X 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

COLCIENCIAS COLOMBIA

UNIVERSIDAD DE CORDOBA

RED CONBIAND

Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales

ANÁLISE PRELIMINAR DA RELAÇÃO EXISTENTE ENTRE RAÇAS CRIOULAS COLOMBIANAS E BRASILEIRAS MEDIANTE O USO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

Andrea A Egito[1], Gloria Barrera[2], Paola Cuartas[2], Maria do Socorro Maues Albuquerque[1], Arthur Mariante[1]
[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil (egito@cenargen.embrapa.br) [2]Corpoica Tibaitata, Bogotá, Colômbia (barreragloria2003@yahoo.es)

Introdução

Na América do Sul os animais domésticos foram introduzidos na época das colonizações sendo estes trazidos, na sua maioria, da Península Ibérica. Esses animais, acompanhando a ocupação humana, se distribuíram por todo território e por seleção natural adaptaram-se às condições ambientais distintas, a ponto de apresentarem características adaptativas específicas às regiões onde vivem. Estas raças aqui desenvolvidas passaram a ser conhecidas como "crioulas", "locais" ou "naturalizadas" (Mariante & Egito, 2002). Após a introdução de raças especializadas muitas destas populações entraram em franco declínio e graças a esforços que vem sendo envidados nos diferentes países da América do Sul, várias destas populações foram salvaguardadas da extinção.

Visando aumentar o conhecimento acerca das relações genéticas existentes entre as raças naturalizadas da Colômbia e do Brasil com o intuito de contribuir de forma integrada para a obtenção de um panorama geral da diversidade genética existente na espécie bovina da América do Sul aprovou-se no âmbito do programa de cooperação internacional entre o COLCIÊNCIAS e o CNPq um projeto que está caracterizando 16 raças destes países por meio de marcadores microssatélites. Este trabalho apresenta resultados parciais obtidos na análise da diversidade genética destas populações.

Materiais e Métodos

Foram analisados 261 indivíduos não aparentados pertencentes a 15 raças bovinas a saber: (1) crioulas colombianas - Bon (BON), Costeño con Cuernos (CCC), Casanareño (CS), Caqueteño (CQ) e San Martinero (SM); (2) crioulas do Brasil – Pantaneira (PAN), Mocho Nacional (MN),

Crioula Lageana (CL), Curraleira (CU), Caracu (CAR); (3) raças taurinas especializadas criadas no Brasil - Holandês (HOL) e Jersey (JER) e (4) raças zebuínas brasileiras - Nelore (NEL), Gir (GIR) e Guzerá (GUZ).

Cinco locos microssatélites recomendados pela ISAG e/ou a FAO foram analisados, sendo estes: INRA35, HEL9, INRA37, ILSTS05 e ETH152. As PCRs foram realizadas em um sistema multiplex e a genotipagem dos alelos foi realizada em seqüenciador automático de DNA (modelo 3700) utilizando-se um padrão interno marcado com Rox.

Estimativas de variabilidade genética para cada raça foram calculadas utilizando a ferramenta Microsatellite do Excel e o programa CERVUS. O programa FSTAT foi utilizado para calcular a riqueza alélica (AR) padronizada para variações no tamanho amostral. Uma análise hierárquica de variância foi realizada pelo método de análise da variância molecular (AMOVA) implementado

no pacote ARLEQUIN. A distância de Reynold´s (F_{ST}) foi calculada utilizando-se o FSTAT. Um gráfico baseado no método de aglomeração *Neigbor-Net* (Bryant and Moulton 2004) foi construído baseado com o programa SplitsTree4.

Resultados e Discussão

Foram observados 57 alelos nos 261 indivíduos analisados. O número médio de alelos por locos foi de 11,40 variando de 9 (ILSTS05) a 14 (INRA37) alelos. A heterozigosidade total média esperada foi de 0,796 enquanto que a média do conteúdo de informação polimórfica (PIC) foi de 0,769.

Todos os locos analisados apresentaram desvios significativos ($p<0,01$) do equilíbrio de Hardy-Weimberg (HW), caracterizando a existência de populações geneticamente subdivididas, o que corrobora outros dados estatísticos que comprovam a diferenciação genética das raças analisadas ($P<0,001$).

Os parâmetros de diversidade genética para todas as raças podem ser observados na Tabela 1. A raça JER e a SM apresentam os menores índices de He. Excetuando-se a raça CS, as demais raças colombianas apresentam valores de diversidade inferiores às raças brasileiras, este fato é condizente com históricos de seleção que já efetuados nas raças colombianas. Índices de endogamia preocupantes só foram verificados para as raças CS, SM, CU e HOL. De um modo geral as raças apresentaram índices elevados de heterozigosidade. Barrera et al. (2006) observaram valores de diversidade superiores para a raça SM para 12 locos microssatélites. Esta discrepância pode ser devida ao baixo número de marcadores analisados até o momento e a baixa variabilidade observada em locos como o ILSTS5.

Tabela 1. Resumo dos parâmetros estatísticos para as 15 raças analisadas. He – Heterozigosidade esperada ou diversidade gênica de Nei, Ho – heterozigosidade observada, AR – riqueza alélica.

Raça	N	He	Ho	AR	F_{IS}
BON	18	0,5933	0,5778	4,01	0,027
CCC	18	0,5448	0,5000	4,04	0,084
CS	18	0,7239	0,6412	5,85	0,117
SM	18	0,4778	0,4111	2,94	0,143
CQ	18	0,6778	0,6333	4,83	0,067
CU	18	0,7314	0,6333	5,18	0,138
JER	9	0,4706	0,4444	3,40	0,059
CL	18	0,7692	0,7444	5,66	0,033
PAN	18	0,6848	0,6333	5,14	0,077
CAR	18	0,6479	0,6111	3,98	0,058
HOL	18	0,6805	0,5708	4,34	0,165
MN	18	0,7197	0,6556	5,09	0,091
GIR	18	0,7679	0,7778	6,01	-0,013
GUZ	18	0,6594	0,6556	5,37	0,006
NEL	18	0,7102	0,6778	5,01	0,047
Total		0,657	0,6112	6,38	0,073

Na análise da estrutura populacional realizada pelo AMOVA foi observado que a maior porcentagem da variação genética está dentro das raças (82,42%) enquanto 17,58% ocorriam devido a diferenças entre as raças estudadas ($P=0,000$). Estes valores foram superiores ao observado para raças da Península Ibérica analisadas por Jordana *et al*. (2003) e Mateus *et al.,*

(2004), e para raças brasileiras analisadas por Egito *et al.* (2007) os quais observaram valores de 6,8%, 8,96% e 11,87% respectivamente.

Pela matriz de diferenciação genética aos pares contendo valores de F_{ST} pode-se observar que dentre as raças colombianas e brasileiras as que mais se diferenciaram foram as raças SM e PAN (0,33) enquanto que as raças CQ e CU apresentaram os menores índices de diferenciação (0,09). A raça SM foi a que mais se diferenciou da raça Nelore (0,328). De maneira geral os valores obtidos na comparação aos pares entre as raças naturalizadas foi menor que os observados para as outras raças, demonstrando mais uma vez sua origem comum. Estes dados também são condizentes com o observado no gráfico Neighbor-Net baseado nestes índices de diferenciação.

Um número maior de locos microssatélites e indivíduos serão analisados visando confirmar os resultados obtidos até o presente momento.

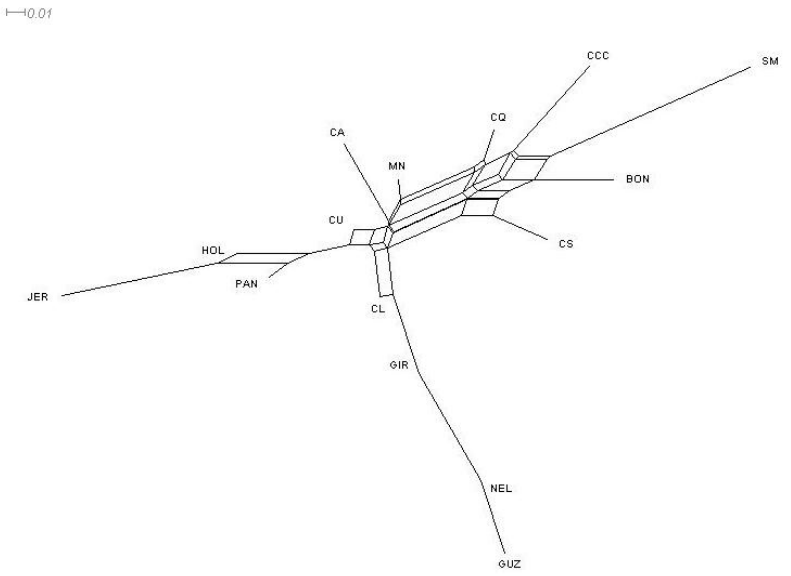

Figura 1. Gráfico Neighbor-Net obtido a partir de 5 locos microssatélites.

Conclusões

Todas as populações analisadas podem ser consideradas entidades genéticas distintas e Embora as raças naturalizadas da Colômbia e do Brasil tenham uma origem semelhante às mesmas agrupam-se de modo distinto

Referências

Bryant, D. & Moulton, V. (2004) Neighbor-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. Mol. Biol. Evol. 21(2), 255-65.

Egito, A.A., Paiva, S.R., Albuquerque, M.S.M. et al. (2007) Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. BMC Genet. 8, 83.

Barrera GP, Martinez R, Perez J, Polanco J, Ariza F. Evaluación de la Variabilidad Genética en GanadoCriollo Colombiano mediante 12 marcadores microsatelite. Animal Genetic Resources Information. , v.38, p.35 - 45, 2006

Jordana, J., Alexandrino, P., Beja-Pereira, A. et al. (2003) Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. J. Anim. Breed. Genet. 120, 73-87.

Mariante, A.S. & Egito, A.A. (2002) Animal genetic resources in Brazil: result of five centuries of natural selection. Theriogenology 57(1), 223-35.

Mateus, J.C., Penedo, M.C., Alves, V.C. et al. (2004) Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. Anim. Genet. 35(2), 106-13.