

RESÚMENES



25 al 27 de OCTUBRE 2017

CHIQUIMULA, GUATEMALA

DIVERSIDADE GENÉTICA DE OVINOS MORADA NOVA COM EMPREGO DE MICROSSATÉLITES.

Lara M.A.^{1*}, Cavalcante-Neto A.¹, Santos-Silva M.F.², Ribeiro M.N.³, Juliano R.S.⁴, Landi V.⁵

¹Instituto de Zootecnia, Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, Brasil. *malara@iz.sp.gov.br

²Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Unidade de Genética, Reprodução e Melhoramento Animal – INRB. Vale de Santarém. Portugal

³Departamento de Zootecnia. Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil.

⁴Embrapa Pantanal. Corumbá, MS. Brasil.

⁵Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, España.

Palavras chave:

Caracterização genética

PCR

Marcador molecular

Raça nativa

Resumo

A raça Morada Nova foi formada na região Nordeste do Brasil, a partir de cruzamentos de ovelhas de origem portuguesa com ovinos deslanados africanos, introduzidos no período colonial. Devido à sua excelente adaptabilidade e boa eficiência alimentar nas condições áridas do Nordeste brasileiro, essa raça é considerada de grande importância econômica. Com o objetivo de conhecer a variabilidade genética da raça Morada Nova bem como verificar possível diferenciação genética entre suas subpopulações, genotiparam-se 50 indivíduos, oriundos de Pernambuco – MN1 (n=20) e de São Paulo - MN2 (n=30), utilizando-se 30 microssatélites. Esses marcadores foram selecionados segundo recomendações da FAO/ISAG e do Consórcio BIOVIS da Rede Conbiand, sendo amplificados por PCR/multiplex. Para a identificação dos genótipos, os amplificados foram submetidos à eletroforese capilar com sequenciador ABI3130 e o programa *Gene Mapper*. O número de alelos, frequências alélicas, heterozigosidade esperada (H_e), observada (H_o) e os valores de PIC foram calculados com o auxílio do programa *Cervus*, e a estimativa de F_{st} através do programa GENEPOP. Um total de 205 alelos foi detectado em MN1, com média de 6,833 e variando entre 2 (ETH10) e 13 (INRA35) e em MN2 190 alelos, com média de 6,8, variando entre 3 (MAF65) a 11 (INRA006). A maioria dos *loci* utilizado apresentou valores de PIC superiores a 0,50, podendo ser considerados muito informativos, exceto MAF214 e INRA172 para a MN1 e CSM66, ETH10, MAF214, INRA35, INRA172, INRA23 e RM009 para MN2. Os valores de F_{is} revelaram déficit de heterozigotos para MN1 (0,169) e MN2 (0,157). A diferenciação genotípica entre MN1 e MN2 não foi significativa ($P > 0,05$), indicando que a maior parte da variabilidade observada ($F_{st} = 0,082$) é essencialmente dentro de cada subpopulação, podendo ser consideradas como pertencentes à mesma população.