

DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE BÚFALOS PELO USO DE RAPD

Silva, ACM e³; Albuquerque, M do SM¹; Egito, AA¹; Marques, JRF²; Paiva, SR¹; Costa, MR²; Castro, STR¹; Mariante, A da S

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília, DF, Brasil; ²Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, Brasil; ³Bolsista Embrapa Recursos Genética e Biotecnologia.

maues@cenargen.embrapa.br

Palavras Chave caracterização genética, RAPD

O conhecimento biológico das populações animais em conservação é de suma importância para decidir sobre o seu uso e manejo. A caracterização genética permite estimar a variabilidade dentro e entre populações, fornecendo conhecimentos básicos para programas de melhoramento e de conservação. Utilizou-se neste ensaio, cinco grupos de búfalos (*Bubalus bubalis*): Murrah, Jafarabadi, Mediterrâneo, Carabao e Tipo Baio, estes dois últimos conservados no Banco de Germoplasma Animal da Amazônia Oriental - BAGAM, em Salvaterra – PA, na ilha do Marajó. As coletas de sangue foram realizadas em rebanhos da Embrapa, Universidades e propriedades particulares. O DNA foi extraído a partir de linfócitos, usando um protocolo não orgânico adaptado no Laboratório de Genética Animal, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - CENARGEN. Os dados genéticos foram obtidos pela técnica de RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Para a triagem dos *primers* utilizou-se aleatoriamente um animal de cada grupo. Os *primers* que apresentaram polimorfismos foram utilizados para amplificar 48 animais de cada grupo, com exceção do Mediterrâneo, com 43 animais. Para as amplificações, o volume total da reação foi de 13µl, contendo 20 mM Tris-HCl (pH 8,4); 50mM KCl; 2,5mM MgCl₂; 200µM de cada dNTP; 8% de BSA a 2,5 mg/ml; 0,4 M de *primer* arbitrário; 1,5 UI de Taq DNA polimerase (Gibco-BRL) e 10⁷ g de DNA genômico, na seguinte programação: 5' a 94°C, seguidos de 40 ciclos de 1' a 94°C, 1' a 36°C e 2' a 72° C. Os produtos amplificados foram separados por eletroforese, em gel de agarose a 1,4% em um tampão de corrida (TBE 1x), corado com brometo de etídio e observados sob luz ultravioleta. Dos 147 *primers* testados 72 apresentaram polimorfismos. Destes, foram escolhidos, num primeiro momento, 12, que geraram 50 marcadores. Foi utilizado o programa NTSYS- PC (versão 2.0). Com base no dendrograma gerado pelo método de UPGMA, a partir da matriz de similaridade utilizando o índice de Jaccard observou-se que: o grupo Mediterrâneo formou um cluster separado dos demais, demonstrando identidade genética própria. Em um cluster maior reuniram-se os demais grupos, sendo que os animais da raça Carabao agruparam-se em um subcluster diferenciado. O grupo jafarabadi distribuiu-se em diferentes grupamentos ao longo do dendrograma, o que consolida a importância da utilização de um número maior de marcadores, na tentativa de melhor resolução do quadro de diversidade genética dos grupos em questão.

Apoio financeiro: Convênio EMBRAPA/ SUDAM