

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DAS PRINCIPAIS RAÇAS DE OVINOS DESLANADOS DO BRASIL A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES RAPD-PCR

Silvério, VC¹; Paiva, SR¹; Egito, AA¹; McManus, C²; Faria, DA³; Mariante, AS⁴; Nascimento, NV¹; Leite, G⁴; Azevedo, HC⁵; Villarreal, AS⁶; 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, Departamento de Zootecnia, CEP 36571-000, Viçosa –MG; ⁴Embrapa Cerrados, CEP 73301-970 – Planaltina -DF; ⁵Embrapa Tabuleiros Costeiros, CP 44, CEP 49025-040, Aracaju- SE; ⁶UFC, CP 12168, Fortaleza CE

samuel@cenargen.embrapa.br

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

O Brasil possui diversas raças de ovinos naturalizadas trazidas pelos colonizadores portugueses após o descobrimento. Ao longo dos séculos, estas raças, sob a ação da seleção natural, se adaptaram aos mais diversos ecossistemas brasileiros. Algumas destas raças são tratadas como mestiças, como o ovino Santa Inês, que é considerado um cruzamento da raça naturalizada Morada Nova e a raça exótica Bergamácia. Com o intuito de testar a veracidade dessa origem, bem como avaliar a unicidade das populações das mais diversas raças naturalizadas brasileiras foi feito um estudo dos padrões de semelhança molecular obtidos a partir de marcadores RAPD-PCR (*Random Amplified Polymorphic DNA- Polymerase Chain Reaction*). O conhecimento de tais padrões é de alta relevância para programas futuros de manejo e conservação das raças naturalizadas de *Ovis aries*. Foram utilizados 238 indivíduos provenientes dos Estados de Goiás, Sergipe, Bahia, Distrito Federal e Ceará distribuídos entre as raças Santa Inês, Bergamácia, Rabo Largo, Morada Nova e Somalis. Ao final da triagem de 140 *primers* foram selecionados 54 *loci* a partir de 19 *primers*. As análises intra-raciais mostraram que a raça Santa Inês apresenta *loci* diagnósticos (marcadores) em relação a todas as raças menos a Morada Nova e vice-versa. Por outro lado, a raça Rabo Largo apresentou a maior diversidade gênica em relação às demais raças. Nas análises inter-raciais, baseadas na frequência de bandas presentes, todas as raças foram significativamente diferentes entre si (Teste Exato de Fisher $p < 0,000001$). Paralelamente, foi observado pela análise de variância molecular (AMOVA), que 14,92% da variação total ($p < 0,000001$) foi em razão de diferenças inter-raciais. A AMOVA também sugere que existe uma estruturação genética significativa nas populações contidas dentro de cada raça, visto que a diferença entre as populações de uma mesma raça foi de 9,27% ($p < 0,000001$). Valor este muito similar aos 9,54% ($p < 0,00098$) da variação total encontrado entre as raças. O dendrograma obtido pela distância genética de Nei e o algoritmo Neighbor-joining mostrou que a Raça Santa Inês ficou mais próxima da Bergamácia (97% bootstrapping) e que os mesmos ficaram mais próximos da raça Rabo Largo do que da raça Morada Nova (81% bootstrapping). Os resultados sugerem que a baixa variação genética entre as raças pode ser em virtude do alto índice de cruzamentos absorventes realizado pelos criadores, bem como por efeitos de deriva genética ao longo dos anos. Contudo, as diferenças observadas são significativas e, por isso, a integridade das populações bem como seu manejo deve ser definido com urgência. Em relação à origem da raça Santa Inês, novos estudos abrangendo loci de microssatélites e mitocondriais fornecerão uma melhor base para confirmar a maior similaridade da raça Rabo Largo em detrimento da Morada Nova bem como a influência de animais lanados na criação da raça.

Apoio Financeiro: Embrapa, UnB