

USO DE MARCADORES MOLECULARES RAPD NA CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE BUBALINOS CONSERVADOS NO BAGAM.

BARBOSA¹, Tienne Milena Farias; **COSTA**², Maria Rosa; **MARQUES**³, José Ribamar Felipe; **OHAZE**⁴, Miriã Mutsumi Minato; **MACÊDO**⁵, Raquel Soares Cavaleiro.

O trabalho de Conservação de Recursos Genéticos Animais contempla várias espécies, entre elas a bubalina, com duas raças: Carabao e Tipo Baio (*Bubalus bubalis*), consideradas em perigo de extinção e/ou descaracterização, que são de grande importância para a economia da região como produtoras de leite, carne e trabalho. Esses animais em estudo, hoje, constituem pequenas populações, razão porque são considerados ameaçados. Os grupos de bubalinos apresentam características produtivas de leite e carne, sendo insuperáveis no trabalho em áreas alagadas e pantanosas. Com o advento das técnicas de biologia molecular surgiram métodos de detecção de variação genética diretamente ao nível do DNA, através do polimorfismo genético quantificado. Como consequência, as técnicas de marcadores moleculares têm sido utilizadas na caracterização de recursos genéticos animais, particularmente no desenvolvimento de coleções nucleares e no monitoramento de mudanças genéticas, durante a conservação de Bancos de Germoplasma. As informações sobre diversidade genética auxiliam diretamente na avaliação de duplicações e deficiências nos Bancos de Germoplasmas, bem como, no direcionamento da ampliação da base genética em programas de melhoramento genético. Além disso, permitem a identificação de genótipos para uso imediato ou para subsidiar programas de melhoramento. Este trabalho tem a finalidade de adaptar e avaliar a técnica de Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) para estudos genéticos na espécie bubalina, por ser de custo relativamente baixo, ser rápida e atender os propósitos desejados, ou seja: Quantificar a variabilidade genética das raças do núcleo de conservação *in situ* existente no Banco de Germoplasma de Animais da Amazônia BAGAM, para fins de conservação; Verificar a similaridade genética de bubalinos Tipo Baio com rebanhos Murrah de pelagem baia, e auxiliar na escolha de indivíduos potenciais no enriquecimento da variabilidade genética da espécie como um todo. O BAGAM está implantado no Campo Experimental “Emerson Salimos” da Embrapa Amazônia Oriental, localizado na ilha do Marajó no estado do Pará. Será formado um Banco de Amostras de DNA, tanto sanguíneas, como de sêmen, sendo que experimentalmente serão analisados: 1) Estimativa da distância genética entre o Tipo Baio e a Raça Murrah e 2) Estudo da variabilidade genética dentro dos núcleos, buscando alternativa para reposição e consequente aumento da variabilidade genética dos mesmos. Farão parte no estudo os grupos genéticos do BAGAM (Carabao e Baio), porém para o cálculo de similaridade serão usadas as outras três raças de bubalinos existentes no país: Mediterrâneo, Murrah e Jafarabadi, seguindo o método proposto por Barker. Para isso serão coletadas duas amostras de sangue de cada animal, os quais não deverão ter nenhum grau de parentesco por três gerações. A técnica de RAPD será desenvolvida através do DNA genômico, o qual será obtido de amostras sanguíneas e/ou sêmen, mediante a utilização de protocolos já estabelecidos. Os principais passos para obtenção do DNA serão: Coleta e processamento do sangue ou sêmen; Extração e quantificação do DNA; Formação do banco de DNA para estudos de caracterização e triagem dos primers. Após a quantificação, as amostras de DNA serão divididas em pelo menos duas alíquotas, uma para os trabalhos de caracterização e as demais para Banco de Amostras. Para o cadastramento, é imprescindível a identificação de cada uma das amostras, com dados de genealogia, data de nascimento, sexo, descendência, origem dos animais, local e data da coleta, data do processamento, data e responsável pela extração, protocolo utilizado, quantidade e local de armazenamento do DNA. A caracterização genética proposta neste trabalho é de fundamental importância para responder questões, ligadas às peculiaridades de ambas as raças, além de verificar a similaridade genética entre os indivíduos e avaliar o nível de variabilidade genética no núcleo de conservação.

¹Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa Amazônia Oriental Acadêmica do 5º semestre do curso de Agronomia/FCAP.

²Pesquisadora Mestre da Embrapa Amazônia Oriental Belém/PA

³Pesquisador Doutor da Embrapa Amazônia Oriental Belém/PA

⁴Bolsista PIBIC/CNPq/Embrapa Amazônia Oriental - Acadêmica do 7º semestre do curso de Biologia Licenciatura/UFGA.

⁵Bolsista PIBIC/CNPq/FCAP - Acadêmica do 5º semestre do curso de Medicina Veterinária/FCAP.