



ANIMAIS

ANÁLISE FILOGENÉTICA EM BÚFALOS DE RIO (*BUBALUS BUBALIS BUBALIS*) E DE PÂNTANOS (*BUBALUS BUBALIS KEREBAU*) NO BRASIL

Maria do Socorro Maués Albuquerque¹; Andréa Alves do Egito¹; Leonardo Daniel Almeida²; Anna Flávia de Araújo Fernandes³; José Ribamar Felipe Marques⁴; Arthur da Silva Mariante¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Bolsista da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ³Estudante de Graduação; ⁴Embrapa Amazônia Oriental – maues@cenargen.embrapa.br; egito@cenargen.embrapa.br; daniell@cenargen.embrapa.br; nasflavia@yahoo.com.br; marques@cpatu.embrapa.br; mariante@cenargen.embrapa.br;

Palavras-chave: bubalinos, d-loop, DNA mitocondrial, caracterização genética

A análise da diversidade genética existente na seqüência de mtDNA têm demonstrado o potencial desta ferramenta para o conhecimento da origem e natureza dos processos de domesticação, bem como para estudos a respeito da diversificação das populações atuais de diferentes espécies, incluindo a bubalina. O objetivo deste trabalho foi estimar a variabilidade genética e as relações filogenéticas em grupos de búfalos criados no Brasil. Foram amostrados quarenta e sete (47) búfalos de rio das raças Mediterrâneo, Jafarabadi, Murrah e grupo Baio, e onze (11) búfalos de pântano da raça Carabao. Parte da região D-loop foi amplificada via PCR utilizando primers descritos na literatura para a espécie bovina. O fragmento amplificado de 375bp foi sequenciado após purificação com as enzimas Exo I – sAP (1:1). As seqüências obtidas foram alinhadas e editadas utilizando-se o programa SeqScape v2.5 tendo como referência a seqüência AF547270. As seqüências editadas de 223bp foram alinhadas e analisadas juntamente com outras 869 seqüências disponíveis no GenBank utilizando-se o programa MEGA. As análises das seqüências revelaram 12 haplótipos diferentes e 23 sítios polimórficos ou SNPs. A análise de variância molecular (AMOVA) demonstrou que a variação entre e dentro dos grupos genéticos foi de 30,49% e 69,50%, respectivamente, sendo a primeira, considerada significativa. Na análise de network realizada foram observados dois grupos distintos entre búfalos de rio e de pântano. Entre os grupos de búfalos de rio o Baio é o que apresenta maior proximidade com o Carabao. Este resultado pode estar relacionado ao fato de que tanto o Carabao como o Baio são formados exclusivamente por animais da Embrapa que vem sendo mantidos em áreas contíguas podendo ter sofrido cruzamentos no passado. Já os grupos Jafarabadi, Mediterrâneo e Murrah são formados por animais de diferentes rebanhos e regiões. Verificou-se a introgressão de haplótipos Murrah em várias raças, mostrando a influência desta raça na formação do rebanho bubalino brasileiro.