

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP 02372, CEP 70770-900, Brasília- DF; ²UnB, FAV, CP 04508, CEP 70910-900, Brasília- DF; ³UFV, Departamento de Biologia Animal, CEP 36571-000, Viçosa –MG
samuel@cenargen.embrapa.br

Palavras chave: mtDNA, *Ovis aries*, conservação genética

Os ovinos foram introduzidos no Brasil pelos portugueses assim como a grande maioria dos animais domésticos. Por motivos sócio-culturais, a criação desses animais foi considerada no Brasil uma atividade de categoria inferior, de modo que foram criados somente para subsistência. Esse descaso fez com que, os produtos brasileiros derivados de ovinos (lã, carne, pele) perdessem competitividade frente aos produtores de outros países, que por sua vez, avançaram grandemente no campo do melhoramento genético de características de produção, bem como na conservação de suas raças. Para que ocorra uma mudança desse cenário, é necessária uma profunda modificação logística de todas as classes envolvidas na produção de ovinos, ou seja, desde o pesquisador até o produtor. Para conservação dos recursos genéticos é desejável antes da implementação de qualquer programa de preservação ou manejo a caracterização dos estoques, bem como a avaliação de suas origens. Estudos independentes de pesquisadores europeus da região controle do mtDNA demonstraram que o genoma mitocondrial de *Ovis aries* está dividido em dois grandes haplogrupos, um de origem européia e outro, provavelmente, de origem asiática. Estes haplótipos podem ser identificados a partir de uma análise de RFLP-PCR (*Restriction Fragment Length Polymorphism-Polymerase Chain Reaction*) ao invés de sequenciamento. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo realizar este teste diagnóstico para identificar as possíveis origens das principais raças de ovinos naturalizadas brasileiras. Foi amplificado um fragmento de 1052 pares de bases contendo parte do gene mitocondrial citocromo oxidase I (COI) de 85 animais pertencentes às raças Santa Inês, Crioula Lanada, Rabo Largo, Morada Nova, Somalis e Bergamácia. Depois de amplificados, os fragmentos foram submetidos à clivagem com a enzima de restrição *HinfI* e analisados em géis de agarose 1,4% contendo brometo de etídio. Os animais foram classificados como de origem européia caso apresentassem uma mutação entre as posições 5562-5566 e de origem asiática caso não apresentassem a referida mutação. Todos os animais analisados foram classificados como de origem européia. Num primeiro momento, estes resultados podem parecer previsíveis em razão da colonização histórica dos portugueses no Brasil. Entretanto, estes resultados levam a outro sentido visto que algumas das raças naturalizadas brasileiras, como Somalis e Morada Nova tenham, provavelmente, vindo da África. Dessa maneira, os dados sugerem que as raças africanas possam apresentar uma história evolutiva semelhante das raças européias e compartilhar o mesmo haplótipo mitocondrial. Novos trabalhos serão desenvolvidos para testar essa hipótese a partir do sequenciamento da região controle do mtDNA tanto das raças naturalizadas brasileiras como das raças européias e africanas.

Apoio Financeiro: Embrapa, UnB