

Simposio Iberoamericano Sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos

Palmira - Valle - Colombia 11, 12 y 13 de noviembre de 2009
Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira

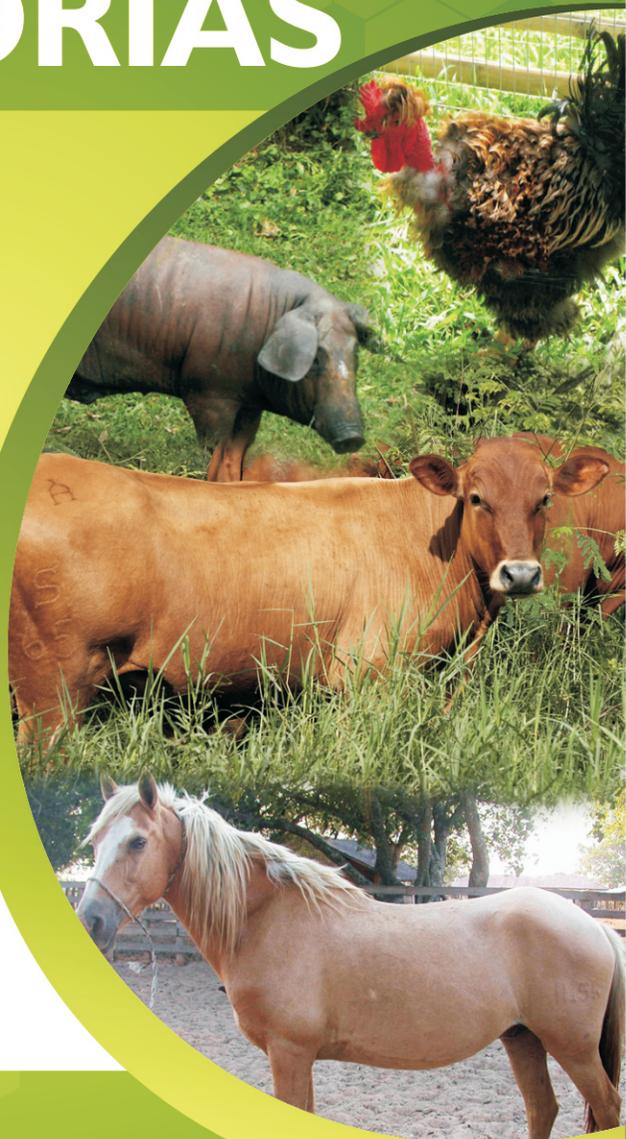
MEMORIAS

Editores

Luz Angela Alvarez Franco
Jaime Eduardo Muñoz Flores
Universidad Nacional de Colombia



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA
SEDE PALMIRA



ORIGEM E DIVERSIDADE MITOCONDRIAL DE RAÇAS ASININAS CRIADAS NO BRASIL

Leonardo Daniel de Almeida^{1*}, Arthur da Silva Mariante¹, Maria do Socorro Maués Albuquerque¹, José Vitor de Oliveira², Andréa Alves do Egito¹

¹ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil

² Instituto de Zootecnia de São Paulo, Colina, Brasil

*Mestrando FAV-UnB

Palavras-chave: *d-loop, raças crioulas, jumento, diversidade haplotípica*

Introdução

Os asininos foram domesticados há seis mil anos e estão associados a um vasto patrimônio de importância social, cultural e econômica, sendo utilizados principalmente para produção de híbridos, serviços de carga e transporte, e em alguns países para a alimentação humana (Cruz, 2002).

A mais aceita sobre a origem da espécie envolve a existência de dois troncos ancestrais africanos, um na região da bacia do Nilo (*Equus asinus africanus*) e outro na região da Somália (*Equus asinus somaliensis*).

No Brasil, destacam-se a criação de três raças de asininos, originadas das raças trazidas pelos colonizadores e do processo de seleção natural: a Nordestina, a Brasileira e a Pêga (Mariante & Cavalcante, 2000).

Dando prosseguimento aos trabalhos de caracterização das raças naturalizadas brasileiras, este trabalho objetivou verificar a origem e a diversidade haplotípica das raças asininas de maior ocorrência no Brasil, pelo sequenciamento e análise de parte da região controle do DNA mitocondrial.

Material e Métodos

Foram analisadas amostras provenientes de 59 animais das três raças asininas naturalizadas: Brasileira (N=20), Nordestina (N=19) e Pêga (N=20). Adicionalmente, incluiu-se 33 seqüências da região controle do mtDNA depositadas no GenBank, representando seqüências de raças asininas originárias da África, Ásia e Europa.

Uma seqüência de 643bp foi amplificada utilizando-se os *primers* j-dloop2 (5'-GCCATTCTTTCCCCTTAAA-3') e j-dloop4 (5'-GGGTTTGGCAAGATTGTGTT-3'), desenhados a partir da seqüência GI_1805746 (Xu *et al.*, 1996). As PCRs foram realizadas em uma temperatura de anelamento de 67°C com 1,5mM de MgCl₂. Após a amplificação as amostras foram purificadas pelo sistema Exo-SAP e a reação de sequenciamento foi realizada pelo método de terminação de cadeia utilizando dideoxynucleotídeos marcados com fluorocromos. A segunda purificação foi realizada utilizando EDTA e etanol. A eletroforese foi realizada em um sequenciador automático ABI PRISM 3130.

A edição, o alinhamento das seqüências, as análises de diversidade e distâncias genéticas, as análises de Network e a árvore filogenética foram realizados utilizando-se os softwares SeqScape v 2.5 (Applied Biosystems), MEGA v.3.0, DNA alignment, ARLEQUIN, DNASP, SplitTree4 e NETWORK 4.1.0.8.

Resultados e Discussão

As análises basearam-se em uma seqüência de 596pb, na qual foi observado um total de 16 haplótipos para as 59 amostras sequenciadas. A raça Brasileira apresentou apenas um haplótipo o qual foi compartilhado com as demais raças. Na raça Nordestina foram detectados dez haplótipos sendo nove destes específicos da raça, enquanto que na raça Pêga foram encontrados sete haplótipos sendo seis destes específicos. As raças brasileiras apresentaram uma maior diversidade nucleotídica (0,015) quando comparadas a raças européias (Ivankovic *et al.* 2002; Aranguren-Mendez *et al.*, 2004). A exceção foi a raça Brasileira que apresentou um único haplótipo. Isto pode ser explicado pelo fato de todas as amostras incluídas neste estudo terem sido oriundas do Núcleo de Conservação da raça, pertencente ao Instituto de Zootecnia de São Paulo.

A maior distância genética foi observada entre as raças Brasileira e Nordestina (0,022) enquanto que a menor distância foi entre as raças Brasileira e Pêga (0,014). Estes dados estão de acordo com a distribuição geográfica das raças, o que sugere uma possível origem comum para raças geograficamente mais próximas. A análise de Network revelou que as raças brasileiras se dividem em dois grandes haplogrupos. Estes dados sugerem que na formação das raças brasileiras houve a contribuição de linhagens maternas de diferentes origens, ou momentos distintos de introgressão de asininos no Brasil.

Pela análise de variância molecular (AMOVA) foi possível verificar que a 14% da variação observada ocorre entre os diferentes continentes analisados. Nas análises aos pares, verificou-se que não houve diferenciação significativa entre as raças brasileiras e os haplótipos asiáticos e europeus. Já em relação aos haplótipos africanos esta diferença foi significativa ($p < 0,001$). Dados históricos demonstram que as raças de asininos brasileiras derivam principalmente de raças ibéricas e estudos relatam que a maioria das raças européias tem origem a partir de raças asiática derivadas do tronco do *Equus asinus somaliensis* (Adametz, 1943; Epstein, 1984; Camac, 1989), o que elucidaria a proximidade das raças naturalizadas às raças asiáticas.

Pelas análises filogenéticas foi possível observar a existência de dois troncos de origem, sendo um compartilhado pelas raças brasileiras, européias e asiáticas que seria o tronco *Equus asinus somaliensis*, e outro dos haplótipos africanos sendo este o *Equus asinus africanus* (Figura 1), corroborando com os relatos a respeito da origem da espécie asinina (Adametz, 1943; Epstein, 1984; Clutton-Brock, 1987).

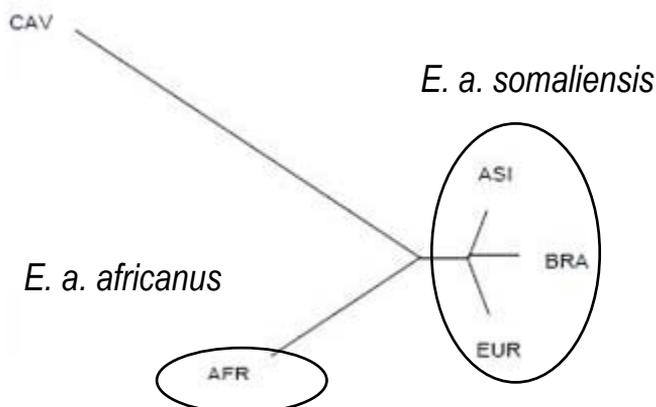


Figura 1. Árvore filogenética demonstrando a relação existente entre as raças dos diferentes continentes analisadas e seu tronco de origem, inferida a partir da análise da seqüência do d-loop de 299bp baseada na distância de Kimura 2p e agrupamento pelo método de Neighbor-joining. ASI – Ásia; BRA – Brasil; EUR – Europa; AFR – África e CAV – outgroup eqüino.

Conclusões

As raças asininas estudadas possuem uma alta diversidade nucleotídica na região controle do mtDNA, à exceção da raça Brasileiro.

As raças asininas brasileiras possuem haplótipos comuns às asiáticas e européias, confirmando dados históricos de sua origem.

Referencias

Adametz, L., 1943: Zootecnia General. Labor, Madrid, Espanha.

Aranguren-Méndez J.A., Beja-Pereira A., Avellanet R., Dzama K., Jordana J. (2004) Mitochondrial DNA variation and genetic relationships in Spanish donkey breeds (*Equus asinus*). *J. Anim. Breed. Genet.*, 121, 319–330.

Clutton-Brock, J., 1987: A Natural History of Domestic Mammals, vol 2. Cambridge University Press, Cambridge, MA.

Cruz, L.A., 2002. Ysigue la yunta andando, (Universidad de Chapingo, México).

Epstein, H. 1984. Ass, mule and onager. In: Mason, I. L. (ed.) Evolution of domesticated animals. pp 174-184. Longman, London and New York.

Ivankovic A, Kavar T, Caput P, Mioc B, Pavic V, Dovc P, 2002. Genetic diversity of three donkey populations in the Croatian coastal region. *Anim Genet* 33(3):169-77.

Mariante, A. Da S. E N. Cavalcanti. 2000. Animais do Descobrimento. Raças Domésticas da História do Brasil. Brasília: Embrapa Sede/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.232 p.:il.

Pinzón, E., 1995. Primero fue el Burro. Revista Carta Ganadera. Colombia, XXXII (8), 33-39

Xu, X.; Gullberg, A.; Arnason, U., 1996: The complete mitochondrial DNA (mtDNA) of the donkey and mtDNA comparison among four closely related mammalian species-pairs. J. Mol. Evol. 43: 438–446.