

### CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE BÚFALOS DO BRASIL AMEAÇADOS DE EXTINÇÃO UTILIZANDO MARCADORES SSR

ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO, A.A.; MARQUES, J.R.F.; PAIVA, S.R.; MARIANTE, A.S.; CASTRO, S.T.R.; PAIVA, D.F.; COSTA, M.R.; CAETANO, A.R.; CIAMPI, A.Y. E CONTEL, E.P. B<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB s/n Final W5 Norte- Brasília-Brasil; e-mail: maues@cenargen.embrapa.br; <sup>2</sup> Embrapa Amazônia Oriental, <sup>3</sup> Universidade de São Paulo-USP- Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto - Departamento de Genética, <sup>4</sup> Estagiária.

Neste estudo foram analisados os rebanhos em conservação "in situ" de bubalinos da raça Carabao e do Tipo Baio, ambos considerados ameaçados de extinção, confrontados com a raça Murrah, a fim de avaliar a variabilidade genética nos mesmos. Os parâmetros genéticos foram estimados com base nas frequências alélicas de 14 locos microssatélites isolados para *Bos taurus*. Estes primers, marcados com fluorescência foram combinados em multiplexes e amplificados num volume de 20 µl de reação. A genotipagem foi realizada em seqüenciador automático modelo ABI 3100 da Applied Biosystems e os dados analisados nos programas: Genescan, Genotyper, Cervus, GENEPOP e AMOVA. O número médio de alelos detectados foi 6,21±1,85 e 6,21±1,97 e 7,43±1,83, para o Baio, Carabao e Murrah, respectivamente. As heterozigosidades esperada ( $H_e$ ) e observada ( $H_o$ ) foram, respectivamente, 0,570±0,053 e 0,461±0,018, para o Baio; 0,641±0,036 e 0,502±0,015 para o Carabao e 0,613±0,041 e 0,525±0,014 para a raça Murrah. O índice de consanguinidade ( $F_{IS}$ ) foi: 0,194; 0,218; e 0,145 para o Baio, Carabao e Murrah, respectivamente, sugerindo a necessidade de medidas preventivas para minimizar os efeitos da mesma. A análise de variância molecular (AMOVA) estimou uma divergência de 15,75% entre o Baio e o Carabao, de 15,36% entre o Murrah e o Carabao e de 7,64% entre o Baio e o Murrah. Embora haja maior similaridade entre os grupos, Baio e Murrah, os resultados confirmam tratar-se de grupos geneticamente distintos ( $P < 0,0005$ ) o que justifica a conservação do Baio, juntamente com o Carabao, como fonte de variabilidade genética no Brasil.

### EVOLUÇÃO NO REBANHO DE CONSERVAÇÃO DE CAPRINOS MOXOTÓ

Araújo, A.M.; Silva, F.L.R.; Motta, M.M.; Machado, T.M.M.; Santos, D.O.; Carvalho, G.M.C. Embrapa Caprinos, Embrapa Meio-Norte, Universidade Paulista, Universidade Federal de Viçosa, Brasil. Apoio Financeiro: FUNDECI/Banco do Nordeste; adriana@cpamn.embrapa.br

Os caprinos chegaram ao Brasil na época da colonização e foram adaptados para a convivência com o semi-árido nordestino, constituindo-se na principal fonte proteica do homem do campo nesta região. O aumento do interesse comercial pelos produtos caprinos levou ao processo sistemático de cruzamentos com raças exóticas mais produtivas, a fim de solucionar o baixo potencial genético do material existente. Entretanto, existe atualmente uma preocupação em conhecer e conservar o patrimônio genético dos ecotipos caprinos do Nordeste do Brasil, a fim de produzir de forma sustentável neste ecossistema. O rebanho de conservação da caprinos Moxotó da Embrapa Caprinos existe desde 1986 com a finalidade de subsidiar estudos nas diversas áreas da ciência animal. Foram utilizados neste trabalho 788 dados de cobrição e nascimento, obtidos em campo, para o acompanhamento da evolução do rebanho, compreendendo o período de 1994 a 2003. Foram observados o número de nascimentos e o tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), em relação ao ano de cobertura. Ne foi dado pelo número efetivo de fêmeas e machos em reprodução (Falconer, 1986). Observou-se um decréscimo significativo ( $p < 0,01$ ) do número de nascimentos a partir do ano de 1998. Este fator está associado também à redução do tamanho efetivo no rebanho, que passou de 22,4 para 11,3, de acordo com o número de machos e fêmeas adultos e desconsiderando a coancestralidade. O  $N_e$  encontrado está abaixo do recomendado pela FAO, que é de 50 animais, no mínimo. Tal redução do tamanho efetivo em rebanhos fechados de conservação implica em aumento da endogamia e coloca em risco a variabilidade genética do rebanho Moxotó.

**Palavras-Chave:** tamanho efetivo, endogamia, rebanho fechado, manejo

### TAXA DE NASCIMENTO NO REBANHO DE CONSERVAÇÃO DE CAPRINOS MOXOTÓ

Araújo, A.M.; Silva, F.L.R.; Motta, M.M.; Machado, T.M.M.; Santos, D.O.; Carvalho, G.M.C. Embrapa Caprinos, Embrapa Meio-Norte, Universidade Paulista, Universidade Federal de Viçosa, Brasil. Apoio Financeiro: FUNDECI/ Banco do Nordeste.; adriana@cpamn.embrapa.br

Foram utilizados neste trabalho 788 dados de nascimento obtidos em campo no rebanho de conservação da Embrapa Caprinos, Sobral, Ce, compreendendo o período de 1994 a 2003. A estação de cobertura ocorreu uma vez ao ano, e os nascimentos ocorreram no final da estação chuvosa. Na análise de variância, o peso das crias ao nascer (PN) foi analisado em função dos efeitos fixos de ano, sexo e tipo de nascimento. O peso da matriz ao parto (PP) foi correlacionado com o PN. As médias corrigidas obtidas foram 2,28 e 34,3 kg, respectivamente para PN e PP. O PN decresceu de 2,36 kg, em 1994, para 1,88 kg, em 2003, chegando a atingir 1,71kg em 1998 ( $p < 0,01$ ). O PP influenciou no PN, com uma correlação positiva de 0,35 ( $p < 0,01$ ). Estes dados indicam modificações no manejo do rebanho, provocando uma acentuada perda de peso dos cabritos ao nascer. Este fato pode estar associado a falta de alimentação adequada decorrente de períodos de estiagem prolongada e má distribuição de chuvas no Estado do Ceará nos últimos anos. Entretanto, como estudos complementares atribuem ao rebanho um tamanho efetivo reduzido e perda de variância genética, tal efeito pode ter origem na deriva genética. Os dados indicam que os rebanhos fechados de conservação correm o risco de redução de seu tamanho efetivo, com conseqüente efeitos ao desenvolvimento e evolução do rebanho, tais como redução do número de nascimentos e redução do peso ao nascimento.

**Palavras-chave:** peso ao nascer, peso ao parto

### CARACTERIZACIÓN DEL GEN DGAT1 EN EL BOVINO CRIOLLO URUGUAYO.

<sup>1</sup>Rincón, G.; <sup>2</sup>Armstrong, E.; <sup>3</sup>Martínez, A.; <sup>4</sup>Postiglioni, A.  
<sup>1</sup>Área Genética. Laboratorio de Análisis Genéticos en Animales Domésticos. Facultad de Veterinaria (UDELAR). Montevideo, Uruguay.; <sup>2</sup>Dpto. Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. España. (Convenio Facultad de Veterinaria/Servicios Parques del Ejército.); eileen.armstrong@gmail.com

La reserva de bovinos Criollos del Uruguay presenta una alta variabilidad genética, medida en base a la heterocigosidad demostrada por marcadores moleculares de tipo I y II. El objetivo es el análisis en esta población del gen que codifica la enzima diacil-glicerol acetil transferasa (DGAT1), enzima que cataliza el último paso en la síntesis de triglicéridos y que está relacionada con el porcentaje de grasa en la leche y de grasa intramuscular en bovinos. Se genotiparon 57 bovinos por medio de la técnica de PCR-RFLP. Se detectaron los dos alelos descriptos para este gen. La frecuencia del alelo A es de 0.842 y la del alelo K es de 0.158. La muestra se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg ( $p > 0.05$ ) y presenta una heterocigosidad esperada de 0.266 y un índice  $F_{IS}$  de 0.075. El alelo A se relaciona con un menor porcentaje de grasa, mayor porcentaje de proteína y mayor volumen de leche, al contrario que el alelo K. Las frecuencias alélicas halladas para este gen en la muestra analizada son similares a la mayoría de las razas bovinas de carne y a algunas razas lecheras. Este gen se localiza en una región cercana al microsatélite CSSM66, estudiado previamente en esta reserva, en el cromosoma BTA14. Se analiza el desequilibrio de ligamiento entre estos marcadores moleculares mediante el software GENEPOP. Este trabajo apoya el resultado de análisis anteriores en proteínas de la leche, que indican el gran potencial genético del bovino Criollo Uruguayo como animal productor de carne, leche o doble propósito.

**Palabras clave:** bovino Criollo Uruguayo, diacilglicerol acetiltransferasa (DGAT1), marcadores moleculares.