



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E VETERINÁRIA**

**ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS  
DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES DE BASE ÚNICA (SNP - SINGLE  
NUCLEOTIDE POLYMORPHISM)**

**NATÁLIA MARTINS DE TOLEDO**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM CIÊNCIAS ANIMAIS**

**BRASÍLIA/DF  
MARÇO DE 2014**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E VETERINÁRIA**

**ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS  
DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES DE BASE ÚNICA (SNP - SINGLE  
NUCLEOTIDE POLYMORPHISM)**

**Aluna: Natália Martins de Toledo**

**Orientador: Samuel Rezende Paiva**

**Co-Orientadora: Concepta Margaret McManus Pimentel**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM CIÊNCIAS ANIMAIS**

**PUBLICAÇÃO: 105/2014**

**BRASÍLIA/DF  
MARÇO DE 2014**

## REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA E CATALOGAÇÃO

**TOLEDO, N. M. Estudo da estrutura genética de ovinos localmente adaptados do Brasil por meio de marcadores de base única (SNP – Single Nucleotide Polymorphism). Brasília:** Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2014, 88 p. Dissertação de Mestrado.

Documento formal, autorizando reprodução desta dissertação de mestrado para empréstimo ou comercialização, exclusivamente para fins acadêmicos, foi passado pelo autor à Universidade de Brasília e acha-se arquivado na Secretaria do Programa. O autor e o seu orientador reservam para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor ou do seu orientador. Citações são estimuladas, desde que citada a fonte.

### FICHA CATALOGRÁFICA

**TOLEDO, N. M. Estudo da estrutura genética de ovinos localmente adaptados do Brasil por meio de marcadores de base única (SNP – Single Nucleotide Polymorphism). Brasília:** Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2014, 88p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2014.

1. Raças localmente adaptadas.
2. Caracterização de ovinos.
3. Diversidade genética de ovinos.

CDD ou CDU

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA  
FACULDADE DE AGRONOMIA E VETERINÁRIA**

**ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS  
DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES DE BASE ÚNICA (SNP - SINGLE  
NUCLEOTIDE POLYMORPHISM)**

**NATÁLIA MARTINS DE TOLEDO**

**DISSERTAÇÃO DE MESTRADO SUBMETIDA AO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS  
ANIMAIS, COMO PARTE DOS REQUISITOS  
NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE MESTRE  
EM CIÊNCIAS ANIMAIS.**

**APROVADO POR:**

---

**SAMUEL REZENDE PAIVA  
PESQUISADOR – EMBRAPA  
(ORIENTADOR)**

---

**ALEXANDRE RODRIGUES CAETANO  
PESQUISADOR – EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA  
(EXAMINADOR INTERNO)**

---

**OLIVARDO FACÓ  
PESQUISADOR – EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS  
(EXAMINADOR EXTERNO)**

**BRASÍLIA/DF, 28 de março de 2014**

## **AGRADECIMENTOS**

Á Deus pelas oportunidades de me tornar uma pessoa melhor, me iluminar e me dar forças para seguir em frente.

Aos meus pais por todo amor, dedicação e valores de honestidade, compromisso e dignidade transmitidos. Amo vocês.

A minha irmã pelos conselhos e apoio. Obrigada por estar sempre presente em minha vida e me ensinar a não desistir.

Ao Leonardo pela amizade e carinho. Obrigada por ser um companheiro tão maravilhoso e paciente.

À amiga Rosângela pelos conselhos sempre pontuais e por me incentivar a ingressar no mestrado.

Ao Orientador, PhD. Samuel Rezende Paiva por toda atenção, paciência e apoio. Obrigada pela confiança e pelos conhecimentos passados.

A Co-Orientadora DPhil. Concepta McManus, pelas orientações, contribuições essenciais, sugestões e eficiência. Obrigada por sua grande disposição em ensinar.

A todos os professores pela dedicação e contribuição com minha formação profissional.

Ao Laboratório de Genética Animal – Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – e a todos os seu pesquisadores por terem possibilitado a análise dos dados.

À Universidade de Brasília, em especial a Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária pela oportunidade.

Aos pesquisadores que coletaram as amostras.

Á FAPDF e aos projetos CNPQ: 474330/2010-9 e 556698/2010-0.

## ÍNDICE

### CAPÍTULO I

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo Geral.....	4
2.2. Objetivos Específicos.....	4
<b>3. REVISÃO DA LITERATURA</b> .....	5
3.1. Origem e Domesticação dos Ovinos.....	5
3.2. Raças Localmente Adaptadas Brasileiras .....	8
3.3. Conservação dos Recursos Genéticos Animais .....	11
3.4. Caracterização dos Recursos Genéticos Animais .....	13
3.5. Estudos Moleculares .....	14
3.5.1. Microssatélites (SSR) .....	16
3.5.2. Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) .....	17
3.5.3. Microssatélites x SNPs .....	18
3.5.4. DNA mitocondrial .....	19
3.5.5. Cromossomo Y .....	20
3.6. Diversidade Genética das Raças Localmente Adaptadas Brasileiras .....	21
<b>4. LITERATURA CITADA</b> .....	25

### CAPÍTULO II

<b>1. RESUMO</b> .....	36
<b>2. ABSTRACT</b> .....	38
<b>3. INTRODUÇÃO</b> .....	39
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	41
<b>5. RESULTADOS E DISSCUSSÃO</b> .....	46
5.1. Resultados .....	46
5.1.1. Diversidade genética intra-racial .....	46
5.1.2. Diversidade genética inter-racial .....	50
5.1.2.1. Estrutura genética fina dos grupos .....	53
5.2. Discussão .....	63
5.2.1. Diversidade genética intra-racial .....	63
5.2.2. Diversidade genética inter-racial .....	64
5.2.2.1. Estrutura genética fina dos grupos .....	66
<b>6. CONCLUSÕES</b> .....	69
<b>7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	70
<b>8. ANEXOS</b> .....	74

## RESUMO

### ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES DE BASE ÚNICA (SNP - SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM)

Natália Martins de Toledo<sup>1</sup>  
Samuel Rezende Paiva<sup>2</sup>

1 – Mestranda na UnB, Brasília/DF

2 – Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília/DF

Brasil possui diversas raças ovinas no seu território que surgiram em consequência tanto de múltiplas introduções desde o período da colonização bem como de eventos genéticos e demográficos. De forma a aumentar a compreensão da formação desses grupos genéticos, o objetivo dessa dissertação foi analisar a distribuição da diversidade genética de 721 indivíduos de 30 raças por meio do *ovine* SNP50 BeadChip. Foram utilizados oito grupos genéticos brasileiros, cinco deslanados e três lanados. Além disso, mais 22 raças foram analisadas como possíveis fundadoras das raças brasileiras. A partir dos resultados das distâncias genéticas geradas pelo índice  $F_{st}$  foi possível identificar que existem duas fontes de variação principais para as raças brasileiras: uma de origem Africana e outra com origem na região Mediterrânea da Europa. As raças lanadas Crioula e Bergamácia apresentaram maior proximidade genética com raças coletadas nas Américas (Corriedale, Gulf Coast Native, Ile de France, Hampshire e Suffolk) e Caribe (St.Elizabeth) do que com raças européias mediterrâneas. A análise de componentes principais (PCA) confirmou a proximidade genética entre as populações de Santa Inês e Bergamácia, e de Morada Nova com Rabo Largo observadas anteriormente com marcadores microssatélites. Além disso, a raça Somalis apresentou uma maior homogeneidade genética e diferenciação entre as raças localmente adaptadas. O grupo genético Pantaneiro apresentou relativa diferenciação genética da raça Crioula bem como uma maior proximidade

da raça Bergamácia Brasileira. Os resultados desse estudo serão usados para direcionar o enriquecimento do Banco de germoplasma existente, bem como fornecer subsídios para as associações de criadores sobre a diversidade genética existente dentro de cada raça.

**Palavras-chave:** *Ovis aries*, manejo genético de pequenas populações, conservação dos recursos genéticos animais, diversidade genética, marcadores moleculares.



## ABSTRACT

### STUDY OF GENETIC STRUCTURE OF BRAZIL LOCALLY ADAPTED SHEEP BY SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM MARKERS

Brazil has several sheep breeds in their territory that arose as a result of multiple introductions from the period of colonization as well as genetic and demographic events. In order to increase the understanding of the formation of these genetic groups, the goal of this dissertation was to analyze the distribution of genetic diversity of 721 individuals of 30 breeds through the ovine SNP50 BeadChip. Five Brazilian hair sheep breeds and three wool sheep breeds were used. In addition another 22 breeds were analyzed as possible founders of Brazilian breeds. Based on the results of genetic distances generated by  $F_{st}$ , two sources of variation for Brazilian breeds were found: one African and an other Mediterranean. The Crioula Lanada and Bergamacia showed greater genetic proximity breeds collected in the Americas (Corriedale, Gulf Coast Native, Ile de France, Hampshire e Suffolk) and the Caribbean (St.Elizabeth) than Mediterranean European breeds. Principal Components Analysis (PCA) detected close genetic relationships among populations of Santa Ines and Bergamacia, and Morada Nova with Rabo Largo, previously observed with microsatellite markers. In addition, the Somalis showed greater integrity and genetic differentiation between the locally adapted breeds. The analyzes are indicative of differentiation between Pantaneiro and Crioula Lanada, but are not conclusive to the general understanding of the sheep group Pantaneiro. The results of this study will be used to direct enrichment of the Bank of germplasm and to give subsidies to breeders associations on the genetic diversity within each breed.

**Key Words:** *Ovis aries*, locally adapted breeds, genetic management of small populations, conservation of animal genetic resources, genetic diversity, molecular markers.

## CAPÍTULO I

### 1. INTRODUÇÃO

As evidências recentes da origem do gênero *Ovis* remontam a região Central da Ásia (Rezaei et al., 2010). A domesticação dos ovinos (*Ovis Aries*) provavelmente ocorreu na região do Crescente Fértil - Oriente Médio cerca de 9.000-8.000 anos atrás, de onde as comunidades neolíticas migraram com os animais para outras regiões como Europa, Ásia e África (Ryder, 1984; Meadows et al., 2010).

As raças brasileiras de ovinos descendem de animais trazidos com os colonizadores portugueses e espanhóis, em múltiplas introduções que se iniciaram após o descobrimento e se estenderam até o final do século XVIII. Alguns destes animais sobreviveram às condições ambientais nas diversas regiões do país e fixaram algumas características em relação aos seus estoques ancestrais, de forma que atualmente são conhecidas como raças localmente adaptadas, “crioulas” ou “naturalizadas” (Paiva, 2005c; Mariante et al., 2008).

A busca por raças mais produtivas fez com que, a partir do final do século XIX e início do século XX, houvesse importações de raças especializadas para o Brasil, principalmente de origem europeia e, mais recentemente, da África do Sul. Esse processo promoveu tanto rápida substituição dos grupos locais como vários eventos de introgressão entre raças locais e especializadas (Mariante et al., 2009). Atualmente a distribuição de ovinos no Brasil concentra genótipos lanados nas regiões Sul e Sudeste, enquanto nas demais regiões predominam os genótipos deslanados (McManus et al., 2014).

Há um consenso na comunidade científica de que os estudos de estrutura de populações são aspectos essenciais para a gestão dos recursos genéticos, em razão de permitirem, dentre outros aspectos, a identificação dos principais conjuntos genéticos existentes dentro de uma raça. Técnicas baseadas em identificar polimorfismos no DNA (marcadores

moleculares) têm sido consideradas ferramentas adequadas para identificar esses padrões de estruturação, bem como para quantificar as diferenças ou semelhanças genéticas (Bruford & Townsend, 2006; Toro et al., 2008; Kijas et al., 2012b).

Os microssatélites e os polimorfismos de base única (SNPs) são os marcadores moleculares mais utilizados para estudos de variação genética (Toro et al., 2008). Como mencionado, os estudos realizados com estes marcadores possibilitam o aumento do conhecimento sobre a estrutura de populações existentes por meio da quantificação das variabilidades genéticas intra e inter-raciais, além de contribuir para identificação de regiões do genoma associadas a características quantitativas de interesse econômico.

No Brasil, a partir de 2005, alguns estudos quantificaram a diversidade genética das raças das raças ovinas localmente adaptadas com marcadores microssatélites e mitocondriais (e.g. Paiva, 2005c; Crispim et al., 2013). Dentre os principais resultados observados destacam-se que todas as raças localmente adaptadas do Brasil pertencem ao haplogrupo mitocondrial B (Paiva et al., 2005b,c), bem como existem evidências de sub-estruturação genética das raças Morada Nova (Ferreira et al., 2014) e Santa Inês (McManus et al., 2010). Apesar de vários conhecimentos terem sido agregados a estes estudos, não foi possível, por exemplo, identificar a origem das principais raças localmente adaptadas brasileiras.

Recentemente, o Consórcio Internacional do Genoma Ovino (*International Sheep Genomics Consortium*, ISGC, 2006) validou um painel de 60.000 marcadores SNP em 2819 animais provenientes de 74 raças de ovinos (Kijas et al., 2012a). O Brasil foi o único país da América do Sul a participar do Consórcio, com DNA de 98 animais, de três raças localmente adaptadas que compõem o programa de conservação e uso sustentável de recursos genéticos animais da Embrapa: Santa Inês, Morada Nova e Crioula. A participação brasileira foi coordenada pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e contou com a participação de outras seis unidades da Embrapa, quatro Universidades e uma Agropecuária, cujo os rebanhos estão associados ao programa GENECOC da Embrapa Caprinos e Ovinos. Esta ação foi coordenada dentro do âmbito da Rede Genômica Animal que a EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia lidera desde 2008.

O principal resultado para as raças brasileiras obtido no trabalho de Kijas et al. (2012a) foi a confirmação da existência de duas fontes principais de variação: uma das raças da Europa Mediterrânea e outra das raças da África. No entanto, não foi possível explorar mais profundamente a estrutura populacional mais fina das raças brasileiras. Desta forma, este

presente trabalho visa aumentar o conhecimento sobre a estrutura populacional das raças de ovinos do Brasil a partir da genotipagem, com o Bead Chip Ovino com 60.000 marcadores SNP, de novas raças brasileiras não amostradas no trabalho de Kijas et al., (2012a).

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo Geral**

Estudar os padrões de estruturação genética de raças localmente adaptadas de ovinos no Brasil de forma a inferir as principais origens dos grupos lanados e deslanados.

### **2.2. Objetivos Específicos**

- Analisar a influência de raças especializadas na composição genética atual de raças brasileiras localmente adaptadas lanadas e deslanadas;
- Identificar as principais fontes de variação genética das raças localmente adaptadas brasileiras

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Origem e Domesticação dos Ovinos

Os ovinos domésticos pertencem à família *Bovidae*, gênero *Ovis* e espécie *Ovis aries*. Possuem  $2n = 54$  cromossomos e, apesar de haver variação entre as espécies selvagens de 52 a 58 cromossomos, os cruzamentos podem gerar descendentes férteis. As diferenças no número de cromossomos não impedem o pareamento dos cromossomos, visto que neste caso, são provocados por fusões e translocações (Scherf, 2000).

Vários grupos selvagens do gênero *Ovis*, altamente polimórficos, têm sido propostos como ancestrais dos ovinos domésticos ou acredita-se terem contribuído para formação de raças específicas. (Hiendleder, et al., 2002). Inicialmente foram reconhecidos quatro principais grupos dos ancestrais ovinos: o Argali (*O. ammon*,  $2n = 56$ ) da Ásia Central; o Bighorn (*O. canadensis*,  $2n = 54$ ) da América do Norte; o Urial (*O. vignei*,  $2n = 58$ ) amplamente distribuído na Ásia Menor; e o Mouflon Europeu (*O. musimon*,  $2n = 54$ ) e Asiático (*O. orientalis*,  $2n = 54$ ) (Ryder, 1984; Rezaei, 2010).

Não se tem conhecimento sobre raças com número de cromossomos ímpares, apesar da suposta hibridação entre os grupos selvagens. A hibridação entre Argali e Mouflon esclareceu um pouco melhor esse fato, quando se descobriu que as fêmeas híbridas, com 55 cromossomos, produziam óvulos com 54. Isso sugere seleção pré-zigótica em direção a um menor número de cromossomos, e demonstra que os 54 cromossomos da espécie ovina doméstica moderna podem não ter descendido, necessariamente, apenas do Mouflon. Os ovinos atuais poderiam ter surgido do cruzamento entre o Mouflon e outro tipo selvagem, resultante da seleção de um número de cromossomos reduzido (Ryder, 1984).

Entretanto, acredita-se ainda que grande parte das raças ovinas seja descendente do Mouflon (Scherf, 2000; Hiendleder et al., 2002). Segundo Chessa et al. (2009) e Meadows et al. (2011), os ovinos domésticos descenderam de eventos de domesticação a partir do

Mouflon Europeu, mais recentemente. Desse modo, o Mouflon europeu não seria considerado um potencial ancestral selvagem antigo dos ovinos domésticos, mas uma linhagem remanescente das primeiras populações domésticas que entraram na Europa (Hermans, 1996). De acordo com os resultados de Rezaei et al. (2010) com Citocromo B e filogenias combinadas, o *O. musimon* parece estar claramente dentro do clado *O. orientalis*. Isso apoia estudos anteriores que consideraram o Mouflon Europeu como uma subespécie do Mouflon Asiático (Valdez, 1982; Wilson & Reeder, 1993).

A filogeografia do *Ovis*, com base em dados mitocondriais e nucleares, mostra que a evolução deste gênero é um exemplo de eventos de especiação sucessivos, ocorridos durante as migrações da área ancestral – Ásia Central (Rezaei et al., 2010). Portanto, as raças domésticas de ovinos são provavelmente descendentes a partir do Mouflon selvagem da Ásia (*O.orientalis*).

Estudos de história recente sugerem que o Mouflon Europeu foi submetido a gargalo populacional e efeito fundador (Naitana et al., 1990; Montelgard et al., 1994). Portanto, segundo Bruford & Townsend (2006), inferências genealógicas entre o Mouflon Europeu e os animais domésticos requerem múltiplos marcadores para lidar com a falta de variabilidade no Mouflon. Análises de proteínas do sangue sugerem que a variabilidade genética é maior dentro e entre raças de os ovinos domésticos do que entre as espécies de seus parentes selvagens, provavelmente resultado da maior deriva genética após os processos de domesticação (Scherf, 2000).

Contudo, Kijas et al. (2012a), ao estudarem a mistura histórica e assinaturas de seleção recentes, observaram que 75% das raças ovinas modernas analisadas mantiveram um tamanho efetivo populacional acima de 300, resultados maiores do que os encontrados em bovinos e cães. Sugeriram que este tamanho foi devido a uma elevada heterogeneidade antes da domesticação, com gargalo genético menor do que outras espécies domésticas. É possível que a persistência dos cruzamentos com as populações selvagens, mesmo após os eventos iniciais de domesticação, justifique a diversidade das raças observada no referido trabalho. Pesquisas de variabilidade no mtDNA de ovinos apoiam a idéia da ampla base genética destes animais durante a domesticação, com no mínimo 5 linhagens observadas dentro das raças modernas (Tapio et al., 2006; Pereira et al., 2006; Meadows et al., 2007; Meadows et al., 2011).

O processo de domesticação de animais foi iniciado aproximadamente 11.000 anos atrás no Crescente Fértil - Oriente Médio (Zeder, 2008). Evidências arqueológicas sugerem que os ovinos foram domesticados pela primeira vez nesta região, cerca de 9.000-

8.000 anos atrás (Ryder, 1984), e provavelmente passaram à África e ao Sul da Europa, já domesticados (Mariante & Cavalcante, 2006).

Segundo Primo (2004), os primeiros animais domésticos (ovinos, caprinos, bovinos, aves, equinos e suínos) chegaram à América do Sul com Cristóvão Colombo em 1493 (Primo, 2004). La Española (hoje República Dominicana e Haiti), local de desembarque, serviu como um ponto de disseminação dessas espécies para o restante do continente. Não existem registros da introdução de ovinos, provenientes diretamente da Europa para o Brasil (Rodero et al., 1992), e acredita-se que estes animais foram introduzidos via Paraguai (por Ñuflo de Chaves em 1549 e Felipe de Cáceres em 1569) e Argentina (por Juan de Garay em 1580). Os ovinos estavam entre os animais inscritos nas "capitanias" de Pero de Magalhães em 1576 (Gândavo, 1980) e foram enviados para a Bahia em 1587 (Sousa, 1938). Embora haja controvérsias, acredita-se que as raças eram: Churra, Churra Bordaleira, Merino e Lacha (Mariante & Cavalcante, 2006). Contudo, segundo Primo (1992), alguns animais domésticos originários da Ilha da Madeira e Cabo Verde foram introduzidos em Pernambuco e Bahia, o que justificaria a grande influência de raças africanas nas raças localmente adaptadas deslanadas brasileiras.

Com a domesticação, várias subpopulações surgiram em função da adaptação a diferentes condições ambientais, à migração humana ao longo dos milênios e às seleções e cruzamentos ocorridos durante os dois últimos séculos (Mariante & Cavalcante, 2006). Muitas raças ovinas ibéricas ficaram sob forte ação de seleção natural em determinados ambientes, e adquiriram características como rusticidade, prolificidade e resistência a algumas doenças (Egito et al., 2002). Segundo Chessa et al. (2009), a domesticação remodelou a morfologia, comportamento e genética dos animais.

Em condições ambientais adversas, os animais selecionados/adaptados para determinadas características, tais como resistência a ectoparasitas e endoparasitas, resistência à restrição alimentar, aproveitamento de forragens de baixa qualidade e adaptação ao clima tropical, podem apresentar índices produtivos mais elevados que as raças comerciais (McManus et al., 2005).

A partir do início do século XX, a importação de algumas raças especializadas em produções de carne, lã e/ou leite, e o uso destas em cruzamentos resultou na iminência de extinção de algumas raças localmente adaptadas (Mariante & Egito, 2002). A adaptação aos trópicos e demais vantagens destas raças em regime de produção extensiva justificam suas inclusões em programas de conservação.



### 3.2. Raças Localmente Adaptadas Brasileiras

O Brasil tem 27 raças de ovinos registradas pela Associação de Criadores de Ovinos (ARCO), credenciada pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (McManus et al., 2014). As raças localmente adaptadas brasileiras são, em geral, animais de pequeno porte, que foram submetidos a baixas taxas de seleção artificial e melhoramento genético. São raças pouco especializadas na produção intensiva de leite e/ou carne e, geralmente, possuem alta resistência a doenças e parasitas (Paiva, 2005c), embora alguns resultados paradoxais possam ser encontrados na literatura (McManus et al., 2010).

Amarante et al. (2004) verificaram que cordeiros da raça Santa Inês demonstraram maior resistência a infecções por *Haemonchus contortus*, quando comparados à raça Ile de France e Suffolk. Resultados semelhantes foram encontrados para animais da raça Crioula Lanada, que obtiveram resultados mais satisfatórios comparados a animais da raça Corriedale (Bricarello et al., 2004).

Apesar de a raça Santa Inês ser constantemente comercializada como resistente a endoparasitas, resultados contrários foram observados em um estudo no Distrito Federal. McManus et al. (2009) constataram que Morada Nova e Bergamácia tiveram menor Contagem de Ovos Fecais (FEC) para Estrongilídeos, enquanto menores valores para Strongyloides foram encontrados em Santa Inês e cruzados deste com Ile de France. Neste mesmo estudo, uma menor Contagem de Oócitos Fecais (FOC) foi encontrada em carneiros Ile de France. Bricarello et al. (2005) também não encontraram diferenças significativas entre cordeiros Santa Inês e Ile de France sob infecção por *H. contortus*.

Segundo Amarante et al. (2009), estudos realizados com animais cruzados têm demonstrado que o grau de resistência dos mestiços pode variar em função das raças utilizadas, idade dos animais e se as avaliações foram realizadas em animais infectados naturalmente ou artificialmente.

Nesta revisão serão descritas apenas as raças localmente adaptadas que são focos do presente trabalho: deslanadas (Santa Inês, Morada Nova, Somalis Brasileira, Barriga Negra e Rabo Largo) e lanadas (Crioula Lanada, Pantaneira e Bergamácia). Essas raças possuem importância sócio-cultural e econômica para o país.

A raça nordestina Santa Inês é oriunda do estado da Bahia e possui o maior efetivo populacional no Brasil (McManus et al., 2014). Encontra-se em expansão, devido sua

importância econômica em função do seu grande porte (Paiva, 2005c). Segundo Gomes et al. (2013), o maior tamanho corporal à idade adulta pode resultar em maiores requerimentos nutricionais e custos, uma vez que em seu experimento os animais de menor porte obtiveram uma maior produção de cordeiro por kg de alimento consumido. Alguns estudos mostram que animais desta raça podem ser menos tolerantes ao calor, se comparados a outros grupos genéticos localmente adaptados (McManus et al., 2009; Castanheira et al., 2010).

A origem da raça Morada Nova é incerta, foi primeiramente descrita no Município de Morada Nova (CE). Segundo Domingues (1954), sua origem pode estar no carneiro Bordaleiro português, que foi introduzido ao Brasil na época do povoamento dos sertões. Contudo, Mason (1980) argumenta que essa raça é proveniente da África Ocidental. Ela pode até mesmo ser resultado de cruzamentos de raças portuguesas e africanas (Paiva, 2005c; Silva, 2007). Esta raça caracteriza-se pela excelente qualidade de pele e alta rusticidade. As fêmeas são mochas e os machos com ou sem chifres, a coloração predominante é vermelha lisa, podendo ocorrer ainda a branca e a pintada (Domingues, 1954).

Segundo Paiva (2011), a raça Somalis brasileira tem sua origem na África e pensa-se que o *Urial* seja seu possível ancestral. A sua introdução no Brasil foi feita por criadores do Estado do Rio de Janeiro desde 1939, mas não se adaptou bem às condições climáticas. Ainda segundo o mesmo autor, o clima do nordeste do país foi mais propício à criação. Estes animais possuem porte médio, com aptidão para carne e pele, e pertencem ao grupo de “garupas gordas” - acumulam reserva de gordura na garupa durante a época de alimentação abundante como estratégia energética a ser utilizada durante a época de escassez de alimentos (Magalhães et al., 2010). Há pouca informação disponível sobre esta raça no Brasil, a maioria dos estudos se baseia em cruzamentos para produção de animais mais pesados para a carne (McManus et al. 2010).

A raça Barriga Negra tem possível origem africana, entretanto com a colonização e a conseqüente importação de ovelhas lanadas europeias, pode ter havido outras influências na formação dessa raça. (Combs, 1983). Alguns autores afirmam que o ovino Blackbelly é resultante de cruzamentos de ovelhas deslanadas africanas, com ovelhas lanadas da Europa a partir de 1627 (Diniz, 2011). Esta é uma raça de pequeno porte, com alto desempenho reprodutivo e grande resistência a parasitos (Mattos et al., 2008).

A raça Rabo Largo, tem o seu nome em função do depósito de gordura na cauda, é encontrada no Nordeste do Brasil, com os maiores efetivos no Estado da Bahia (Paiva, 2005c). Esta raça, provavelmente, se originou do cruzamento entre animais deslanados de cauda gorda,

trazidos da África do Sul em 1868 com os animais crioulos (Mendonça 1951). Segundo Mendes (1996), essa raça pode ter sofrido influência de cruzamento com a raça Merino, que existia na Bahia à época.

Possivelmente, a raça lanada naturalizada brasileira que mais se assemelha com as raças dos países ibéricos seja a Crioula Lanada. Essa raça é encontrada no Sul do Brasil, como também em quase todos os países sul-americanos (Paiva, 2005c). Acredita-se que ela possa ser originária da ovelha Churra Bordaleira (Mariante & Cavalcante, 2006) e também da raça Lacha, ambas espanholas (Silva et al., 2010). Sua origem específica é controversa, e estudos recentes apontam que os ovinos crioulos lanados da América Latina possuem ancestralidade comum com os da Península Ibérica (McManus et al., 2010). Essa raça é considerada um patrimônio sociocultural, econômico e ecológico brasileiro, sua criação visa produção de carne, lã e pelego (Silva et al., 2010), produtos muitas vezes utilizados na indústria artesanal.

Segundo Silva et al. (2010), a raça Crioula Lanada possui quatro ecótipos: Fronteira, Serrana, Zebua e Comum, sendo os dois primeiros os mais representativos. O ecótipo Fronteira, como o nome sugere, habita regiões de divisa do Brasil com a Argentina e Uruguai, e o ecótipo Serrana a região norte do Rio Grande do Sul e Serra Catarinense.

A grupo genético ovino Pantaneiro tem origem no Pantanal, bioma singular que exerce seleção natural intensa nos animais domésticos naturalizados. Os ovinos pantaneiros apresentaram uma combinação de alelos que indica aproximação com as raças lanadas do Sul e deslanadas do Nordeste (Gomes et al., 2007). Segundo Carreiro (2012), é possível que o grupo genético ovino Pantaneiro seja originário da Crioula Lanada. É possível, inclusive pelo histórico migratório e proximidade fenotípica, que o pantaneiro seja o ecótipo Zebua. Estudos têm sido conduzidos para caracterizar os ovinos Pantaneiros, definir sua origem e determinar se estes animais já se diferenciaram dos Crioulos Lanados ao ponto de receberem o status de raça e não apenas um ecótipo (Jacinto et al., 2011).

O porte desses animais pantaneiros é pequeno a médio, refletindo menor necessidade manutenção nas condições de obtenção de alimento no Pantanal. A condição corporal desses ovinos revela não terem exigências calóricas elevadas, não acumulando gordura subcutânea em excesso (Ferreira et al., 2012). Segundo os referidos autores, tanto os machos como as fêmeas são precoces sexualmente e não possuem sazonalidade reprodutiva. Os ovinos Pantaneiros possuem múltipla aptidão, produzindo carne, leite, lã e pele (Costa et al., 2013).

A raça Bergamácia é originária do Norte da Itália, notadamente na Lombardia e no Piemonte, possivelmente originando-se de ovinos sudaneses (ARCO, 2013). Esta raça se adaptou bem às regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste do Brasil (Vieira, 1967). Contudo, sua introdução no Brasil é relativamente recente, datando do início do século passado. Esses ovinos são de grande porte, lanados e brancos (Carneiro, 2008). Ela é considerada uma raça mista, produz lã, leite e carne (Paiva, 2005c).

### **3.3. Conservação dos Recursos Genéticos Animais**

A perda de recursos genéticos representa risco para a segurança alimentar e o desenvolvimento sustentável. Os animais domésticos suprem aproximadamente 30 a 40% do total da produção de comida e agricultura. Outras consequências possíveis são: a) erosão cultural; b) redução das oportunidades de desenvolvimento das economias rurais; c) limitação de opções futuras de desenvolvimento baseadas em produtos e serviços de origem animal procedente de raças específicas; d) impactos ambientais negativos; e) perda de características únicas (FAO, 2007).

Segundo o relatório *Situação Mundial dos Recursos Genéticos Animais*, cerca de 20% de todas as raças sobre as quais há informações correm perigo de extinção (FAO, 2007). E acredita-se que a cifra verdadeira deve ser mais alta, uma vez que não há dados populacionais disponíveis sobre 36% de todas as raças. Portanto, há o desafio de produzir e satisfazer a demanda crescente por alimento, além de promover a conservação e o uso sustentável dos recursos insubstituíveis, de forma que se busque prevenir, conter e reverter a tendência à erosão da diversidade das raças localmente adaptadas (Mariante & Cavalcante, 2006).

Preservar a variabilidade genética dos recursos genéticos animais é fundamental dentro de programas de conservação, com uso potencial desses recursos no futuro. As raças localmente adaptadas têm capacidade de sobrevivência e reprodução em condições ambientais inóspitas às raças especializadas, e podem ter sua produção elevada através de programas de seleção adequados (Hall & Bradley, 1995). Sendo assim, assegurar a sobrevivência dessas raças permitirá, segundo Notter (1999), que no futuro, possam vir a constituir fonte de material genético capaz de melhorar a resistência de outras raças em condições desfavoráveis do ambiente de criação.

O uso e a preservação dos recursos genéticos animais são inseparáveis e definem a importância das raças domésticas para a biodiversidade mundial, devido às combinações gênicas que podem ser feitas a partir delas e que futuramente podem ser úteis (Egito et al., 2002). Mantendo-se a diversidade máxima do *pool* genético de cada espécie, a pecuária prepara-se para atender necessidades ainda não previstas no tocante ao desenvolvimento do sistema de produção sustentável, já que não é possível prever com objetividade quais as características possivelmente necessárias a longo prazo (Mariante & Cavalcante, 2006; Egito et al., 2002).

Devido ao grande número de raças em situação de risco de extinção e os limitados recursos financeiros disponíveis para a conservação e desenvolvimento de raças, faz-se necessária uma análise econômica do valor dos recursos genéticos e das possíveis intervenções de manejo, para orientar as tomadas de decisões. Diversos fatores auxiliam a determinação das raças que serão incluídas em programas de conservação. Quando o tamanho da população é muito pequeno ou o risco de extinção é muito grande, a conservação pode não ser justificável, pois a probabilidade de extinção permanecerá elevada e o tamanho efetivo populacional reduzido. Desse modo, as tentativas de conservação podem não ser custo-eficientes (Ruane, 2000). Reist-Marti et al. (2006) propuseram vários fatores que contribuiriam para a priorização de raças africanas passíveis de serem incluídas em programas de conservação: a) tamanho populacional total e tendência deste tamanho; b) distribuição da raça no país; c) importância sócio-cultural da raça; d) grau ou risco de cruzamentos indiscriminados; e) nível de organização dos agricultores; f) existência de planos de conservação em andamento; g) estabilidade política do país. Outros fatores foram descritos por Boettcher et al. (2010): a) tamanho efetivo populacional; b) características únicas; c) características fenotípicas associadas à produção e adaptação; d) informações moleculares.

Segundo este último autor, diversos métodos têm sido propostos para estimar a diversidade genética, utilizando informações moleculares, e combiná-la com variáveis que afetam a priorização das raças. Entretanto, a aplicação dos métodos pode ser limitada. Apenas uma minoria de raças foi caracterizada com marcadores moleculares em todo o mundo; não existe um consenso sobre o método ideal para a priorização; e parâmetros não relacionados à diversidade, como fatores culturais e sócio-econômicos, são susceptíveis à variação entre países.

### 3.4. Caracterização dos Recursos Genéticos Animais

O padrão de diversidade genética dos Recursos Genéticos Animais decorre dos processos de domesticação, migrações humanas, adaptações dos animais a diferentes regiões, seleções, cruzamentos (Mariante & Cavalcante, 2006), deriva genética e mutações. As populações isoladas por estes processos apresentaram combinações alélicas diferentes e, conseqüentemente, fisiologia, aparência e aptidão distintas (Boettcher et al., 2010). Segundo Mariante et al. (2008), a formação das raças conhecidas atualmente esteve associada à perda de alguma diversidade genética, bem como à fixação de características específicas, uma vez que promoveu modificações no comportamento e aspectos morfológicos dos animais.

A caracterização nas raças brasileiras pode ser morfológica (Carneiro et al., 2010) ou genética (Paiva et al., 2005b). As variações morfométricas observadas entre os grupos genéticos ovinos podem servir como critério para a classificação destes, com atribuição de características únicas (Herrera & Luque, 2009; Carneiro et al., 2010). Vários autores analisaram a distância entre raças baseada em características morfológicas de ovinos e caprinos (Herrera et al., 1996; Dossa et al., 2007; Traoré et al., 2008; Castanheira et al., 2010).

O conceito de raça foi definido há 100 anos, com o objetivo de agrupar indivíduos com características morfológicas mais uniformes possíveis (Egito et al., 1999). No Brasil, tradicionalmente, a caracterização das diferentes raças de animais domésticos baseava-se nas características fenotípicas (morfológicas e produtivas), resultantes da interação genótipo x ambiente (Mariante & Cavalcante, 2006). Isso pode ser arriscado, uma vez que a expressão fenotípica de características quantitativas altera de acordo com o ambiente onde os animais estão inseridos. Como nem sempre as diferenças morfológicas condizem com as diferenças genéticas, a associação de informações fenotípicas com dados genéticos pode ser mais eficiente (Egito et al. 1999).

Portanto, estudos que visem à caracterização, identificação e diferenciação das populações, bem como revelem a origem e história das raças, seu senso e distribuição geográfica, qualidades e aptidões são necessários (Rodero & Herrera, 2000). A caracterização genética e fenotípica de animais domésticos oferece informações importantes para tomada de decisões racionais no desenvolvimento de programas de melhoramento e seleção (Rodero et al., 1992), e fomenta políticas de decisão na gestão dos recursos genéticos animais (FAO, 2011).

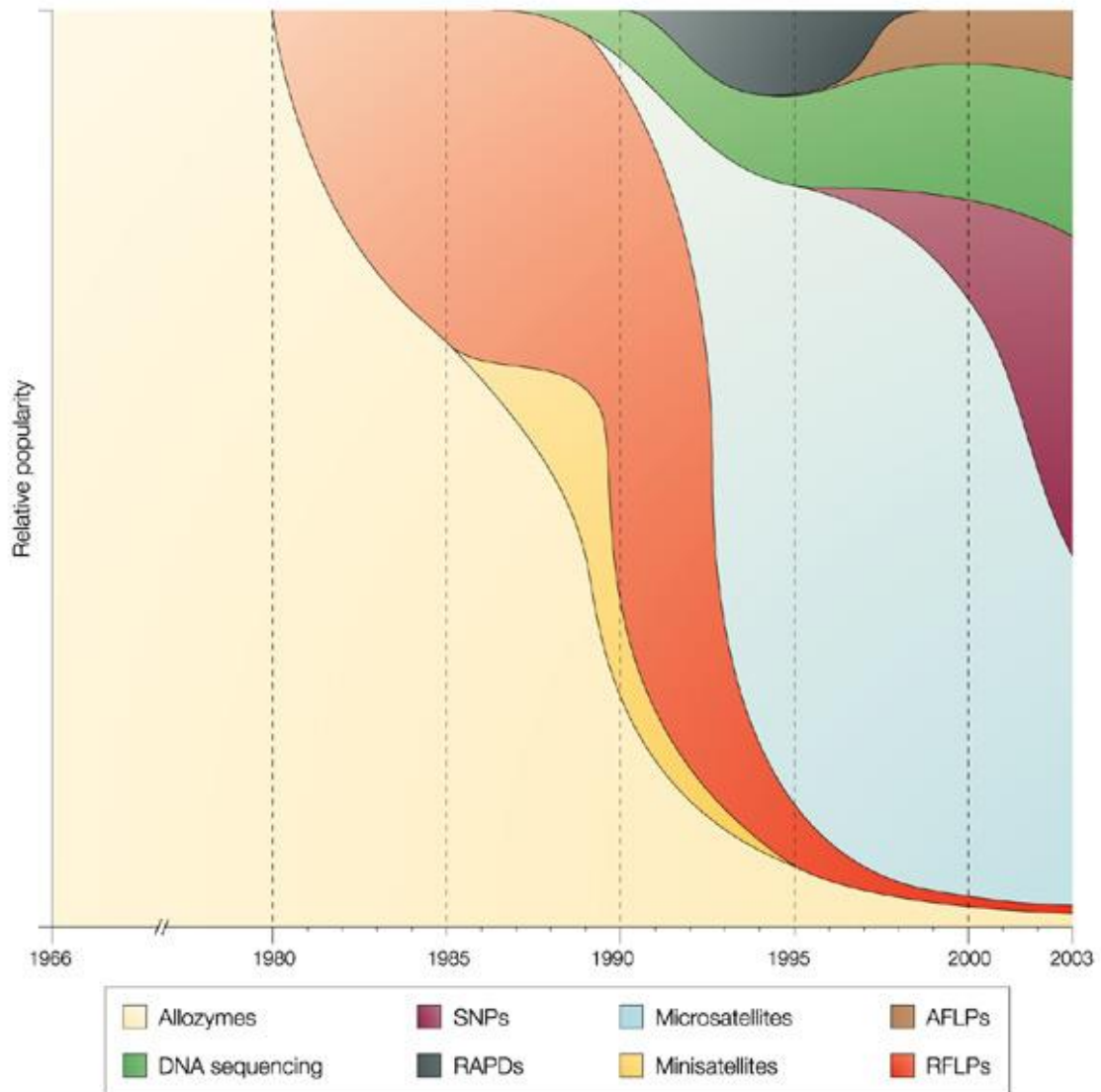
### 3.5. Estudos Moleculares

A crescente disponibilidade de marcadores moleculares e o desenvolvimento de técnicas capazes de detectar polimorfismos no DNA ampliam a nossa capacidade de caracterizar a variação genética dentro e entre raças (Toro et al., 2008). Como mencionado anteriormente, os estudos á nível de DNA podem revelar existência de gargalos populacionais, deriva genética e assinaturas de seleção, informar sobre eventos de domesticação, endogamia, introgressão e subestruturação populacional, e auxiliar decisões acerca da manutenção e manejo de populações (Meadows et al., 2005; Tapio et al., 2006). Raças de ovinos localmente adaptados no Brasil foram caracterizadas com diferentes classes de marcadores moleculares (Paiva et al., 2005b; Gonçalves et al., 2010; Paiva et al., 2011). Existe um maior número de estudos sobre as raças Santa Inês e Morada Nova, devido seu grande efetivo populacional (Paiva et al., 2005b).

Estudos recentes com o grupo genético ovino Pantaneiro incluem marcadores microsatélites (Crispim, 2012; Banari et al., 2012), comparações de sequências de mtDNA e marcadores no cromossomo Y (Gomes et al., 2007; Carreiro, 2012). A escolha dos marcadores genéticos a utilizar deve levar em consideração o foco da análise, bem como a escolha do *locus* investigado (Carreiro, 2012). Marcadores genéticos neutros – ocorrem em regiões não codificantes, como os microsatélites – constituem a ferramenta genômica mais utilizada para a obtenção de informações de diversidade genética de RGA. Esses marcadores fornecem uma introspecção sobre a história da raça e informações sobre características distintas (entre raças) e diversidade dentro de uma raça. Além disso, podem também ser usados para ajudar a quantificar o potencial de evolução futura (Boettcher et al., 2010). Investigações sobre relação genética entre populações se baseiam, principalmente, em análises de microsatélites autossômicos (Tapio et al., 2005a; Peter et al., 2007), marcadores cromossômicos Y (Meadows et al., 2006) ou SNPs (Kijas et al., 2009).

O uso de marcadores nucleares microsatélites e SNPs para estudos de variação genética tem sido crescente desde 1995 (Figura 1). Diversos estudos foram conduzidos utilizando microsatélites (Arranz et al., 2001; Tapio et al., 2005b; Lawson et al., 2007), e mais recentemente SNPs (Kijas et al., 2009; Kijas et al., 2012a) para caracterizar as raças ovinas.

**Figura 1** - Visão subjetiva da mudança na frequência de uso de diferentes marcadores moleculares



Fonte: Schlötterer (2004). O eixo horizontal indica o tempo. Em cada ponto de tempo, o eixo vertical corresponde a utilização total de marcadores moleculares. Se mais do que um marcador molecular é usado num dado ponto de tempo, a sua importância relativa é refletida pela sua proporção no eixo vertical. AFLP – Amplified fragment length polymorphism; RAPD – Random Amplification of Polymorphic DNA; RFLP – Restriction Fragment Length Polymorphism; SNP – Single-nucleotide polymorphism.

Por causa da intensa seleção produtiva (carne e leite) nos rebanhos convencionais, estes possuem números desiguais de machos e fêmeas (Ramalho *et al.*, 2000), e os padrões de dispersão conduzidos pelos humanos contribuíram com o desempenho de funções diferentes por machos e fêmeas no estabelecimento e manutenção da estrutura genética dessas populações (Petit *et al.*, 2002). Portanto, as linhagens maternas e paternas devem ser consideradas em análises de origem e variabilidade genética de animais domésticos.



Marcadores moleculares localizados no DNA mitocondrial (mtDNA) e no cromossomo Y são úteis em análises filogenéticas. O mtDNA é herdado pela mãe sem recombinação e, portanto, as diferenças nucleotídicas entre genomas mitocondriais refletem diretamente a distância genética que os separam, contribuindo com estudos de divergência entre as populações selvagens e domésticas. Variação no genoma mitocondrial tem documentado dispersão global de dois grandes haplogrupos de ovino modernos (Meadows et al., 2005; Tapio et al., 2006). Sequências de cromossomo Y fornecem informações semelhantes nas linhagens paternas (Toro et al., 2008). Alguns exemplos de aplicação do uso de marcadores no ChrY são: testes de paternidade, migração, evolução (Butler, 2003), domesticação e desenvolvimento de raças (Meadows et al., 2004).

### **3.5.1 Microssatélites (SSR)**

Os microssatélites consistem em sequências curtas repetidas em tandem, são altamente polimórficos, abundantes e distribuídos uniformemente no genoma (Schlötterer, 2004). Sua alta taxa de mutação e natureza codominante torna estes marcadores adequados para estudos de diversidade genética dentro e entre raças (Toro et al., 2008). Sua metodologia é de fácil execução e passível de automação, além de apresentar baixo custo (Ferreira & Grattapaglia, 1998). Tais marcadores têm sido usados em vários estudos com ovinos para análises de variabilidade genética (Diéz-Tascón et al., 2000; Arranz et al., 2001; Menezes et al., 2006; Álvarez et al., 2008), estrutura de populações (Ramey II et al., 2000; Álvarez et al., 2004; Tapio et al., 2005b; Oliveira et al., 2007), exclusão de paternidade (Souza et al., 2012) e certificação racial (Farid et al., 2000).

Álvarez et al. (2008), utilizando uma raça ovina espanhola como modelo, observou que a utilização de marcadores microssatélites pode ser uma ferramenta adicional para o gerenciamento do rebanho quando o pedigree é desconhecido ou incompleto. Marcadores moleculares (tais como os microssatélites) podem ser utilizados para monitorar erros de pedigree. Entretanto, o uso de pedigrees e marcadores em conjunto representam uma nova realidade com o desenvolvimento dos novos métodos de genotipagem em larga escala (Kijas et al., 2009; Meuwissen, 2009) e sequenciamento de nova geração (Archibald et al., 2010).

Os microssatélites ganham e perdem unidades repetidas através de deslizamentos na replicação do DNA, um mecanismo de mutação específico para sequências repetidas em tandem (Schlötterer, 2000; Ellegren, 2000). Entretanto, estes marcadores têm um padrão de mutação complexo, o que dificulta análises genéticas populacionais. Além disso, essas mutações podem ocorrer em regiões flangeadoras, o que não permite a amplificação dos microssatélites no PCR - *Polymerase Chain Reaction* (Jarne & Lagoda, 1996). Problemas técnicos, como rastros nas bandas resultantes de PCR, também dificultam a genotipagem automatizada dos microssatélites. Portanto, apesar do número elevado desses marcadores na maioria dos genomas eucariotos, a densidade de microssatélites informativos pode ser baixa para algumas aplicações no mapeamento (Tóth et. al, 2000; Dieringer & Schlötterer, 2003).

### **3.5.2 Polimorfismos de nucleotídeo único (SNP's)**

Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) são mutações pontuais no genoma, predominantemente bialélicos e abundantes em todo o genoma. Eles têm potencial para detectar tanto variações genéticas neutras como funcionais, pois embora a maioria deles esteja localizada em regiões não codificantes, alguns correspondem a mutações que induzem alterações em genes expressos. Uso crescente de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) tem ocorrido, devido ao elevado potencial para automação, baixo custo e baixas taxas de erro de genotipagem. Entretanto, um grande número de SNPs é necessário para maior precisão (Toro et al., 2008).

A forma mais abrangente para identificação de SNPs é o sequenciamento do genoma inteiro, utilizando um conjunto de indivíduos como doadores do DNA genômico a ser sequenciado. Uma estratégia mais eficiente é reduzir a uma fração representativa de sequenciamento do genoma (Schlötterer, 2004). Os SNPs podem ser utilizados para estimar diferentes parâmetros, tais como:  $F_{st}$ , distribuição de frequência alélica e mapeamento de Desequilíbrio de Ligação - LD (Wakeley, 2001; Nielsen & Signorovitch, 2003; Kuhner, 2000). Adicionalmente, os SNPs também são úteis para inferência de eventos demográficos passados, como expansão ou *admixture* populacional (Brumfield, 2003).

### 3.5.3 Microssatélites x SNP's

Algumas vantagens do uso de SNPs em relação aos microssatélites são listadas por alguns autores: a) maior frequência, determinando um mapa gênico mais denso; b) padrão simples de variação; c) facilidade de automação e potencial para análise em larga escala; d) baixa taxa de mutação ( $10^{-8}$  a  $10^{-9}$ ), o que facilita estudos comparativos para determinar origem, filogenia e variabilidade genética. Algumas desvantagens são: a) podem estar localizados em sítios hipervariáveis, o que viola a característica de serem bialélicos; b) custos mais elevados; c) baixo conteúdo informativo em um único SNP; d) possíveis vieses devido à amostragem (Schlötterer, 2004; Brito & Edwards, 2009).

Recomendações a partir de testes comparativos ISAG (International Society for Genética Animal) são de grande importância, apesar da indefinição de um painel de microssatélites para ovinos que seja acordado internacionalmente e do fato de tais recomendações serem provenientes de estudos com raças ovinas lanadas. Há um consenso geral sobre a necessidade de dados genéticos mais confiáveis, provenientes de estudos de abrangência nacional em raças de maior relevância. Um painel de marcadores mais definitivo deve, portanto, ser válido para todas as raças de ovinos criados no Brasil, lanadas e deslanadas (Souza et al., 2012).

Souza et al. (2012) ao compararem alguns dos marcadores microssatélites recomendados pelo ISAG (International Society for Genética Animal) com 8 marcadores sugeridos pelo MAPA para a identificação de paternidade de ovinos da raça Santa Inês, concluíram que o atual conjunto de marcadores do MAPA, apesar de fornecer um poder de exclusão de paternidade relativamente bom, pode ser melhorado através da adição ou substituição de alguns marcadores. Para o momento, eles recomendaram incluir 5-7 marcadores validados pelo ISAG no conjunto de marcadores do MAPA, o que implicaria em respeito mútuo: aos animais já genotipados e ao conjunto internacional de marcadores a ser finalizado pelo ISAG. Segundo os mesmos autores, esse painel de marcadores microssatélites unificado melhoraria a confiabilidade dos relatórios nacionais e direcionaria futuros programas de cruzamentos e conservação.

Segundo McClure et al. (2012), os marcadores microssatélites ainda são utilizados como padrão internacional apesar do custo elevado, maiores taxas de erros e tempo de resposta, se comparados aos SNP's. Contudo, a viabilidade dos estudos baseados em SNP's

torna estes marcadores os preferidos no futuro. Eles permitem redução nos custos de infraestrutura e possibilitam a atualização dos perfis de DNA de animais já genotipados (Souza et al., 2012), além de possuírem facilidade de automação e padronização para comparação entre laboratórios, o que não ocorre com os microssatélites (Heaton et al., 2002.; Anderson & Garza, 2006; Van Eenennaam et al., 2007; Baruch & Weller, 2008 ).

Atualmente, há interesse nacional e internacional de produtores e comunidades de pesquisa sobre métodos viáveis para verificar a paternidade de indivíduos. No entanto, se todas as conexões familiares não foram analisadas usando o mesmo tipo de marcador de DNA (SSR ou SNP), pode haver complicações. Um método simples e de baixo custo foi desenvolvido para imputar alelos SSR a partir de haplótipos SNP's dentro das raças. Para alguns SSR, os resultados de imputação podem permitir inferência entre raças (McClure et al., 2012). Segundo os autores, a aplicação deste método permite a transição de genótipos microssatélites, a partir de dados históricos de parentesco, para SNP's. Portanto, permite a fusão de dados históricos e atuais, mesmo que eles sejam derivados de diferentes tipos de marcadores.

### **3.5.4 DNA Mitocondrial**

Vários estudos sobre genética de populações e evolução foram realizados com o mtDNA desde 1970 (Awise et al., 1979; Brown et al., 1979). O mtDNA é uma molécula pequena com 14-26Kb dependendo da espécie, e possui um conteúdo gênico altamente conservado (Billington & Hebert, 1991). Seu conteúdo gênico está dividido em treze genes codantes de proteína, dois genes de RNA ribossômico, 22 genes de RNA transportador e a região controle (D-Loop) (Carreiro, 2012). Estudos revelaram que o mtDNA possui 16.616 pares de base na espécie *Ovis Áries* e permitiram observar que esta espécie pertence a cinco grandes haplogrupos (Hiendleder et al., 1998; Meadows et al., 2007).

O uso desse marcador em estudos populacionais tem sido crescente devido às características que o diferenciam do DNA nuclear. Além do fato da herança desse material genético ser materna, o mtDNA possui alta taxa mutacional (cinco a dez vezes maior que o DNA nuclear), abundância de cópias por célula, alta taxa evolutiva e ausência de recombinação (Newmeyer & Ferguson-Miller, 2003). A maior parte das mutações no mtDNA é caracterizada por substituição de bases. Essas substituições podem ser classificadas como de transição, com

trocas entre pirimidinas ou purinas, e de transversão, com trocas entre pirimidinas e purinas (Broughton & Dowling, 1994). Essa vulnerabilidade associada às características intrínsecas do mtDNA torna essa molécula um marcador potencial para análises de variação genética inter e intra populacional (Brito & Edwards, 2009).

Vários trabalhos têm utilizado o mtDNA para delimitar espécies, unidades evolutivas e outros aspectos filogenéticos (Hiendleder et al., 1998). Análises mitocondriais têm elucidado a origem de rebanhos domésticos suínos (Larson et al., 2005), caprinos (Sardina et al., 2006) e ovinos (Kijas et al., 2012a). Isso é possível devido à capacidade de identificar uma estruturação/diferenciação genética mais fina entre as populações com o uso do mtDNA.

### **3.5.5 Cromossomo Y**

Vários trabalhos utilizam marcadores no ChrY em estudos de linhagem paterna (Edwards et al., 2000; Hanotte et al., 2000; Hurles & Jobling, 2001), principalmente com o objetivo de detectar a influência de algumas poucas linhagens sobre a formação de populações. O cromossomo Y possui aproximadamente 60Mb, onde cerca de 24Mb encontra-se na região da eucromatina e 30Mb na região da heterocromatina. Portanto, 95% de todo o cromossomo consiste em região não recombinante ou sexo-específica, MSY (Butler, 2003), por essa razão esta região é susceptível a um maior número de mutações, inclusive deleções e inserções. Isso faz com que marcadores no cromossomo Y possam ser bastante informativos e, conseqüentemente, ferramentas úteis para formação de haplótipos. Mesmo com poucas informações publicadas para ovinos, Meadows & Kijas (2009) identificaram 17 haplótipos nesta espécie, o que evidencia o potencial de estudos com este cromossomo para análises filogenéticas e filogeográficas.

### 3.6. Diversidade Genética das Raças Localmente Adaptadas Brasileiras

Alguns estudos com ovinos mostram diferenciação considerável entre populações da mesma raça (Paiva et al., 2005a; Kijas et al., 2009; Gonçalves et al., 2010; Li et al., 2011; Kijas et al., 2012b), e propõem em alguns casos que haja existência de raças distintas atualmente agrupadas juntas (Kijas et al., 2012b). Em trabalhos recentes, é possível observar diferenciação genética significativa dentro de algumas raças: Dorset, Dorper, Suffolk (Kijas et al., 2009), Finnsheep (Li et al., 2011), Morada Nova (Silva et al., 2011), Entre-Sambre-et-Meuse (Dumasy et al., 2012), Gulf Coast Native (Kijas et al., 2012b). Quando as diferenças entre grupos de animais dentro de raças são consideravelmente maiores do que as diferenças entre raças, localizadas no mesmo país ou continente (Dumasy et al., 2012; Kijas et al., 2012b), pode-se sugerir a existência de mais de uma raça (Kijas et al., 2012b).

Segundo Dumasy et al. (2012), vários fatores podem decorrer em altos níveis de diferenciação dentro das raças: a) efeito fundador; b) deriva genética; c) seleção; d) introgressão de genes de raças especializadas. A subestruturação dentro de raças tem uma implicação importante nas estratégias utilizadas para manutenção da variabilidade genética nos programas de conservação de recursos genéticos (Fernández et al., 2008). Além disso, as novas tecnologias de avaliação genômica permitem que informações obtidas em uma raça possam ser utilizadas para predição de valores genômicos em outras raças geneticamente próximas (Kijas et al., 2012b). Segundo Quignon et al. (2007), a subestruturação deve ser considerada em estudos de associação, caso contrário pode elevar os riscos de associações falsas entre marcadores moleculares e fenótipos.

Kijas et al. (2012a) genotiparam 49.034 SNP em animais de 74 raças de ovinos e identificaram que a maioria das populações abrigam uma diversidade elevada de SNP, além de manter um tamanho efetivo da população muito maior do que a maioria das raças bovinas e caninas, o que sugere uma domesticação a partir de uma ampla base genética. Além disso, compartilhamento de extensos haplótipos e tempo de divergência reduzido entre as raças revelaram troca genética freqüente ocorrida durante o desenvolvimento das raças modernas.

Entretanto, Paiva et al. (2005a) ao analisar a variabilidade genética de raças ovinas brasileiras, detectaram que as diferenças inter-raciais representam apenas 14,92% da variação total ( $p < 0,001$ ), variância molecular menor do que outras espécies naturalizadas, tais como: 29,96% (Spritze et al., 2003) a 25,28% (Serrano et al., 2004) em bovinos; 24,53% em

equínos (Fuck, 2002) e; 21,21% em caprinos (Oliveira, 2003). Este valor relativamente baixo implicaria em uma relação estreita entre as raças ovinas brasileiras, devido a cruzamentos aleatórios entre as raças e deriva genética (Paiva et al., 2005a,d).

Examinando haplótipos de mtDNA em ovelhas localmente adaptadas e comerciais no Brasil, Paiva et al. (2005b) descobriram que todos os animais estavam relacionados com o haplótipo Europeu, com exceção de dois animais da raça Dorper, que tiveram origem Africana (Hiendleder et al., 1999), confirmada por sequenciamento. Essa alta frequência de haplótipos europeus confirma acontecimentos históricos, mas a introgressão dos animais africanos precisa ser melhor estudada (McManus et al., 2010). Em uma escala global, claras divisões genéticas foram detectadas separando ovinos da Europa, Ásia e África. Esta divisão, provavelmente reflete a variação entre as populações que participaram das primeiras migrações para fora dos centros de domesticação. (Kijas et al. 2012a). Recentes estudos demonstram duas fontes possíveis de variação nas raças brasileiras (Mediterrâneo e África). Já as raças europeias possuem três fontes relacionadas e as africanas uma única fonte. As raças brasileiras, portanto, são representativas de ambos os continentes Europeu, Asiático e Africano (McManus et al., 2010).

Paiva et al. (2006) e Meadows et al. (2004) sequenciaram 559 pb do promotor SRY em raças ovinas brasileiras e européias, respectivamente, e corroboraram seus resultados ao identificarem uma transição G/A nas raças deslanadas. Uma alta frequência do SNP\_G nas raças lanadas foi detectada, enquanto nas deslanadas foi detectada maior frequência do SNP\_A (mutante). A identidade do SNP foi confirmada pelo alinhamento dos fragmentos com uma sequência do GenBank ( AF026566 ). Outros resultados interessantes foram obtidos por Paiva (2005c), aonde a ovelha Crioula Lanada brasileira compartilha praticamente todos seus haplótipos com a raça Crioula do México, bem como com a raça Hampshire, o que sugere a origem comum das ovelhas crioulas lanadas na América Latina.

Embora fosse possível constatar a presença de características morfológicas das raças Somalis e Suffolk nos animais da raça Santa Inês, Paiva et al. (2005a,d) estimaram a variância molecular entre raças deslanadas e observaram maior proximidade genética do Santa Inês com as raças Bergamácia e Rabo Largo, se comparadas à raça Morada Nova. A raça Somalis apresentou-se distante das demais populações, como esperado pelos registros históricos (Morais, 2001). Segundo Paiva et al. (2005a), o fato da raça Santa Inês situar-se próxima da Bergamácia indica que essas podem ter sofrido cruzamentos no passado. McManus et al. (2010), ao analisar sete haplótipos conhecidos da espécie *Ovis aries*, aparentemente

detectou um novo alelo presente apenas nas raças brasileiras, e concluíram ser esta uma evidência adicional da recente influência da raça Bergamácia e outras comerciais na formação da Santa Inês. Além disso, alguns animais desta raça apresentaram haplótipos comuns com outras raças brasileiras e com africanas.

Kijas et al. (2012a), ao estimarem o tempo de divergência entre raças ovinas, identificaram maior proximidade genética da raça Santa Inês com a raça Crioula Lanada do que com a raça Morada Nova, o que aumentam os questionamentos sobre o processo de formação do Santa Inês. Essa proximidade pode ser justificada pela introgressão de raças comerciais lanadas na formação das novas linhagens da raça Santa Inês (McManus et al., 2010).

Paiva et al. (2005c), a partir de uma análise Bayesiana utilizando o software Structure, identificaram uma significativa subestrutura no Santa Inês (rebanhos de Santa Inês do Maranhão contra rebanhos do Sergipe e Centro-oeste) e Morada Nova (variedades vermelha contra branca). Estes resultados juntamente com os índices de variabilidade inter-racial mostram que, embora o Santa Inês possa ser considerado uma raça, vários eventos de introgressão ocorreram em seu passado recente, inclusive com Suffolk, resultando em animais altamente polimórficos e com má definição fenotípica (por exemplo, várias cores de pelagem) (McManus et al., 2010). Essa subestruturação convencionou a nomenclatura racial em 2 linhagens: “Velha Santa Inês” e “Nova Santa Inês”. A “Nova Santa Inês” é, provavelmente, originária de Sergipe, consiste em animais maiores, com melhor cobertura de musculatura posterior e pelagem preta ou marrom, predominantemente encontradas nas regiões Sudeste e Centro-oeste. A “Velha Santa Inês” é composta por animais de menor tamanho e mais rústicos (Paiva et al., 2005a; Carneiro et al., 2010; Souza et al., 2012). Segundo McManus et al. (2010) a “Nova Santa Inês” pode apresentar menor resistência a parasitas gastro-intestinais e qualidade do pêlo, além de adquirir características não desejáveis como a susceptibilidade ao scrapie – herdado provavelmente pela raça Suffolk.

De acordo com os resultados de Paiva (2005c), a raça Somalis brasileira apresentou a maior integridade genética e diferenciação dentre todas as raças localmente adaptadas analisadas em seu experimento. Paiva et al. (2005a), usando marcadores RAPD para estudar raças brasileiras, detectou baixa heterozigosidade esperada (0.3229) e proporção de loci polimórfico (90.74) da raça Somalis. Os mesmos autores concluíram que, devido aos processos de deriva genética e endogamia, Somalis foi afetado por eventos estocásticos. Contudo, Paiva et al. (2011), utilizando microssatélites e mtDNA, detectaram heterozigosidade esperada mais elevada (0.5896) e observada de 0.6451.



Segundo Paiva (2005c), as raças brasileiras Rabo Largo, Somalis Brasileira, Morada Nova e até mesmo Santa Inês, provavelmente descendem ou apresentam muita influência de raças da África. Dessa maneira, seus dados sugerem que as raças africanas possam apresentar essa história evolutiva em comum com as raças européias pelo compartilhamento de um mesmo haplótipo mitocondrial. Outra hipótese sugerida pelo autor é a possível influência das raças de ovelhas existentes nas Ilhas Canárias, visto que quase todos os navios com destino às Américas aportavam nessas ilhas nos séculos XV e XVI, o que teria permitido troca de material genético com as ovelhas da Europa, Ásia e África.

A diferenciação genética da Ovelha Pantaneira tem sido comprovada em estudos recentes. Crispim (2012), ao analisar locos microssatélites, verificou que o grupo genético Pantaneiro distingue-se das demais raças ovinas criadas no Mato Grosso do Sul. A riqueza alélica observada foi superior às das demais raças estudadas.

#### 4. LITERATURA CITADA

Álvarez I., Royo L.J., Fernández I., Gutiérrez J.P., Gómez E., Goyache F. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. **J. Anim. Sci.**, 82, p.2246-2252, 2004.

Álvarez I., Royo L.J., Gutiérrez J.P., Fernández I., Arranz J.J., Goyache F. Relationship between genealogical and microsatellite information characterizing losses of genetic variability: Empirical evidence from the rare Xalda sheep breed. **Livestock Science**, 115, p.80–88, 2008.

Amarante A.F.T., Bricarello P.A., Rocha R.A., Gennaric S.M. Resistance of Santa Ines, Suffolk and Ile de France sheep to naturally acquired gastrointestinal nematode infections. **Veterinary Parasitology**, vol. 120, p.91-106, 2004.

Amarante A.F.T., Susin I.R.A., Rocha M.B. et al. Resistance of Santa Inês and crossbred ewes to naturally acquired gastrointestinal nematode infections. **Veterinary Parasitology**, v.165, n.12, p.273-280, 2009.

Anderson E.C. & Garza J.C. The power of single nucleotide polymorphisms for large-scale parentage inference. **Genetics** 172, p.2567–2582, 2006.

Archibald A.L., Cockett N.E., Dalrymple B.P., Faraut T., Kijas J. W., Maddox J.F., McEwan J.C., Hutton Oddy V., Raadsma H. W. et al. The sheep genome reference sequence: a work in progress. **Anim Genet.**41, p.449–453, 2010.

ARCO, Associação Brasileira de Criadores de Ovinos. Disponível em: <<http://www.arcoovinos.com.br>>. Acesso em: 10/06/2013.

Arranz J.J., Bayón Y., San Primitivo F. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. **Genet. Sel. Evol.**, 33, p.529-542, 2001.

Awise J.C., Giblin-Davidson C., Laerm J. et al. Mitochondrial DNA Clones and Matriarchal Phylogeny within and among Geographic Populations of the Pocket Gopher, *Geomys Pinetis*. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v.76, n.12, p.6694-6698, 1979.

Banari A.C., Crispim B.A., Nascimento A.V., Azambuja J., Grisolia A.B., Seno L.O. Diversidade genética de ovinos crioulos do Pantanal em rebanhos do Mato Grosso do Sul. In: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, IX, 2012. João Pessoa: PB. **Anais...** CD-ROM.

Baruch E. & Weller J.I. Estimation of the number of SNP genetic markers required for parentage verification. **Anim.Genet.**39, p.474–479, 2008.

Billington N. & Hebert P.D.N. Mitochondrial DNA Diversity in Fishes and Its Implications for Introductions. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences** 48, p.80-94, 1991.

Boettcher P.,Tixier-Boichard M., Simianer, H., Eding H., Gandini G., et al. Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources. **Animal Genetics**, 41, p.64–77, 2010.

Bricarello P.A., Amarante A.F.T., Rocha R.A. et al. Influence of dietary protein supply on resistance to experimental infections with *Haemonchus contortus* in Ile de France an Santa Inês lambs. **Veterinary Parasitology**, v.134, n.11, p.99-109, 2005.

Bricarello P.A., Gennari S.M., Oliveira-Sequeira T.C.G., et al. Worm burden and immunological responses in corriedale and crioula lanada sheep following natural infection with *Haemonchus contortus*. **Small Ruminant Research**, v.51, p.75-83, 2004.

Brito PH & Edwards SV. Multilocus phylogeography and phylogenetics using sequence-based markers. **Genetics** 135, p.439–455, 2009.

Broughton R.E., Dowling T.E. Length Variation in Mitochondrial DNA of the Minnow *Cyprinella Spiloptera*. **Genetics** 138, p.179-190, 1994.

Brown W.M., George M., Wilson A.C. Rapid Evolution of Animal Mitochondrial DNA. **Proceedings of the National Academy of Sciences**,76(4), 1967-1971, 1979

Bruford M. W. & Townsend S. J. Mitochondrial DNA diversity in modern sheep: implications for domestication. In: **Documenting Domestication: New Genetic and Archaeological Paradigms**, edited by M. A. Zeder, D. G. Bradley, E. Emshwiller and B. D. Smith. University of California Press, London. p. 306–316, 2006.

Brumfield R.T., Beerli P., Nickerson D.A., Edwards S.V. The utility of single nucleotide polymorphism in inferences of population history. **Trends Ecol. Evol.** 18, p.249–256, 2003.

Butler, J.M. Recent Developments in Y-Short Tandem Repeat and Y-Single Nucleotide Polymorphism Analysis. **Forensic Science Review**, 15, p.91-111, 2003.

Carneiro Helena Cristina. **Caracterização morfológica de ovinos no Brasil, Uruguai e Colômbia**. Brasília: Universidade de Brasília, 2008.30 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2008.

Carneiro H.C.R., Louvandini H., Paiva S.R., Macedo F., Mernies B., McManus C. Morphological characterization of sheep breeds in Brazil, Uruguay and Colombia. **Small ruminant research**, v. 92, p.1-8, 2010.

Carreiro, Cecília de Moraes. (2012). **Origem e diversidade genética de ovinos (*ovis aries*) crioulos na região do pantanal/MS**. Brasil. Brasília: Universidade de Brasília, 2012. 84p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2012.

Castanheira M., Paiva S.R., Louvandini H., Landim A.V., Fiorvanti M.C.S., Dallago B.S.L., Corrêa P.S., McManus C. Use of heat tolerance traits in discriminating between groups of sheep in central Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 42, p.1821-1828, 2010.

Chessa B., Pereira F., Arnaud F., Amorim A., Goyache F., et al. Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations. **Science**, 324, p.532-536, 2009.

Combs, W. A history of the Barbados Blackbelly sheep. In: Fitzhugh, H.A., Bradford, G.E. (Eds.). **Hair Sheep of Western Africa and the Americas: A Genetic Resource for the Tropics**, Westview Press, Boulder, CO, 1983, p.179–197.

Costa J.A.A., Egito A.A., Barbosa-Ferreira M., Reis F.A., Vargas Junior F.M., Santos S.A., Catto J.B., Juliano R.S., Feijó G.L.D., Ítavo C.C.B.F., Oliveira A.R., Seno L.O. Ovelha pantaneira, um grupamento genético naturalizado do estado de Mato Grosso do Sul, Brasil. **Palestras do VIII Congresso Latino americano de Especialistas em Pequenos Ruminantes y Camélidos Sudamericanos**, p.25-43, 2013.

Crispim B.A. Discriminação alélica em ovinos naturalizados do Pantanal Sul-Matogrossense por meio de marcadores microssatélites. **J. Selva Andina Res. Soc.**, v.3,p.3-13, 2012.

Crispim B .A., Grisolia A. B., Seno L. O., Egito A. A. do, Vargas Junior F. M., Souza M. R. Genetic diversity of locally adapted sheep from Pantanal region of Mato Grosso do Sul. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 5458-5466, 2013.

Dieringer D. & Schlötterer C. Two distinct modes of microsatellite mutation processes: evidence from the complete genomic sequences of nine species. **Genome Res.** 13, p.2242–2251, 2003.

Diéz-tascón C., Littlejohn R., Almeida P et al. Genetic Variation within the Merino Sheep Breed: Analysis of Closely Related Populations Using Microsatellites. **Animal Genetics** 31, 243-251, 2000.

Diniz, Isabel Santos. **Caracterização morfológica de ovinos Barriga Negra criados na Savana de Roraima**. Roraima: Universidade Federal de Roraima, 2011. Curso de Bacharelado em Zootecnia. Boa Vista. p 16-20.

Domingues O. **Sobre a origem do Carneiro Deslanado de Morada Nova**. Seção de Fomento Agrícola, Fortaleza, Ceará, 1954, n.3, p.24.

Dossa L. H., Wollny C., Gauly M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits, **Small Ruminant Research**, 73, 150-159, 2007.

Dumasy J.F., Daniaux C., Donnay I., Baret P.V. Genetic diversity and networks of exchange: a combined approach to assess intra-breed diversity. **Genet Sel Evol.** 44, p.1-13, 2012.

Edwards C.J., Gaillard C., Bradley D.G. et al. Y-Specific Microsatellite Polymorphisms in a Range of Bovid Species. **Animal Genetics**, 31, p.127-130, 2000.

Egito A.A, Albuquerque S.M., Mariante A.S. Situação Atual da Caracterização Genética Animal na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia In: Simpósio de Recursos Genéticos

para América Latina e Caribe – SIRGEALC, 2. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. CD-ROM, 1999.

Egito A.A., Mariante A.S., Albuquerque M.S.M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Archivos de zootecnia**, v. 51, n.50, p.193-194, 2002.

Ellegren, H. Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference. **Trends Genet.** 16, p.551–558, 2000.

Facó O., Paiva S.R., Alves L. de R. N., Lôbo R.N.B., Villela L.C.V. **Raça Morada Nova: Origem, características e perspectivas.** Documentos: EMBRAPA Caprinos e ovinos. Sobral, CE, 2008, 76, ISSN 1676-7659.

FAO (2007). **The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture.** FAO: Rome. Disponível em: <http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm>. Acesso em: 30/07/2013.

FAO (2011). **Molecular genetic characterization of animal genetic resources. Animal Production and Health Guidelines.** FAO: Rome., n.9, 100p. Disponível em: <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.pdf>. Acesso em: 30/07/2013.

Farid A., O'Reilly E., Dollard C., Kelsey CR. Genetic analysis of ten sheep breeds using microsatellite markers. **Canadian Journal of Animal Science**, 80, p.9-17, 2000.

Fernández J., Toro M.A., Caballero A. Management of Subdivided Populations in Conservation Programs: Development of a Novel Dynamic System. **Genetics**, 179, p.683-692, 2008.

Ferreira M.B., Fernandes L.H., Carmona R. **Ovelha Pantaneira: uma nova raça de animais com 300 anos de história.** Rev. Cabra & Ovelha. n. 72, 2012. Disponível em: <http://www.cabraeovella.com.br/website/Edicoes.php?e=72&c=728&d=0>. Acesso em: 18/08/2013.

Ferreira M.E. & Grattapaglia D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** Brasília: Embrapa, 1998.

Ferreira J.S.B., Paiva S.R., Silva E.C., McManus C.M., Caetano A.R., Façanha D.A.E, Sousa M.A.N. Genetic diversity and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil. **Genetics and Molecular Research**. 2014. Aceito para publicação.

Fuck, Beatriz Helen Felício. **Caracterização genética do cavalo Pantaneiro: uma contribuição para conservação da raça.** Brasília: Universidade de Brasília, 2002. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2002.

Gândavo P.M. **Tratado da Terra do Brasil - História da Província de Santa Cruz.** Belo Horizonte: Itatiaia, 1980, p.150.

Gomes E. F., Louvandini H., Dallago B. S. L., Canozzi M. E. A., de Melo C. B., Bernal F. E. M., McManus C. Productivity in ewes of different genetic groups and body sizes. **Journal of Animal Science Advances**, v. 3, p.1-255, 2013.

Gomes W.S, Araújo A.R., Caetano A.R., Martins C.F., Vargas Jr. F.M., McManus C.M., Paiva S.R. Origem e diversidade genética da ovelha crioula do Pantanal, Brasil. **In:** Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe, VI, 2007. Cidade do México. Memoria... Chapingo: México. Univerisdad Autonoma Chapingo, p.322.

Gonçalves G.L., Moreira G.R.P., Freitas T.R.O., Hepp D., Passos D.T., Weimer T.A. Mitochondrial and nuclear DNA analyses reveal population differentiation in Brazilian Creole sheep. **Animal Genetics**, 41, p.308-310, 2010.

Hall S.J.G. & Bradley D.G. Conserving livestock breed biodiversity. **Trends Ecology Evolution**, v.10, n.7, p.267-270, 1995.

Hanotte, O., Tawah, C.L., Bradley, D.G. et al. Geographic Distribution and Frequency of a Taurine Bos Taurus and an Indicine Bos Indicus Y Specific Allele Amongst Sub-Saharan African Cattle Breeds. **Molecular ecology**, 9, p.387-396, 2000.

Heaton M.P., Harhay G.P., Bennett G. L., Stone R.T., Grosse W.M., Casas E., Keele J.W., Smith T.P.L., Chitko-Mckown C.G., Laegreid W.W. Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. **Mamm.Genome**, 13, p.272–281, 2002.

Hermans W. A. The European mouflon, Ovis musimon. **Tijdschr Voor Diergeneeskunde**, 121, p.515–517, 1996.

Herrera M., Rodero E., Gutierrez M. J., Peña F., Rodero J. M. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds, **Small Ruminant Research**, 22, p.39-47, 1996.

Herrera, M. & Luque, M. Morfoestructura y sistemas para el futuro en la valoración morfológica. **In:** Valoración Morfológica de los animales domésticos, Espanha: Madri. Cap. 3, p.83-105, 2009.

Hiendleder S., Kaupe B., Wassmuth R., Janke, A. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. **Proc. R. Soc. Lond.**, vol. 269, p.893-904, 2002.

Hiendleder S., Mainz K., Plante Y. et al. Analysis of Mitochondrial DNA Indicates That Domestic Sheep Are Derived from Two Different Ancestral Maternal Sources: No Evidence for Contributions from Urial and Argali Sheep. **Journal of Heredity**, 89, 113-120, 1998.

Hiendleder S., Phua S., Hecht W. A diagnostic assay discriminating between both major Ovis aries haplogroups. **Anim. Genet.**, 30, p.211–213, 1999.

Hurles M.E. & Jobling M.A. Haploid Chromosomes in Molecular Ecology: Lessons from the Human Y. **Molecular ecology**, 10, p.1599-1613, 2001.

International Sheep Genomics Consortium, ISGC (2006). Disponível em: <http://www.sheepmap.org>. Acesso em: 10/02/2014.

Jacinto M.A.C., Vargas F.M.J., Martins C.F. et al., Influence of Genotype on the Quality of Sheep Leather. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 40, p.1830-1836, 2011.

Jarne P. & Lagoda P.J.L. Microsatellites, from Molecules to Populations and Back. **Trends in Ecology & Evolution**, 11, p.424-29, 1996.

Kijas J.W., Miller J.E., Hadfield T., McCulloch R., Garcia-Gamez E., et al. Tracking the Emergence of a New Breed Using 49,034 SNP in Sheep. **PLoS ONE**, 7(7):e41508, 2012b.

Kijas J.W., Townley D., Dalrymple B.P., Heaton M.P., Maddox J.F. et al. A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds. **PLoS ONE**, 4(3):e4668, 2009.

Kijas, J.W., Lenstra, J.A., Hayes B., Boitard S., Porto Neto L.R., et al. Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. **PLoS ONE**, 10, e1001258, 2012a.

Kuhner M. K., Beerli P., Yamato J., Felsenstein J. Usefulness of single nucleotide polymorphism data for estimating population parameters. **Genetics**, 156, p.439–447, 2000.

Larson G., Dobney K., Albarella U. et al. Worldwide Phylogeography of Wild Boar Reveals Multiple Centers of Pig Domestication. **Science**, 307, 5715-1618, 2005.

Lawson Handley L.J., Byrne K., Santucci F., Townsend S., Taylor M., Bruford M.W., Hewitt G.M. Genetic structure of European sheep breeds. **Heredity**, 99, p.620–631, 2007.

Li M-H., Strandén I., Tiirikka T., Sevon-Aimonen M-L., Kantanen J. A comparison of approaches to estimate the inbreeding coefficient and pairwise relatedness using genomic and pedigree data in a sheep population. **PLoS ONE**, 6(11):e26256, 2011.

Magalhães A.F.B., Facó O., Lôbo R.N.B., Villela L.C.V. **Raça Somalis Brasileira: Origem, Características reprodutivas e desenvolvimento ponderal**. Documentos 99 - Embrapa Caprinos e Ovinos. Sobral, CE. ISSN 1676-7659, 2010.

Mariante A. S. & Egito A.A. Animal genetic resources in Brazil: result of Five centuries of natural selection. **Theriogenology**, 57, p.223-235, 2002.

Mariante A.S., Egito A.A., Albuquerque M.S.M., Paiva S.R., Ramos A.F. Managing genetic diversity and society needs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 37, p.127-136, 2008.

Mariante, A. da S.; Albuquerque, Maria Do Socorro M.; Egito, A A; McManus, C.; Lopes, M. A.; Paiva, S. R. Present status of the conservation of livestock genetic resources in Brazil. **Livestock Science (Print)**, v. 120, p.204-212, 2009.

Mariante, A.S. & Cavalcante, N. **Animais do Descobrimento: Raças Domésticas da História do Brasil**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006, 232 p.

Mason I.L. **Strengthening agricultural research in Brazil**. Centro Nacional de Pesquisa de Caprinos, Sobral – CE, 1980, 30p.

Mattos P. S. R., Junior M. M. C., Braga R. M., Bendahan A. B. **Avaliação de resiliência comparativa à infestação parasitária, de ovinos das raças Santa Inês e Barriga Negra**. Boa Vista: Embrapa Roraima, Circular técnica, 01, 2008.

- McClure M., Sonstegard T., Wiggans G., Van Tassell C. P. Imputation of microsatellite alleles from dense SNP genotypes for parental verification. **Front. Genet.**, 3, p.140, 2012.
- McManus C., Hermuche P., Paiva, S.R., Melo C.B., Mendes C. Q. Geographical distribution of sheep breeds in Brazil and their relationship with climatic and environmental factors as risk classification for conservation. **Brazilian Journal of Science and Technology**. Aceito para publicação, 2014.
- McManus C., Paiva S.R., Egito A.A., Mariante A.S.; Louvandini H. Importância dos levantamentos populacionais e da caracterização genética das populações na conservação animal. In: Colégio Brasileiro de Reprodução Animal. **Anais...** Goiania, 2005.
- McManus C., Louvandini H., Paiva S.R., Oliveira A.A., Azevedo H.C., Melo C.B.. Genetic factors of sheep affecting gastrointestinal parasite infections in the Distrito Federal, Brazil. **Veterinary Parasitology**, v.166, p.308-313, 2009.
- McManus C., Paiva S.R., Araújo R.O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. **R. Bras. Zootec.**, vol.39, p.236-246, 2010.
- Meadows J.R., Cemal I., Karaca O., Gootwine E., Kijas J.W. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East. **Genetics**, 175, p.1371–1379, 2007.
- Meadows J.R., Hanotte O., Drögemüller C., Calvo J., Godfrey R., et al. Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. **Animal Genetics**, 37, p.444-453, 2006.
- Meadows J.R., Hawken R.J., Kijas J.W. Nucleotide diversity of the ovine Y chromosome. **Animal Genetics**, 35, p.379–385, 2004.
- Meadows J.R., Li K., Kantanen J., Tapio M., Sipos W., Pardeshi V., et al. Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between breeds of domestic sheep from Asia and Europe. **J Heredity**, 96, p.494-501, 2005.
- Meadows J.R.S. & Kijas J.W. Re-Sequencing Regions of the Ovine Y Chromosome in Domestic and Wild Sheep Reveals Novel Paternal Haplotypes. **Animal Genetics**, 40, p.119-123, 2009.
- Meadows J.R., Hiendleder S., Kijas J.W. Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel. **Heredity**, 106, p.700–706, 2011.
- Mendes B.V. **Carneiro do Deserto do Sudão**. Coleção Mossoroense, série B, n.1330, ESAM-Mossoró, RN, 1996, 22p.
- Mendonça A.S. **O carneiro “Rabo Largo” e sua introdução na Bahia**. Boletim do Serviço de Divulgação da Secretaria de Agricultura, Indústria e Comércio do Estado da Bahia, n.4, separata, 1951, p.1-6.
- Menezes M.P.C., Martinez A.M., Ribeiro M.N. et al. Caracterização Genética de Raças Caprinas Nativas Brasileiras utilizando-se 27 Marcadores Microsatélites. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 35, 1336-1341, 2006.
- Meuwissen T. Towards consensus on how to measure neutral genetic diversity? **J. Anim Breed Genet.**, 126, p.333–334, 2009.



Montelgard C., Nguyen T. C. & Dubray D. Genetic variability in French populations of the Corsican mouflon (*Ovis ammon musimon*): Analysis of two blood proteins and red cell blood groups. **Genetics Selection and Evolution**, 26, p.303–315, 1994.

Morais O.R. **O melhoramento genético dos ovinos no Brasil**. In: Pereira, J.C.C.(Ed.). Melhoramento genético aplicado à produção animal. 3.ed. Belo Horizonte: FEPMUZ. 2001, p.320-330.

Naitana S., Ledda S., Cocco E., Manca L., Masala B. Haemoglobin phenotypes of the wild European mouflon sheep living on the island of Sardinia. **Animal Genetics**, 21, p.67–75, 1990.

Newmeyer D.D. & Ferguson-Miller S. Mitochondria: Releasing Power for Life and Unleashing the Machineries of Death. **Cell**, 112, p.481-490, 2003.

Nielsen R. & Signorovitch J. Correcting for ascertainment biases when analyzing SNP data: applications to the estimation of linkage disequilibrium. **Theor. Popul. Biol.**, 63 p.245–255, 2003.

Notter D.R. The importance of genetic Diversity in Livestock Populations of the Future. **J. Anim. Sci.**, 77, 61-69, 1999.

Oliveira J.D., Igarashi M.L.S.P., Machado T.M.M. et al. Structure and Genetic Relationships between Brazilian Naturalized and Exotic Purebred Goat Domestic Goat (*Capra Hircus*) Breeds Based on Microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, 30, p.356-363, 2007.

Oliveira R.R. **Caracterização genética de populações de caprinos da raça Moxotó usando marcadores moleculares**. Paraíba: Universidade Federal da Paraíba, 2003. 59p. Dissertação (Mestrado).

Paiva S. R., Dias C., Faria D. A., Mcmanus C. M., Oliveira, A. A., Lobo R. N. B., Sousa W. H., Dergam J. A., Albuquerque M. S. M., Mariante A. S. Y- chromosome variability of Brazilian sheep breeds. **8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.** Belo Horizonte: SBRA, 2006, 4p.

Paiva S.R., Facó O., Faria D.A., Lacerda, T., Barretto G.B., Carneiro P.L.S., Lobo R.N.B., McManus C. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43, p.1449-1457, 2011.

Paiva S.R., Faria D.A., Silvério V.C., McManus C., Egito A.A., Dergam J.A., Guimarães S.E.F., Castro S.R., Albuquerque M.S.M., Mariante A.S. Genetic variability among brazilian sheep using microsatellites. **The Role of Biotechnology** - Villa Gualino, Turin, Italy, p. 195-196, 2005d

Paiva S.R., Silvério V.C., Egito A.A., McManus C., Faria D.A., et al. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds using RAPD-PCR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 40, p.887-893, 2005a.

Paiva S.R., Silvério V.C., Paiva D.A.F., McManus C., Egito A.A., Mariante A.S., Castro S.R., Albuquerque M.S.M., Dergam J.A. Origin of the main locally adapted sheep breeds of Brazil: a RFLP-PCR molecular analysis. **Arch. Zootec.**, vol. 54, p.395-399, 2005b.

- Paiva, S.R. (2005c). **Caracterização da diversidade genética de ovinos no Brasil com quatro técnicas moleculares**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005c. 118p. Tese (Doutorado) em Genética e Melhoramento.
- Pereira F., Davis S.J., Pereira L., McEvoy B., Bradley D.G. Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. **Mol.Biol.Evol.**, 23, p.1420–1426, 2006.
- Peter C., Bruford M., Perez T., Dalamitra S., Hewitt G., et al. Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. **Animal Genetics**, 38, p.37-44, 2007.
- Petit E., Balloux F., Excoffier L. Mammalian Population Genetics: Why Not Y? **Trends in Ecology & Evolution**, 17, 28-33p, 2002.
- Primo A.T. **América: conquista e colonização**. Porto Alegre: Movimento. 2004, 183p.
- Quignon P, Herbin L, Cadieu E, Kirkness EF, Hédan B, et al. Canine Population Structure: Assessment and Impact of Intra-Breed Stratification on SNP-Based Association Studies. **PLoS ONE**, 2(12):e1324, 2007.
- Ramalho M.A.P., Santos J.B., Pinto C.A.B.P. **Genética Na Agropecuária**. Lavras: UFLA. 2000.
- Ramey II R.R., Luikart G., Singer F.J. Genetic Bottlenecks Resulting from Restoration Efforts: The Case of Bighorn Sheep in Badlands National Park. **Restoration Ecology**, 8, p.85-90, 2000.
- Reist-Marti, S., A. Abdulai, and H. Simianer. Optimum allocation of conservation funds and choice of conservation programs for a set of African cattle breeds. **Genet. Select. Evol.**, 38, p.99–126, 2006.
- Rezaei H.R., Naderi S., Chintauan-Marquier I.C., Taberlet P., Virk A.T., Naghash H.R., RiouxD., Kaboli M., Pompanon F. Evolution and taxonomy of the wild species of the genus *Ovis* (Mammalia, Artiodactyla, Bovidae). **Mol. Phyl.Evol.**, 54, p.315–326, 2010.
- Rodero A., Delgado J.V., Rodero E. Primitive Andalusian livestock and their implication in the Discovery of America. **Archivos de Zootecnia**, v.41, n.154, p383-400, 1992.
- Rodero E. & Herrera M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. **Archivos de Zootecnia**, v. 49, p.5-16, 2000.
- Ruane, J. A framework for prioritizing domestic animal breeds for Conservation purposes at the national level: A Norwegian case study. **Conservation Biology**, 14, 1385-1395, 2000.
- Ryder M.L., Sheep. **In: Mason L,I. Evolutions of domesticated animals**. 1ed. Nova York: Longman Group Limited, 1984. p.63-85.
- Sardina, M.T.; Ballester, M.; Marmi, J. et al. Phylogenetic Analysis of Sicilian Goats Reveals a New Mtdna Lineage. **Animal Genetics**, 37, p.376-78, 2006.
- Scherf, B.D. **World watch list for domestic animal diversity**. 3ed. FAO. UNEP. Roma. 2000, p.732.

Schlötterer, C. The evolution of molecular markers — just a matter of fashion? **Nature Reviews Genetics**, 5, p.63-69, 2004.

Schlötterer, C. Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. **Chromosoma** 109, p.365–371, 2000.

Serrano G.M.S., Egito A.A., McManus C., Mariante A.S. Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, p.543-549, 2004.

Silva M.C., McManus C., Sereno J.R.S., Castro, S., Fioravanti M. C., Lopes F.B., Vaz C., Seixas L. Crioula Lanada. **Informação Genético Sanitária da Pecuaria Brasileira – INCT**. Serie Técnica Genética. 22 set. 2010.

Silva R.C.B. **Caracterização genética de populações ovinas nativas do nordeste brasileiro**. Recife: Universidade Federal Rural do Pernambuco, 2007. 507-515p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). v.10, n.3.

Silva R.C.B., Pimenta Filho E.C., Ribeiro M. N., Silva E.C., Faco O., Paiva S.R. Diversidade genética de ovinos morada Nova no estado do ceará, brasil. In: reuniao anual da sociedade Brasileira de zootecnia, 48. Belém. **Anais ...** Belém: sbz, 2011.

Sousa G.S. **Tratado descritivo do Brasil em 1587**. 3.ed. São Paulo: Cia Editora Nacional/Brasiliense. 1938, 493p.

Souza C.A., Paiva S.R., McManus C., Azevedo H.C., Mariante A.S., Grattapaglia D.. Genetic diversity and assessment of 23 microsatellite markers for parentage testing of Santa Inês hair sheep in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, p.1217-1229, 2012.

Spritzke A., Egito A.A., Mariante A.S., McManus, C. Genetic characterization of Criollo Lageano cattle using RAPD markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.1157-1164, 2003.

Tapio I, Tapio M, Grislis Z, Holm LE, Jeppsson S, Kantanen J, Miceikiene I, Olsaker I, Viinalass H, Eythorsdottir E. Unfolding of population structure in Baltic sheep breeds using microsatellite analysis. **Heredity**, 94, p.448-456, 2005b.

Tapio M., Marzanov N., Ozerov M., Cinkulov M., Gonzarenko G., et al. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. **Mol.Biol.Evolution**, 23, p.1776-1783, 2006.

Tapio M., Tapio I., Grislis Z., Holm L.E., Jeppsson S. Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. **Mol Ecology**, 14, p.3951-3963, 2005a.

Toro M.A., Fernández J., Caballero A. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. **Anim. Genet. Res.**, 120, p.174-195, 2008.

Tóth, G., Gáspári, Z., Jurka, J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: survey and analysis. **Genome Res.**, 10, 967–981, 2000.

Traoré A., Tamboura H. H., Kaboré A., Royo L. J., Fernández I., Álvarez I., Sangaré M., Bouchel D., Poivey J. P., Francois D., Toguyeni A., Sawadogo L., Goyache F. Multivariate characterization of morphological traits in Burkina Faso sheep. **Small Ruminant Research**, 80, 62-67, 2008.

Valdez R. **The Wild Sheep of the World**. Wild Sheep and Goat International, Mesilla, New Mexico, 1982.

Van Eenennaam A.L., Weaber R.L., Drake D.J., Penedo M.C., Quaas, R.L., Garrick D.J. & Pollak E.J. DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. **J. Anim.Sci.**, 85, p.3159–3169, 2007.

Vieira, G. V. N. **Criação de Ovinos e Suas Enfermidades**. 3.ed. São Paulo: Biblioteca Agronômica Melhoramentos. 1967, p.480.

Wakeley J., Nielsen R., Liu-Cordero S. N., Ardlie, K. The discovery of single-nucleotide polymorphisms — and inferences about human demographic history. **Am. J. Hum. Genet.** 69, p.1332–1347, 2001.

Wilson D.E. & Reeder D.M. **Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference**. Smithsonian Institution Press, Washington, D.C., 1993.

Zeder M.A. Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. **Proc.Natl.Acad.Sci. U S A.** 105, p.11597-11604, 2008.

## CAPÍTULO II

### **ESTUDO DA ESTRUTURA GENÉTICA DE OVINOS LOCALMENTE ADAPTADOS DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES DE BASE ÚNICA (SNP - SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM)**

#### **1. RESUMO**

Brasil possui diversas raças ovinas no seu território que surgiram em consequência tanto de múltiplas introduções desde o período da colonização bem como de eventos genéticos e demográficos. De forma a aumentar a compreensão da formação desses grupos genéticos, o objetivo dessa dissertação foi analisar a distribuição da diversidade genética de 721 indivíduos de 30 raças por meio do *ovine* SNP50 BeadChip. Foram utilizados oito grupos genéticos brasileiros, cinco deslanados e três lanados. Além disso, mais 22 raças foram analisadas como possíveis fundadoras das raças brasileiras. A partir dos resultados das distâncias genéticas geradas pelo índice  $F_{st}$  foi possível identificar que existem duas fontes de variação principais para as raças brasileiras: uma de origem Africana e outra com origem na região Mediterrânea da Europa. As raças lanadas Crioula e Bergamácia apresentaram maior proximidade genética com raças coletadas nas Américas (Corriedale, Gulf Coast Native, Ile de France, Hampshire e Suffolk) e Caribe (St.Elizabeth) do que com raças européias mediterrâneas. A análise de componentes principais (PCA) confirmou a proximidade genética entre as populações de Santa Inês e Bergamácia, e de Morada Nova com Rabo Largo observadas anteriormente com marcadores microssatélites. Além disso, a raça Somalis apresentou uma maior homogeneidade genética e diferenciação entre as raças localmente adaptadas. O grupo genético Pantaneiro apresentou relativa diferenciação genética da raça Crioula bem como uma maior proximidade

da raça Bergamácia Brasileira. Os resultados desse estudo serão usados para direcionar o enriquecimento do Banco de germoplasma existente, bem como fornecer subsídios para as associações de criadores sobre a diversidade genética existente dentro de cada raça.

**Palavras-chave:** *Ovis aries*, manejo genético de pequenas populações, conservação dos recursos genéticos animais, diversidade genética, marcadores moleculares.

# STUDY OF GENETIC STRUCTURE OF BRAZIL LOCALLY ADAPTED SHEEP BY SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM MARKERS

## 2. ABSTRACT

Brazil has several sheep breeds in their territory that arose as a result of multiple introductions from the period of colonization as well as genetic and demographic events. In order to increase the understanding of the formation of these genetic groups, the goal of this dissertation was to analyze the distribution of genetic diversity of 721 individuals of 30 breeds through the ovine SNP50 BeadChip. Five Brazilian hair sheep breeds and three wool sheep breeds were used. In addition another 22 breeds were analyzed as possible founders of Brazilian breeds. Based on the results of genetic distances generated by  $F_{st}$ , two sources of variation for Brazilian breeds were found: one African and an other Mediterranean. The Crioula Lanada and Bergamacia showed greater genetic proximity breeds collected in the Americas (Corriedale, Gulf Coast Native, Ile de France, Hampshire e Suffolk) and the Caribbean (St.Elizabeth) than Mediterranean European breeds. Principal Components Analysis (PCA) detected close genetic relationships among populations of Santa Ines and Bergamacia, and Morada Nova with Rabo Largo, previously observed with microsatellite markers. In addition, the Somalis showed greater integrity and genetic differentiation between the locally adapted breeds. The analyzes are indicative of differentiation between Pantaneiro and Crioula Lanada, but are not conclusive to the general understanding of the sheep group Pantaneiro. The results of this study will be used to direct enrichment of the Bank of germplasm and to give subsidies to breeders associations on the genetic diversity within each breed.

**Key Words:** *Ovis aries*, locally adapted breeds, genetic management of small populations, conservation of animal genetic resources, genetic diversity, molecular markers.

### 3. INTRODUÇÃO

Registros históricos da espécie *Ovis aries* evidenciam a dispersão de ovinos asiáticos primeiro para a Europa e por fim para a África (Fitzhugh & Bradford, 1983). Vários trabalhos observaram elevados níveis de fluxo gênico e introgressões entre as raças ovinas (Kijas et al., 2012; Meadows et al., 2005; Tapio et al., 2006). No entanto, a extensão dessa miscisgenação genética e a alta diversidade dentro de muitas raças permanecem sem explicações (Kijas et al., 2012).

A subestruturação genética dentro de raças tem uma implicação importante nas estratégias utilizadas para manutenção da variabilidade genética das populações (Fernández et al., 2008). Por exemplo, o processo de formação de diferentes ecótipos/linhagens dentro das raças ovinas brasileiras, a exemplo Crioula Lanada e Santa Inês, pode ter decorrido de efeito fundador, práticas de manejo e eventos de introgressão das raças especializadas (McManus et al., 2010).

A crescente disponibilidade de marcadores moleculares e o desenvolvimento de técnicas capazes de detectar polimorfismos no DNA ampliaram a capacidade de caracterizar as raças (Toro et al., 2008). Segundo o mesmo autor, os microssatélites e SNPs são as ferramentas genômicas mais utilizadas para estudos de variação genética, pois elas possibilitam o aumento do conhecimento sobre a estrutura de populações existentes, através da quantificação da variabilidade genética intra e inter-racial. Além disso, é possível identificar regiões do genoma associadas a características quantitativas de interesse econômico.

Os marcadores SNPs têm sido os preferidos em estudos de variação genética, uma vez que apresentam menores taxas de erro de genotipagem e tempo de resposta bem como permitem redução nos custos de infra-estrutura e possibilitam a atualização dos perfis de DNA de animais já genotipados (McClure, 2012; Souza et al., 2012). Adicionalmente, possuem uma maior capacidade de automação e padronização, facilitando a comparação entre laboratórios (Heaton et al., 2002; Anderson & Garza, 2006; Van Eenennaam et al., 2007; Baruch & Weller, 2008).



No Brasil, alguns estudos foram realizados, a partir de 2005, para quantificar a diversidade genética das raças ovinas localmente adaptadas com marcadores microssatélites e mitocondriais (e.g. Paiva, 2005c; Crispim et al., 2013). Dentre os principais resultados observados destacam-se que todas as raças localmente adaptadas do Brasil pertencem ao haplogrupo mitocondrial B (Paiva et al., 2005a), bem como existem evidências de sub-estruturação genética das raças Morada Nova (Ferreira et al., 2014). Apesar de vários conhecimentos terem sido agregados nestes estudos, não foi possível, por exemplo, identificar a origem das principais raças localmente adaptadas brasileiras.

Recentemente, o Consórcio Internacional do Genoma Ovino (International Sheep Genomics Consortium, ISGC, 2006, página web) validou um painel de 60.000 marcadores SNP em 2819 animais provenientes de 74 raças de ovinos (Kijas et al., 2012a). O Brasil foi o único país da América do Sul a participar do Consórcio, com DNA de 98 animais, de três raças localmente adaptadas que compõem o programa de conservação e uso sustentável de recursos genéticos animais da Embrapa: Santa Inês, Morada Nova e Crioula.

O principal resultado para as raças brasileiras obtido no trabalho de Kijas et al. (2012a) foi a confirmação da existência de duas fontes principais de variação: uma das raças da Europa Mediterrânea e outra das raças da África. No entanto, não foi possível explorar mais profundamente a estrutura populacional mais fina das raças brasileiras. Desta forma, este presente trabalho visa aumentar o conhecimento da estrutura populacional das raças de ovinos do Brasil a partir da genotipagem de novas raças brasileiras não amostradas no trabalho de Kijas et al., (2012a).

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram amostrados um total de 215 indivíduos pertencentes a oito raças localmente adaptadas brasileiras (três lanadas e cinco deslanadas) e 73 indivíduos pertencentes a seis raças adicionais existentes no Brasil e Colômbia (Tabelas 1 e 2). Todas essas amostras foram retiradas do Banco de DNA e tecidos do Laboratório de Genética Animal (LGA) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. Foram adicionados neste estudo os genótipos (49.034 SNPs do *Ovine SNP50 BeadChip*) de 433 indivíduos, analisados pelo Consórcio Internacional do Genoma Ovino (Kijas et al., 2012), pertencentes a dezesseis raças distintas – originárias das regiões América do Norte, Caribe, Europa e Oriente Médio, África e Austrália (Tabela 1) – que podem auxiliar na identificação da origem das raças brasileiras.

**Tabela 1.** Raças analisadas e local de coleta das amostras.

<b>Cod.</b>	<b>Raças</b>	<b>Local de coleta das amostras</b>	<b>Animais</b>
<b>Raças/grupos genéticos localmente adaptados do Brasil</b>			
OB	Bergamácia	América do Sul / Brasil	15
OCL	Crioula Lanada	América do Sul / Brasil	27
OPT	Pantaneiro	América do Sul / Brasil	6
OBN	Barriga Negra	América do Sul / Brasil	23
OMN	Morada Nova	América do Sul / Brasil	52
ORL	Rabo Largo	América do Sul / Brasil	15
OS	Somalis	América do Sul / Brasil	22
OSI	Santa Inês	América do Sul / Brasil	55

\*Amostras fornecidas pelo ISGC.

**Continuação Tabela 1.** Raças analisadas e local de coleta das amostras.

<b>Possíveis raças fundadoras</b>			
<b>Américas</b>			
BBB*	Barbados Black Belly	América do Norte / Caribe	24
STE*	St. Elizabeth	América do Norte / Caribe	10
GCN*	Gulf Coast Native	América do Norte / EUA	30
MORA	Mora	América do Sul / Colômbia	8
OPD	Poll Dorset	América do Sul / Brasil	7
OSUF	Suffolk	América do Sul / Brasil	9
OC	Corriedale	América do Sul / Brasil	26
OH	Hampshire	América do Sul / Brasil	12
OIF	Ille de France	América do Sul / Brasil	11
<b>Europa Mediterrânea</b>			
ALT*	Altamura	Itália	24
COM*	Comisana	Itália	24
LEC*	Leccese	Itália	24
CAS*	Castellana	Espanha	23
CHU*	Churra	Espanha	30
OJA*	Ojala	Espanha	24
RAA*	Rasa Aragonesa	Espanha	22
ERS**	Engadine Red Sheep	Suíça	24
<b>Oriente Médio</b>			
QEZ*	Qezel	Irã	35
MOG*	Moghani	Irã	34
<b>África</b>			
RMA*	Red Maasai	Quênia	45
<b>Oceania/Austrália</b>			
APM*	Australian Poll Merino	Austrália	30
MER*	Australian Merino	Austrália	30

\*Amostras fornecidas pelo ISGC; \*\*Raça não Mediterrânea.

**Tabela 2.** Regiões de coleta das amostras localmente adaptadas brasileiras

<b>Raças</b>	<b>Localidade</b>	<b>Código</b>	<b>N</b>
Bergamácia	Fazenda Água Limpa – UnB/DF	OB/DF	10
Brasileira	Nerópolis/GO	OB/GO	5
Barriga Negra	Campo Experimental Água Boa/RR	OBN AB/RR	18
	Boa Vista/RR	OBN BV/RR	5
Crioula Lanada	Embrapa Pecuária Sul – Bagé/RS	OCL BA/RS	9
	Caçapava do Sul	OCL CS/RS	7
	Lages/SC	OCL LA/SC	5
	Ponte Alta/SC	OCL PA/SC	6
Morada Nova	Embrapa Caprinos e Ovinos – Sobral/CE	OMN SO/CE	12
	UFC – Pentecoste/CE	OMN PE/CE	2
	Morada Nova/CE	OMN MN/CE	12
	Caraíba/BA	OMN CA/CE	1
	Banabuiú/CE	OMN BA/CE	2
	Angicos/RN	OMN AN/CE	2
	Lages/RN	OMN LG/RN	2
	EMPARN – Pedro Avelino/RN	OMN PA/PB	1
	Patos/PB	OMN PT/PB	2
	Mogeiros/PB	OMN MO/PB	1
	São José do Egito/PE	OMN SJ/PE	1
UESB - Jequié/BA	OMN JE/BA	14	
Pantaneiro	Nhecolândia/MS	OPT NHE/MS	3
	Campo Alto/MS	OPT CA/MS	2
	Anhanguera – Uniderp, Campo Grande/MS	OPT AU/MS	1
Rabo Largo	Caraíba/BA	ORL CA/BA	5
	Pilar/BA	ORL PI/BA	5
	EBDA - Pilar/BA	ORL EB/BA	2
	Juazeiro/BA	ORL JU/BA	1
	Emepa – Soledade/PB	ORL SO/PB	2

**Continuação Tabela 2.** Regiões de coleta das amostras localmente adaptadas brasileiras

<b>Raças</b>	<b>Localidade</b>	<b>Código</b>	<b>N</b>
Somalis Brasileira	Embrapa Caprinos e Ovinos – Sobral/CE	OS SO/CE	22
Santa Inês	Aracaju/Sergipe	OSI AR/SE	8
	Embrapa Caprinos e Ovinos – Sobral/CE	OSI SO/CE	5
	UESB – Jequié/BA	OSI JE/BA	6
	Embrapa Tabuleiros Costeiros – Frei Paulo/SE	OSI FP/SE	10
	Embrapa Meio Norte – Campo Maior/PI	OSI CM/PI	13
	Inhumas/GO	OSI INH/GO	13

Inicialmente, foram formados três grupos de amostras. No primeiro grupo (grupo I), todos os animais de raças e/ou grupos genéticos localmente adaptadas brasileiras (lanadas e deslanadas) foram agrupados (n = 215): OB, OBN, OCL, OMN, OPT, ORL, OS, OSI. O segundo grupo (grupo II) foi formado por animais das raças localmente adaptadas brasileiras lanadas e outras raças possivelmente fundadoras (n = 300): OB, OCL, OPT, APM, CHU, COM, GCN, MER, MORA, OC, OH, OJA, OPD, OSUF, RAA. O terceiro grupo (grupo III) incluiu os animais das raças localmente adaptadas brasileiras deslanadas e outras possíveis raças fundadoras (n = 635): OBN, OMN, ORL, OS, OSI, ALT, APM, BBB, CAS, CHU, COM, ERS, GCN, LEC, MER, MOG, OIF, OJA, OB, OSUF, QEZ, RAA, RMA, STE.

Para as amostras do LGA, o DNA foi processado, diluído de acordo com protocolos estabelecidos no LGA e as amostras foram submetidas à genotipagem com o *Ovine SNP50 BeadChip* (Illumina Inc.) contendo 54.241 marcadores SNP. O serviço de genotipagem foi realizado com a empresa Neogen GenSeek (Nebraska, EUA). As análises de controle de qualidade dessas amostras bem como a integração das mesmas com os demais Bancos de dados de Kijas et al (2012) foi realizado a partir do software Golden Helix “SNP e VariationSuite” v.7 (SVS) (Golden Helix, Inc., Bozeman, MT, USA). Os primeiros controles de qualidade foram excluir indivíduos que tivessem “Call Rate” (taxa de marcadores SNP que tiveram seus genótipos corretamente coletados por indivíduo) menor do que 98% e selecionar marcadores com valores de MAF (frequência do alelo menos frequente) maior do que 0,1, o que resultou em um total de 48.934 SNPs. Posteriormente, foram excluídos todos marcadores em

desequilíbrio de Ligação maior do que 0,05 (indep-pairwise 50; 5; 0.05). Após o descarte dos marcadores não autossômicos, o banco de dados final para análises foi de 23.613 SNPs.

A variabilidade genética intra-racial foi estimada a partir das estimativas de heterozigosidades observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) por meio do programa PLINK (Purcell et al., 2007). Adicionalmente, o coeficiente de endogamia ( $f$ ) foi estimado pelo software SVS (Golden Helix, Inc.). O coeficiente de endogamia utilizado foi o índice de fixação dentro de subpopulações ( $F_{is}$ ), de Wright (1951), que analisa o coeficiente de endogamia de indivíduos ( $i$ ) em relação às subpopulações ( $s$ ) das quais as mesmas fazem parte:

$$F_{is} = H_e - H_o / H_e$$

Onde,  $H_o$  é a heterozigosidade observada do indivíduo;  $H_e$  é a heterozigosidade esperada da subpopulação em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). Portanto, reflete a probabilidade de dois alelos dentro do mesmo indivíduo serem idênticos por descendência.

Para observar a estruturação genética foram analisadas as matrizes de distâncias genéticas baseadas no índice  $F_{st}$  por meio do método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) e análise de componentes principais (PCA). Essas análises foram executadas por meio dos softwares SAS (Statistical Analysis, Cary, North Caroline, v.9.3) e SVS (Golden Helix, Inc.), respectivamente. A variação de cada componente da análise PC para cada grupo foi demonstrada no anexo D. Os gráficos das Análises de Componentes Principais foram gerados por meio do software Excel 3D scatter plot (Doka, 2006). A análise de Variância Molecular (AMOVA) entre as raças, dentro dos grupos, foi analisada por meio do programa Arlequin 3.5. (Excoffier L. & Lischer H.E. L., 2000).

As relações genéticas entre as raças e os níveis de miscigenação genética foram avaliados pelo software STRUCTURE versão 2.3.4 (Pritchard et al., 2000) sob o modelo de *admixture* (miscigenação), com 1.000 iterações de quecimento (Burnin) e 10.000 iterações para coleta dos dados a partir dos algoritmos MCMC (Monte Carlo em Cadeia de Markov). Os gráficos foram gerados pelo próprio software Structure. Foram realizadas 10 repetições para cada valor de agrupamento (parâmetro  $K$ ). O número mais provável de agrupamentos foi definido utilizando a metodologia proposta por Evanno et al. (2005):

$$\Delta K = m([L''K])/s[L(K)]$$

Onde,  $L(K)$  consiste na média dos valores de  $\ln P(D)$ ;

$$L'(K) = L(K)^n - L(K)^{n-1};$$

$$L''(K) = L'(K)^n - L'(K)^{n-1};$$

$$\Delta K = [L''(K)]/Stdev$$

## **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **5.1. Resultados**

#### **5.1.1. Diversidade genética intra-racial**

As raças originárias do Mediterrâneo apresentaram heterozigosidades mais elevadas ( $H_o > 0,34$  e  $H_e > 0,34$ ) do que a maioria das raças localmente adaptadas ( $H_o < 0,34$  e  $H_e < 0,34$ ) (Tabela 3). A raça africana Red Massai apresentou índices de heterozigosidades observada e esperada igual 0,32. Dentre as raças localmente adaptadas, a raça Santa Inês apresentou os maiores índices de heterozigosidades observada e esperada ( $H_o = 0,34$  e  $H_e = 0,34$ ). As raças localmente adaptadas brasileiras deslanadas Somalis ( $H_o = 0,29$ ;  $H_e = 0,26$ ) e Barriga Negra ( $H_o = 0,29$ ;  $H_e = 0,29$ ) apresentaram os menores índices de heterozigosidades entre todas as raças analisadas (Tabela 3).

**Tabela 3.** Variabilidade genética intra-racial das raças/ grupos genéticos analisados no presente estudo.

<b>RAÇA</b>	<b>N</b>	<b>Origem das amostras</b>	<b>Ho*</b>	<b>Std Dev*</b>	<b>He*</b>	<b>Std Dv*</b>
ALT	24	Europa Mediterrânea / Itália	0,354	0,162	0,357	0,142
APM	30	Oceania / Austrália	0,365	0,154	0,363	0,136
BBB	24	América do Norte / EUA e Caribe	0,312	0,170	0,329	0,160
CAS	23	Europa Mediterrânea / Espanha	0,371	0,164	0,361	0,138
CHU	30	Europa Mediterrânea / Espanha	0,359	0,162	0,354	0,143
COM	24	Europa Mediterrânea / Itália	0,367	0,166	0,356	0,141
ERS	24	Europa Mediterrânea / Suíça	0,364	0,168	0,353	0,144
GCN	30	América do Norte / EUA	0,363	0,159	0,360	0,138
LEC	24	Europa Mediterrânea / Itália	0,345	0,108	0,381	0,118
MER	30	Oceania / Austrália	0,355	0,154	0,361	0,138
MOG	34	Oriente Médio / Irã	0,362	0,158	0,356	0,141
MORA	8	América do Sul / Colômbia	0,316	0,232	0,290	0,182
OB	15	América do Sul / Brasil	0,326	0,181	0,334	0,157
OBN	23	América do Sul / Brasil	0,291	0,191	0,296	0,175
OC	26	América do Sul / Brasil	0,345	0,159	0,354	0,142
OCL	27	América do Sul / Brasil	0,317	0,151	0,352	0,143
OH	12	América do Sul / Brasil	0,360	0,197	0,339	0,155
OIF	11	América do Sul / Brasil	0,337	0,190	0,339	0,154
OJA	24	Europa Mediterrânea / Espanha	0,370	0,160	0,362	0,136
OMN	52	América do Sul / Brasil	0,300	0,168	0,310	0,164
OPD	7	América do Sul / Brasil	0,346	0,242	0,298	0,183
OPT	6	América do Sul / Brasil	0,327	0,220	0,330	0,162
ORL	15	América do Sul / Brasil	0,326	0,206	0,306	0,170
OS	22	América do Sul / Brasil	0,292	0,222	0,265	0,188
OSI	55	América do Sul / Brasil	0,340	0,154	0,346	0,148
OSUF	9	América do Sul / Brasil	0,345	0,205	0,337	0,156
QEZ	35	Oriente Médio / Irã	0,359	0,152	0,360	0,137
RAA	22	Europa Mediterrânea / Espanha	0,377	0,159	0,368	0,132
RMA	45	África	0,325	0,171	0,320	0,160
STE	10	América do Norte / EUA e Caribe	0,364	0,201	0,343	0,152
<b>GRUPOS</b>	<b>N</b>		<b>Ho</b>	<b>Std Dev</b>	<b>He</b>	<b>Std Dev</b>
I	215		0,315	0,123	0,360	0,135
II	300		0,353	0,112	0,382	0,119
III	635		0,343	0,108	0,380	0,119

\*Ho: heterozigidade observada; He: heterozigidade esperada. Std Dv: desvio-padrão das estimativas de heterozigidades. Grupos: I) raças localmente adaptadas brasileiras; II) raças lanadas; III) raças deslanadas.



Todas as raças localmente adaptadas brasileiras apresentaram índices de coeficientes de endogamia ( $F_{is}$ ) > 10% (Tabela 4). Entre as raças localmente adaptadas brasileiras, Somalis Brasileira e Barriga Negra apresentaram os maiores índices de coeficientes de endogamia ( $F_{is}$  > 0,23), enquanto a raça Santa Inês apresentou o menor  $F_{is}$  (0,10).

**Tabela 4.** Coeficiente de Endogamia das raças.

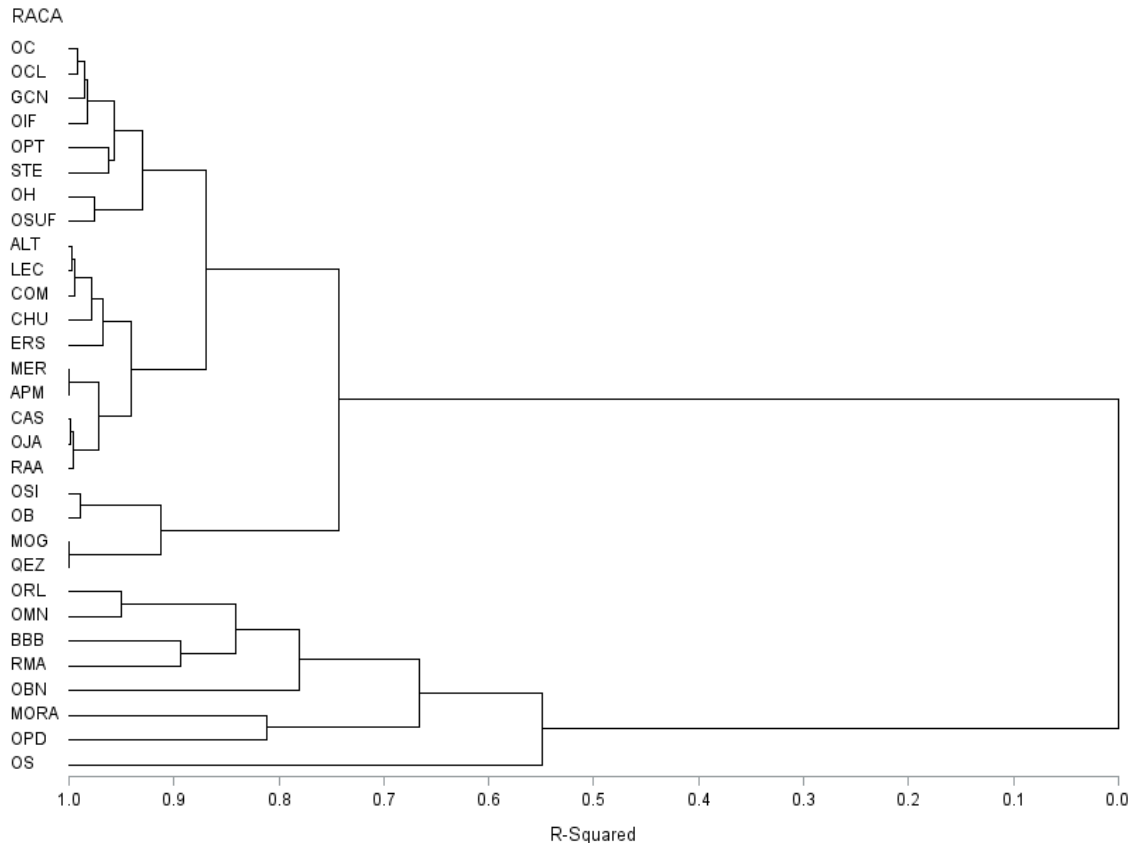
<b>RAÇA</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>Std Dev</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>
ALT	24	0,072	0,054	0,003	0,244
APM	30	0,043	0,023	0,018	0,129
BBB	24	0,182	0,090	0,074	0,438
CAS	23	0,028	0,022	-0,010	0,096
CHU	30	0,060	0,039	0,002	0,162
COM	24	0,038	0,015	0,014	0,077
ERS	24	0,048	0,022	0,014	0,111
GCN	30	0,047	0,051	-0,029	0,195
LEC	24	0,107	0,083	0,001	0,315
MER	30	0,069	0,045	0,023	0,251
MOG	34	0,053	0,025	0,029	0,144
MORA	8	0,173	0,040	0,123	0,230
OB	15	0,144	0,057	0,061	0,248
OBN	23	0,237	0,077	0,081	0,370
OC	26	0,096	0,080	0,014	0,335
OCL	27	0,167	0,114	0,013	0,430
OH	12	0,056	0,025	0,005	0,103
OIF	11	0,117	0,081	-0,028	0,221
OJA	24	0,031	0,029	-0,007	0,094
OMN	52	0,214	0,065	0,092	0,446
OPD	7	0,093	0,073	0,030	0,238
OPT	6	0,144	0,169	0,012	0,471
ORL	15	0,146	0,035	0,049	0,223
OS	22	0,233	0,109	0,104	0,405
OSI	55	0,109	0,061	0,041	0,329
OSUF	9	0,094	0,061	0,002	0,180
QEZ	35	0,059	0,031	0,024	0,176
RAA	22	0,014	0,016	-0,011	0,078
RMA	45	0,148	0,028	0,049	0,238
STE	10	0,047	0,034	0,002	0,117

Média do Coeficiente de Endogamia de cada raça; N: número de indivíduos; Std Dev: desvio-padrão.

### 5.1.2. Diversidade genética inter-racial

A partir da Análise de Variância Molecular (AMOVA) foi observado que as diferenças inter-raciais representaram 11,21%, 5,61% e 8,84% da variação total ( $p < 0,001$ ) nos grupos I, II e III, respectivamente (anexo D). A partir do  $F_{st}$  Global, que mede a diferenciação dentro de cada raça em relação a todas as outras raças (anexo A), foi possível gerar uma matriz de distância genética entre todas as raças (Figura 1), na qual foram observados três grupos distintos. O primeiro grupo inclui sete raças amostradas nas regiões do Brasil, Caribe e Colômbia, quatro das quais são raças localmente adaptadas brasileiras: Rabo Largo, Morada Nova, Barriga Negra e Somalis. A raça africana RMA encontra-se no mesmo grupo.

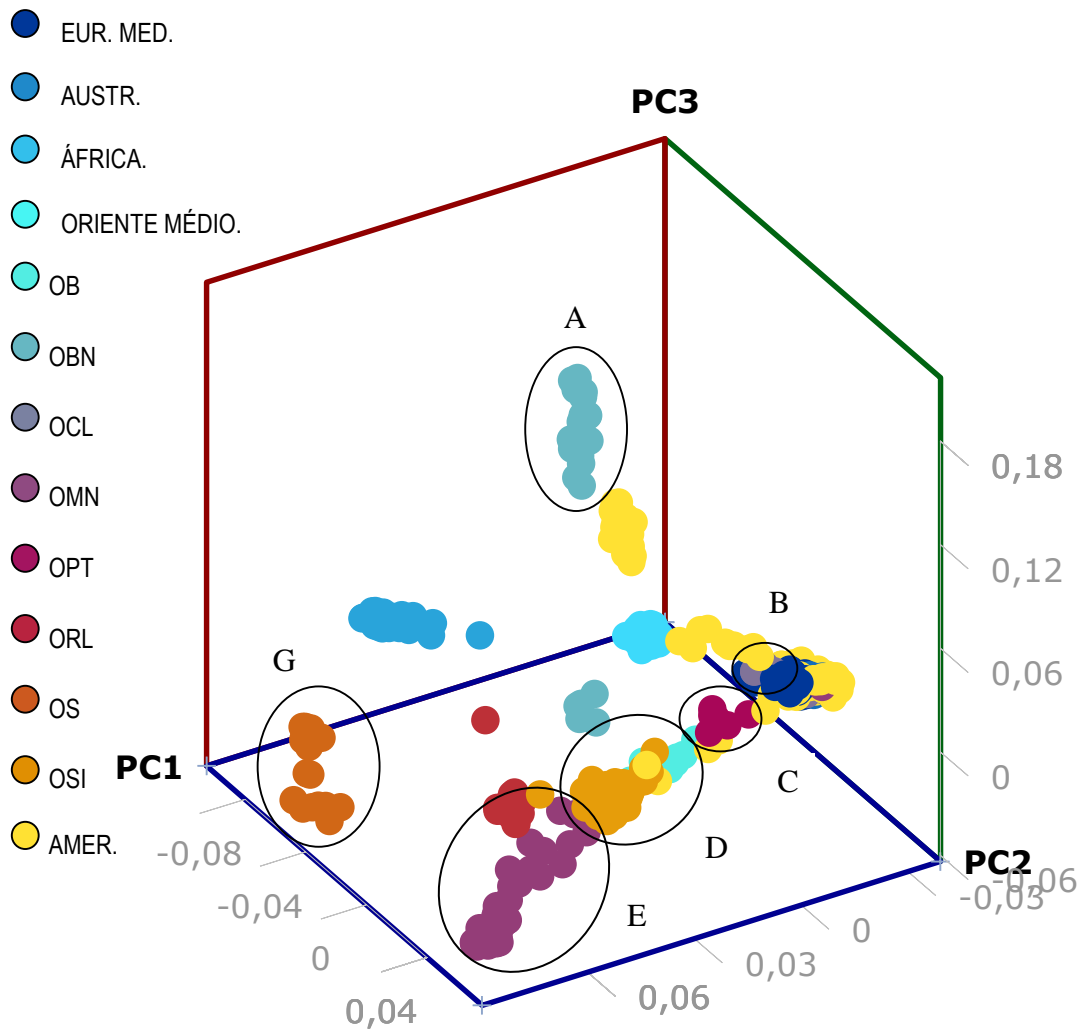
O segundo grupo inclui as raças oriundas do Oriente Médio (QEZ e MOG), além de Santa Inês e Bergamácia, o que pode sugerir uma segunda fonte de variação. O terceiro grupo inclui as demais raças/grupos genéticos amostrados no continente americano (inclusive as populações localmente adaptadas brasileiras: Crioula Lanada e Pantaneira), além das raças originárias da Europa Mediterrânea. As raças coletadas nas Américas apresentaram maior grau de proximidade genética entre si, enquanto as raças da Europa Mediterrânea foram dispostas mais distantes.



**Figura 1. Dendrograma obtido a partir da matriz de distâncias genéticas originadas do índice  $F_{st}$  e do algoritmo UPGMA de todas as raças analisadas nesse estudo.**

Para contrastar os resultados obtidos no dendrograma foi realizada uma análise de componentes principais (PC) conforme a origem das populações, onde o PC1 explicou 13,25% da variação total entre todas as raças, o PC2 8,93% e o PC3 5,39% (Figura 2). Para melhor visualização do grau de miscigenação das raças localmente adaptadas brasileiras com as outras, essas receberam cores distintas das demais raças amostradas no continente americano. De forma geral, foi possível observar uma separação sutil entre as raças localmente adaptadas brasileiras deslanadas e as originárias da África, Europa e Oriente Médio. As raças da África (RMA) e Oriente Médio (QEZ e MOG) apresentaram separação consistente das demais, embora tenha sido possível observar uma maior proximidade destas últimas com um agrupamento miscigenado de raças amostradas na Austrália, América e Europa Mediterrânea.

Em relação as raças/ grupos genéticos brasileiros, foi possível observar maior diferenciação genética da raça Somalis e maior aproximação genética entre as raças Santa Inês e Bergamácia e entre Morada Nova e Rabo Largo. Além disso, a raça Crioula e o grupo genético Pantaneiro apresentaram grau de miscigenação elevado com as demais raças amostradas no continente americano.



**Figura 2. Análise de Componentes Principais de todas as raças – PC1(13,25%) x PC2 (8,93%) x PC3 (5,39%).** As populações foram plotadas para primeira, segunda e terceira dimensões, e coloridas conforme sua origem geográfica (Tabela 1). Para melhor visualização do grau de mistura das raças localmente adaptadas brasileiras com as outras, essas receberam cores distintas das demais raças amostradas nas Américas. Onde A = OBN; B = OCL; C = OPT; D = OSI/OB; E = OMN/ORL; G = OS.

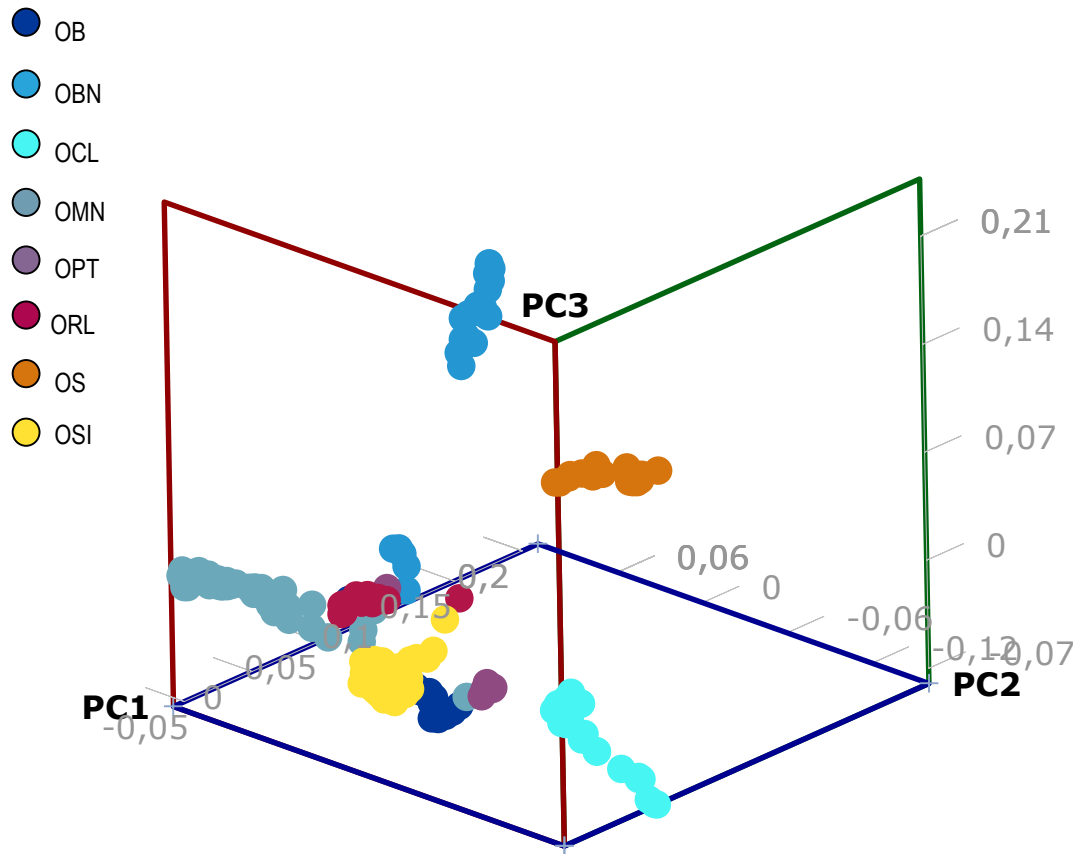
### 5.1.2.1. Estrutura genética fina dos grupos

#### **Grupo I – Raças localmente adaptadas brasileiras**

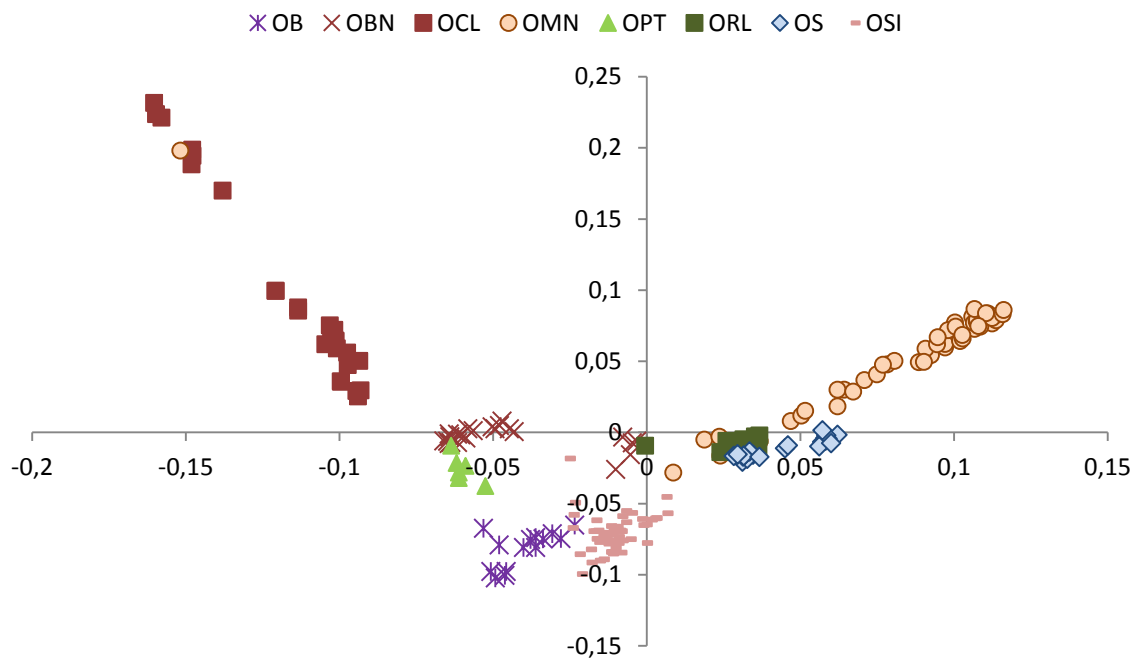
Dentro do grupo I, foi possível visualizar em uma análise de componentes principais uma separação parcial entre as raças deslanadas (Figura 3). Além disso, uma maior homogeneidade genética e diferenciação da raça Somalis, entre todas as raças localmente adaptadas, pôde ser observada (Figura 3). Também nesta análise foi detectada uma diferenciação genética de uma parte da população da raça Barriga Negra, enquanto a outra parte apresentou maior proximidade com populações das raças Rabo Largo, Moarada Nova e Santa Inês (Figuras 3), demonstrando uma sub-estruturação nesta população. Adicionalmente, foi possível verificar uma maior proximidade genética entre as raças Bergamácia e Santa Inês, e entre Morada Nova e Rabo Largo, o que corrobora com os resultados anteriores.

A raça Crioula apresentou separação consistente das demais raças (Figuras 3). Apesar disso, o dendrograma obtido a partir da matriz do índice  $F_{st}$  (Figura 5) detectou maior proximidade da raça Santa Inês com Crioula Lanada do que com a raça Morada Nova. Outro aspecto importante a considerar é a diferenciação genética da Ovelha Pantaneira frente à Crioula Lanada, uma vez que o grupo genético Pantaneiro apresentou uma maior proximidade à raça Santa Inês e Bergamácia, comparado à raça Crioula Lanada (Figura 3).

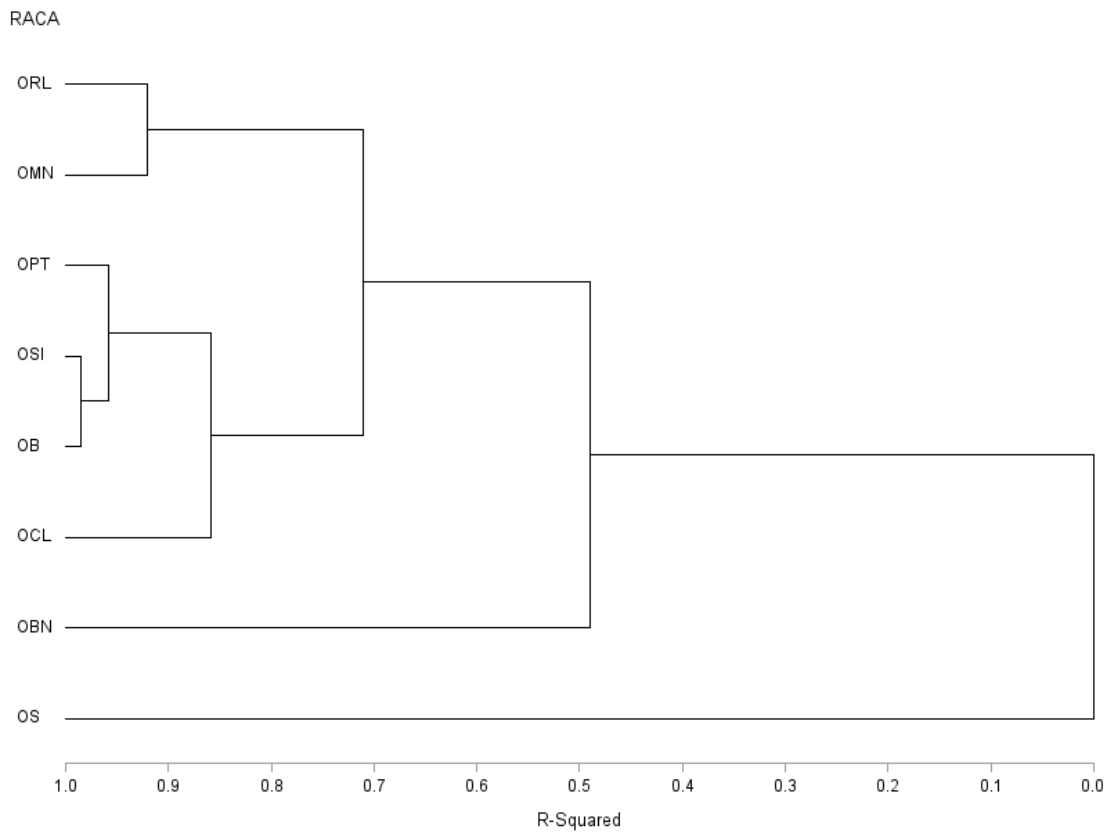
Um gráfico adicional da análise de componentes principais entre os componentes PC1 e PC4 foi gerado para tentar explicar parte da variação existente entre as raças localmente adaptadas brasileiras. Com esta análise foi possível verificar uma sub-estruturação das populações da raça Barriga Negra (Figura 4).



**Figura 3. Análise de Componentes Principais do grupo I – PC1(6,22%) x PC2 (5,65%) x PC3 (4,93%).** As populações foram plotadas para primeira, segunda e terceira dimensões, e coloridas conforme sua origem geográfica (Tabela 1).



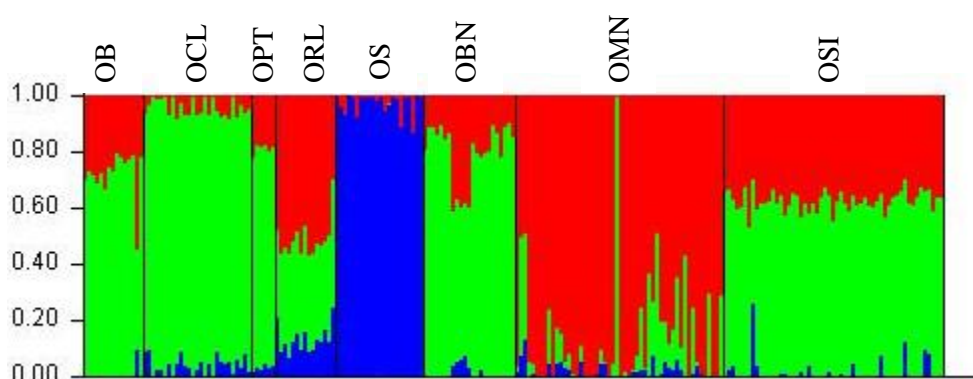
**Figura 4. Estrutura populacional do grupo I (raças localmente adaptadas brasileiras) – PC1 (6,22%) x PC4 (3,68%).**



**Figura 5. Dendrograma obtido a partir da matriz de distâncias genéticas originadas do índice  $F_{st}$  e do algoritmo UPGMA para as raças pertencentes ao grupo I.**



Na análise Structure para o grupo I, foi observado que o valor de  $K=3$  foi o que explicou melhor a subestruturação das raças/grupos genéticos brasileiros a partir da metodologia proposta por Evanno et al., (2005). Nesse valor de  $K$  foi possível observar uma separação sutil entre os animais lanados e deslanados bem como uma separação nítida das raças Somalis Brasileira e Morada Nova. As raças Santa Inês, Barriga Negra e Rabo Largo apresentaram composições mistas entre grupos lanados e deslanados (Figura 6). Nessas raças é comum o parecimento de lã quando os animais são transferidos para regiões um pouco mais frias.

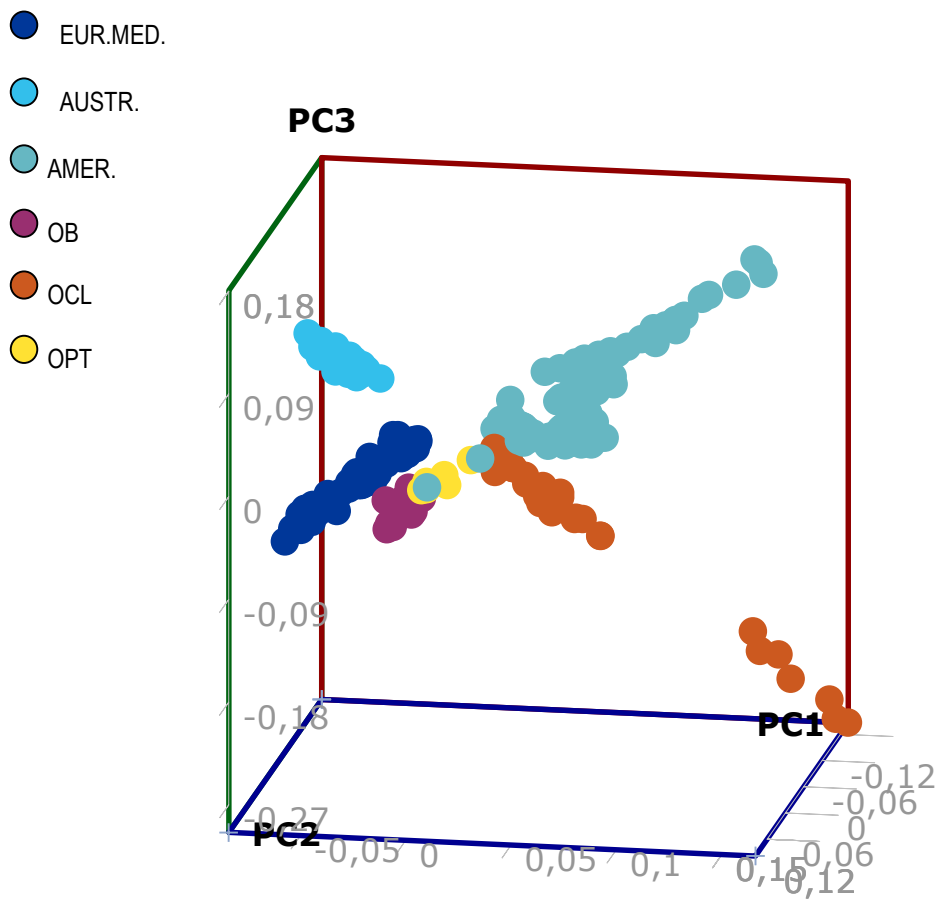


**Figura 6. Análise structure de oito raças localmente adaptadas brasileiras (grupo I).** Foram assumidas 3 subpopulações ( $K = 3$ ). Os indivíduos são representados em grupos raciais, que são separadas por linhas pretas verticais. Entende-se OB por raça Bergamácia; OCL/Crioula Lanada; OPT/Pantaneira; ORL/Rabo Largo; OS/Somalis; OBN/Barriga Negra; OMN/Morada Nova; OSI/Santa Inês.

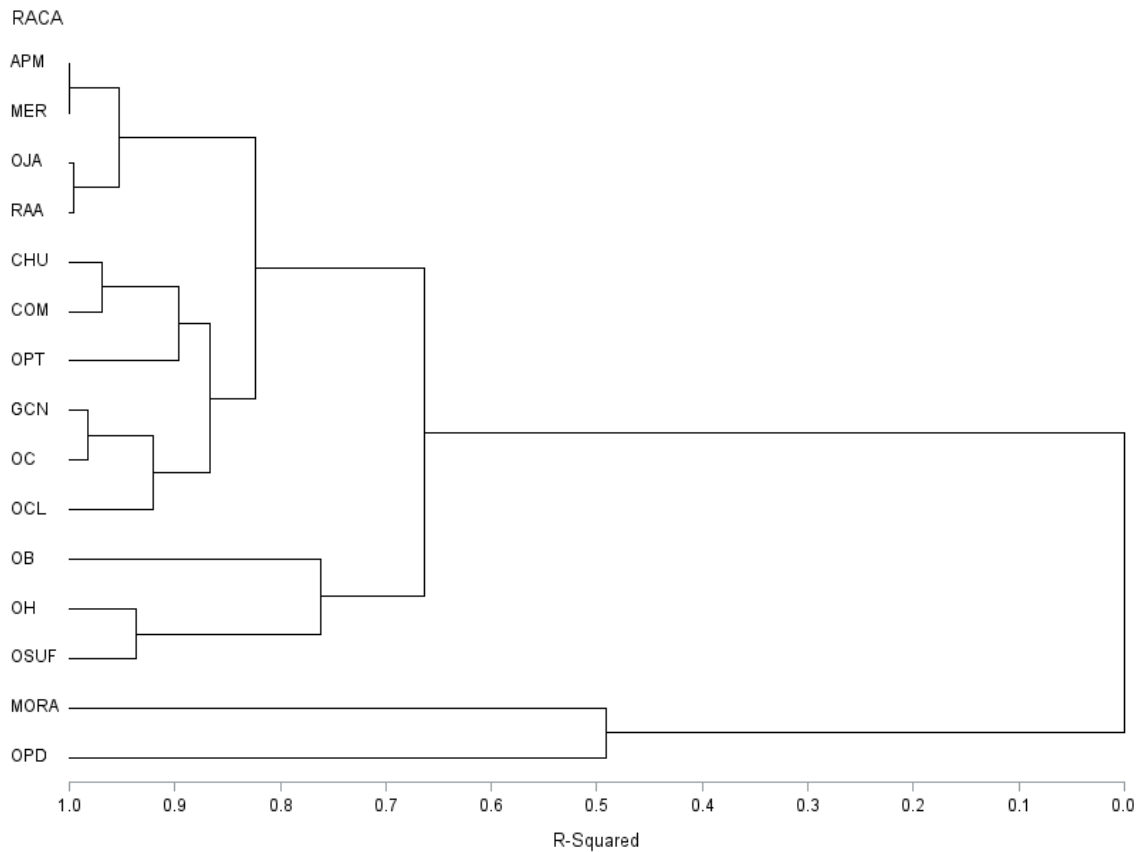
### Grupo II – Raças Lanadas

A Análise de Componentes Principais sugere uma clara distinção genética das raças ovinas amostradas na Austrália (MER, APM) e européias mediterrâneas (COM, CHU, OJA, RAA) em relação às populações brasileiras (OB, OPT, OCL) e demais raças coletadas nas Américas (OC, OH, OSUF, OPD, GCN, MORA) (Figura 7). A raça Bergamácia apresentou uma distância maior das demais raças coletadas nas Américas e maior proximidade das raças européias mediterrâneas. Entretanto, foi possível verificar no dendrograma da Figura 8 que juntamente com a raça Bergamácia foram alocadas outras duas raças amostradas no Brasil: OSUF e OH.

Dentre as raças localmente adaptadas lanadas brasileiras, a raça Crioula apresentou maior diferenciação genética das raças europeias e uma possível sub-estruturação (Figura 7). Foi possível visualizar também maior aproximação genética entre animais da raça Crioula Lanada, Corriedale e Gulf Coast Native no dendrograma (Figura 8), o que corrobora com os resultados anteriores.

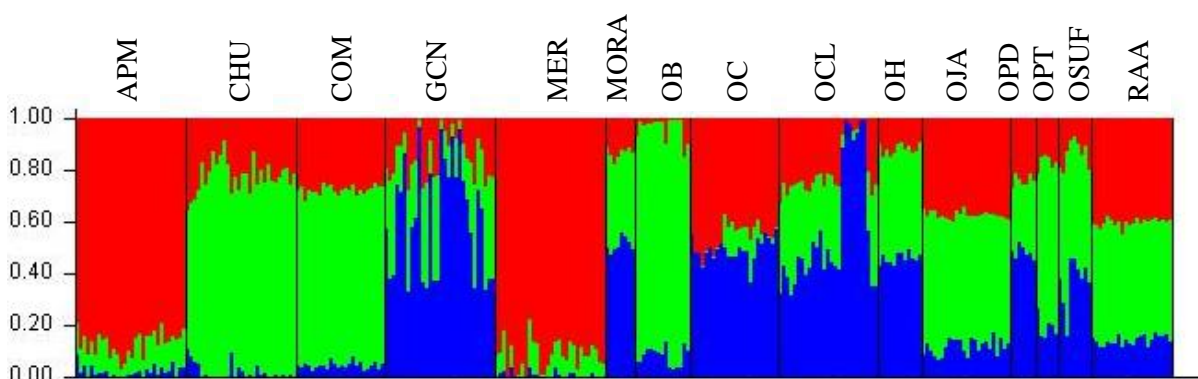


**Figura 7. Análise de Componentes Principais do grupo II – PC1(3,00%) x PC2 (2,68%) x PC3 (2,58%).** As populações foram plotadas para primeira, segunda e terceira dimensões, e coloridas conforme sua origem geográfica (Tabela 1). Para melhor visualização do grau de miscigenação das raças localmente adaptadas brasileiras com as outras, essas receberam cores distintas das demais raças amostradas nas Américas.



**Figura 8 – Dendrograma obtido a partir da matriz de distâncias genéticas originadas do índice *Fst* e do algoritmo UPGMA das raças pertencentes ao grupo II.**

Na análise Structure para o grupo II, foi observado que o valor de  $K=3$  foi o que explicou melhor a subestruturação das raças/grupos genéticos brasileiros a partir da metodologia proposta por Evanno et al., (2005). Nesse valor de  $K$  foi possível observar uma separação sutil entre os animais originários das Américas, da Austrália e do Mediterrâneo (Figura 9). Também foi possível visualizar que a raça Bergamácia apresentou alta proporção de genes das raças mediterrâneas. A raça Crioula Lanada e o grupo genético Pantaneiro apresentaram níveis de miscigenação mais elevados com as demais raças coletadas nas Américas e também com as australianas.

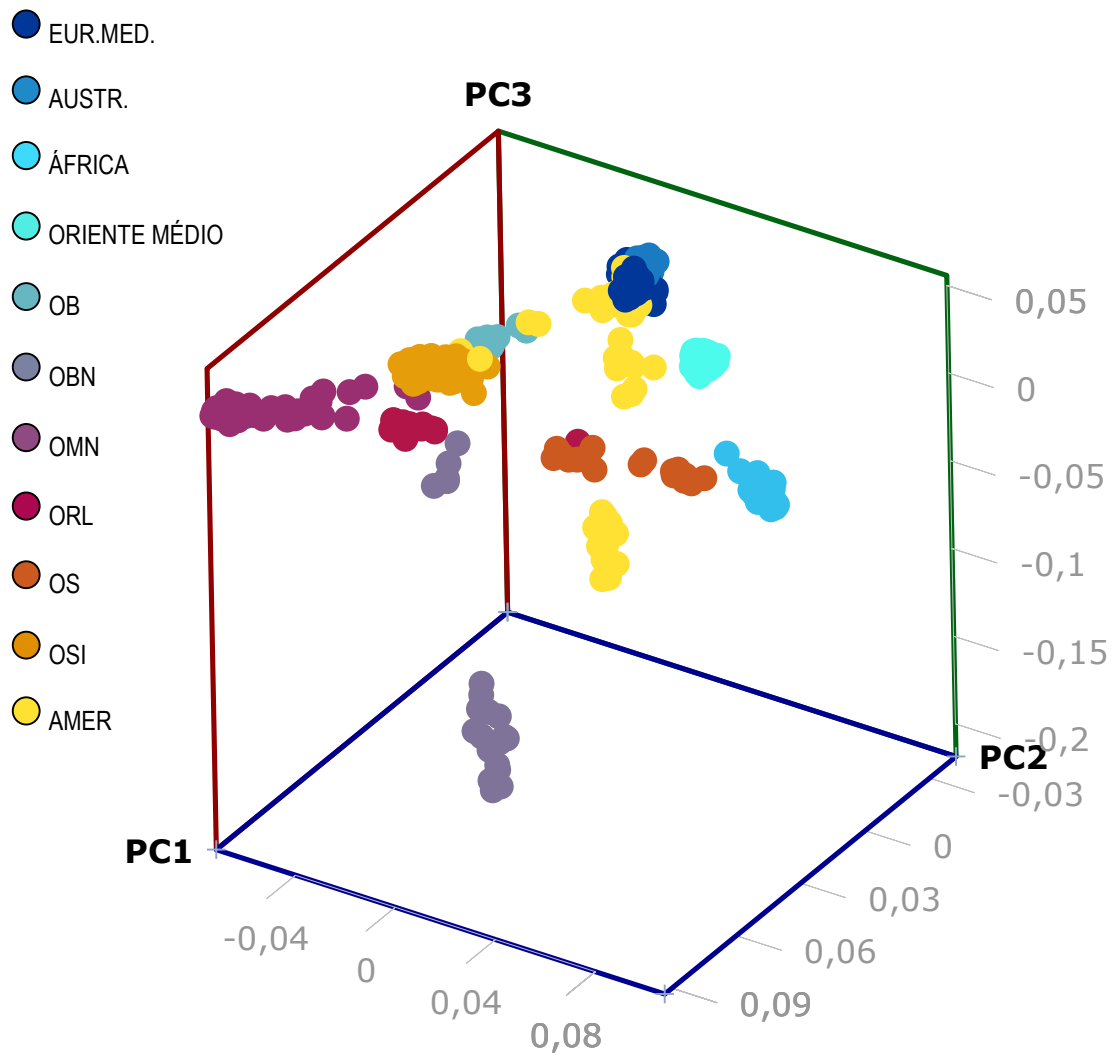


**Figura 9. Análise structure de quinze raças lanadas (grupo II).** Foram assumidas 3 subpopulações ( $K = 3$ ). Os indivíduos são representados em grupos raciais, que são separadas por linhas pretas verticais. Entende-se por APM raça Australian Poll Merino; CHU/Churra; COM/Comisana; GCN/Gulf Coast Native; MER/Australian Merino; OB/Bergamácia; OC/Corriedale; OCL/Crioula Lanada; OH/Hampshire; OJA/Ojala; OPD/Pool Dorset; OPT/Pantaneira; OSUF/Suffolk; RAA/Rasa Aragonesa

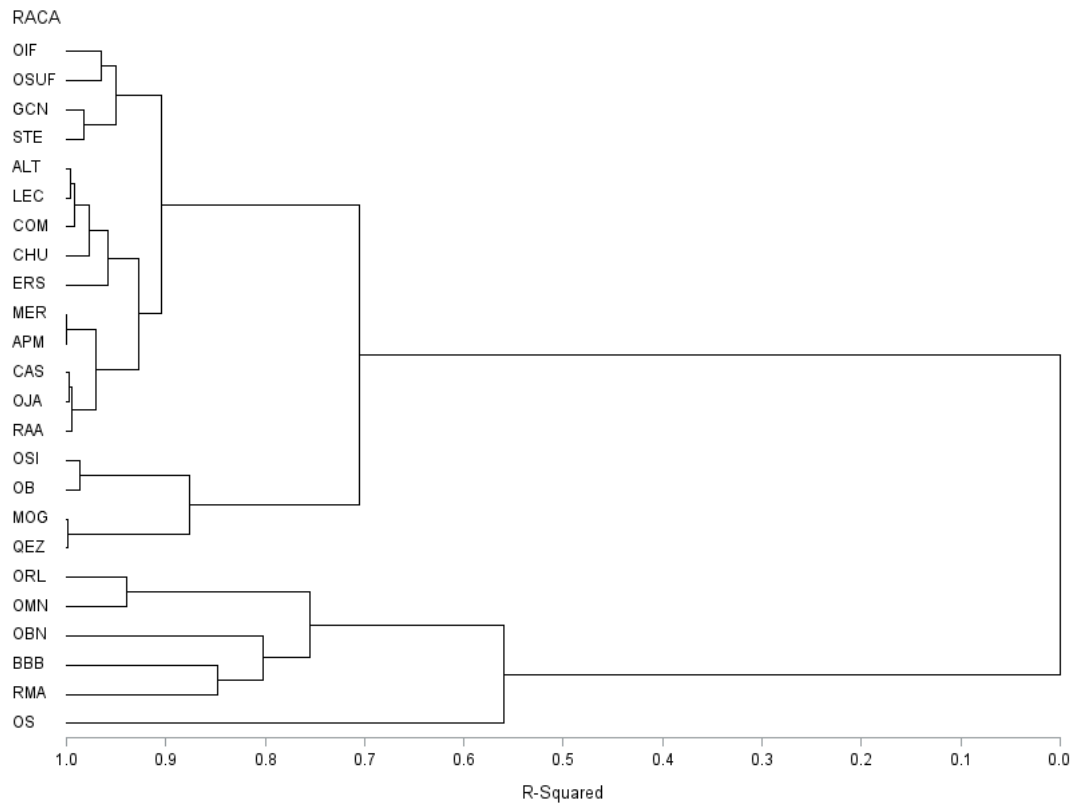
### Grupo III – Raças Deslanadas

As raças localmente adaptadas brasileiras deslanadas se apresentaram distantes das raças mediterrâneas e australianas pela Análise de Componentes Principais, avaliada dentro do grupo III (Figura 10). Entretanto, o dendrograma detectou uma proximidade das raças Santa Inês e Bergamácia com as raças oriundas do Oriente Médio (QEZ e MOG) (Figura 11).

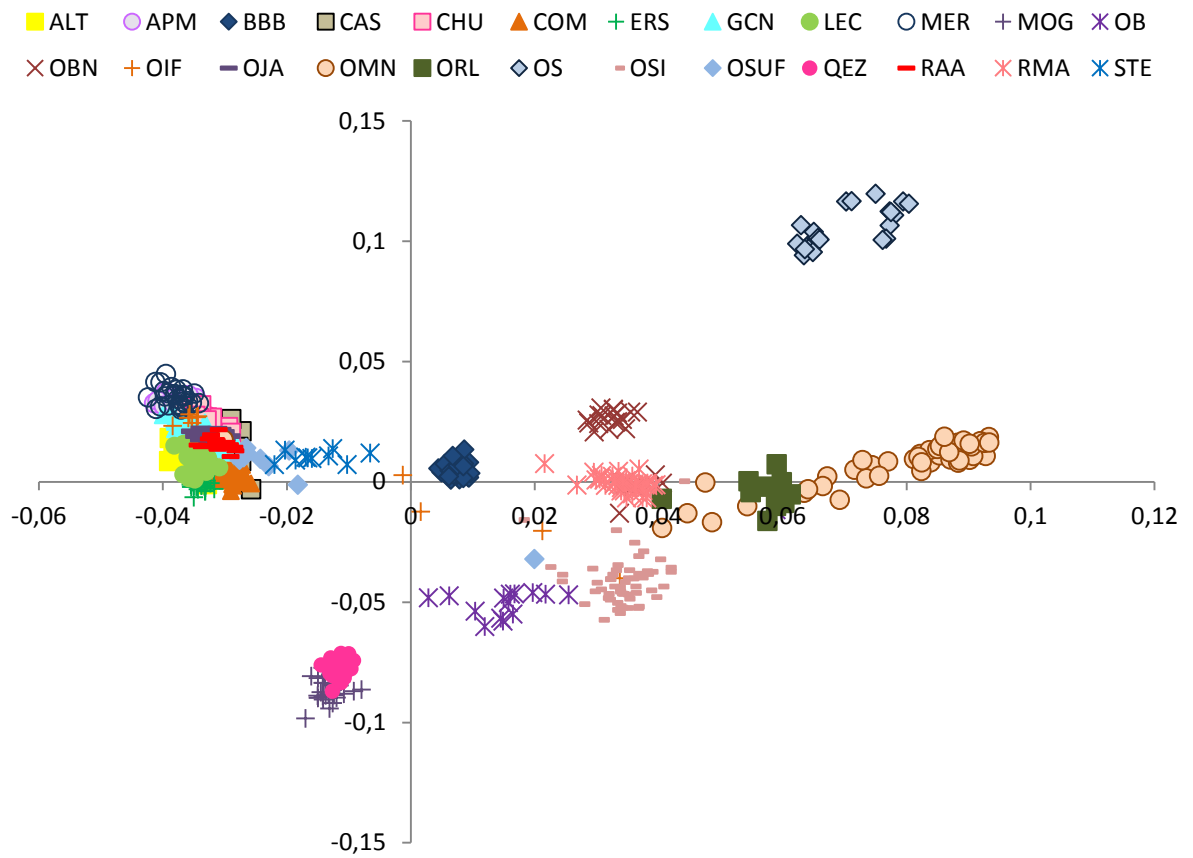
A raça Somalis Brasileira permaneceu distante das demais raças localmente adaptadas, bem como a raça BBB, que curiosamente não apresentou grau de miscigenação genética com o grupo genético brasileiro de Barriga Negra (Figuras 10 e 12). Entretanto, o dendrograma da Figura 11 demonstrou proximidade entre as raças RMA, BBB e OBN. Além disso, a análise PC observada nas comparações entre PC1 x PC4 detectou uma aproximação da raça africana RMA às populações localmente adaptadas deslanadas brasileiras (Figura 12).



**Figura 10. Análise de Componentes Principais do grupo III – PC1(12,34%) x PC2 (8,83%) x PC3 (5,37%).** As populações foram plotadas para primeira, segunda e terceira dimensões, e coloridas conforme sua origem geográfica (Tabela 1). Para melhor visualização do grau de miscigenação das raças localmente adaptadas brasileiras com as outras, essas receberam cores distintas das demais raças amostradas nas Américas.



**Figura 11. Dendrograma obtido a partir da matriz de distâncias genéticas originadas do índice Fst e do algoritmo UPGMA das raças pertencentes ao grupo III.**



**Figura 12. Estrutura populacional do grupo III (raças deslanadas) – PC1 (12,34%) x PC4 (4,56%).**

## 5.2. Discussão

### 5.2.1. Diversidade Genética intra-raacial

As heterozigosidades elevadas detectadas nas raças originárias do Mediterrâneo ( $H_o > 0,34$ ;  $H_e > 0,34$ ) podem sugerir as primeiras migrações das comunidades neolíticas e seus animais, que seguiram o Mediterrâneo como rota marítima para a Europa, pois os níveis relativos de diversidade genética devem diminuir com o aumento da distância do centro da domesticação (Pereira et al., 2006; Fernández et al., 2008). Entretanto, Blackburn et al. (2011), ao utilizarem vinte e cinco marcadores microssatélites do painel de FAO com o objetivo de comparar carneiros domésticos do Cazaquistão – que situavam-se próximos do centro de domesticação – com populações de ovinos do Novo Mundo (EUA), demonstraram que as raças amostradas nos EUA e Cazaquistão obtiveram resultados de heterozigosidade esperada e número médio de alelos por loco semelhantes. Dessa forma, os referidos autores sugeriram que populações geograficamente distantes dos centros de domesticação podem apresentar diversidade genética maior do que se espera.

As raças localmente adaptadas brasileiras deslanadas Somalis Brasileira ( $H_o = 0,29$ ;  $H_e = 0,26$ ) e Barriga Negra ( $H_o = 0,29$ ;  $H_e = 0,29$ ) apresentaram os menores índices de heterozigosidades entre todas as raças analisadas neste trabalho (Tabela 2). Isso está de acordo com os resultados de Paiva et al. (2005a,d). Paiva et al. (2005a) estudaram padrões de semelhança molecular a partir de marcadores RAPD-PCR e detectaram que a raça Somalis obteve o menor valor de heterozigosidade esperada (0,322) entre todas as raças brasileiras localmente adaptadas avaliadas no trabalho (Santa Inês, Rabo Largo, Bergamácia, Morada Nova e Somalis). Os referidos autores também analisaram 18 loci microssatélites de 297 animais pertencentes a cinco raças localmente adaptadas brasileiras e três raças especializadas, e os menores índices de heterozigosidade esperada ( $H_e = 0,57$ ) e observada ( $H_o = 0,56$ ) também foram detectados na raça Somalis (Paiva et al., 2005d). A possível explicação para esse padrão é o fato de ambas as raças terem sido coletadas de rebanhos pequenos e fechados (sem nenhuma introdução recente de animais) da Embrapa e, deste modo, são extremamente susceptíveis as ações da deriva genética e fixação de alelos ao longo de seus genomas.

Apesar de todas as raças localmente adaptadas brasileiras terem apresentado índices de coeficientes de endogamia (Fis) > 10% (Tabela 3), Kijas et al. (2012) obtiveram índices maiores do que os obtidos neste trabalho para as raças Crioula Lanada (0,18), Morada



Nova (0,22) e Santa Inês (0,14). Provavelmente isso se deveu ao fato da menor representatividade das amostras desses autores, já que as amostras utilizadas por eles consistiram em um subconjunto das amostras utilizadas no presente trabalho.

A alta diversidade genética e miscigenação da raça Santa Inês, com índices de heterozigosidade esperado ( $H_e = 0,34$ ) e observado ( $H_o = 0,34$ ), pode ser explicada pela diversidade de locais de coleta proveniente de várias regiões diferentes (Sergipe, Ceará, Bahia, Goiás e Piauí)

### **5.2.2. Diversidade Genética inter-racial**

Kijas et al. (2012) genotiparam 49.034 SNP em animais de 74 raças de ovinos globais e identificaram que a maioria das populações abrigam uma diversidade genética elevada nos marcadores SNP usados, além de manter um tamanho efetivo da população muito maior do que a maioria das raças bovinas e caninas, o que sugere uma domesticação a partir de uma ampla base genética.

A partir dos resultados das matrizes de distância genética baseadas nos índices  $F_{st}$  de todas as raças (Figura 1) e do grupo III (Figura 10) foi possível sugerir origem africana comum para as raças localmente adaptadas deslanadas (ORL, OMN, OBN, OS), o que corrobora em parte com os resultados de Kijas et al. (2012), que identificaram as raças Morada Nova e Santa Inês sempre próximas de raças africanas, tais como Ronderib Afrikaner, Namaqua Afrikaner, Red Massai e Ethiopian Menz. Paiva et al. (2005c) sugere que as raças brasileiras podem descender ou apresentam muita influência de raças da África. Contudo, esse trabalho foi o primeiro em que foi possível fazer uma comparação direta das raças brasileiras com as africanas por meio de marcadores nucleares.

O fato das raças Bergamácia, Moghani e Qezel se localizarem próximas nas análises de matrizes de distância genética baseadas nos índices  $F_{st}$  entre todas as raças (Figura 1) e entre as raças do grupo III (Figura 11), se encontra de acordo com a rota de migração dos animais domésticos, da região do Crescente Fértil para a Europa. A semelhança fenotípica entre as raças OB, MOG e QEZ, que produzem lã de baixa qualidade, também é consonante com esses resultados, provavelmente os animais domesticados na Ásia teriam passado pela Itália (região de origem da raça Bergamácia) antes de migrarem para o restante da Europa. Contudo, análises adicionais são necessárias para clarificar essas relações. Além disso, o fato da raça Santa Inês ter sido alocada próxima da raça Bergamácia em todas as análises realizadas neste

trabalho é um forte indício de cruzamentos recentes com ela. Adicionalmente há conhecimento sobre cruzamentos recentes, realizados na região Nordeste, dos animais Santa Inês e Suffolk com o objetivo de melhorar a conformação do Santa Inês (McManus et al., 2009). Essas observações foram confirmadas em parte no presente trabalho. Na Figura 12 foi possível verificar alguns animais das raças Suffolk e Ile de France próximos dos animais Santa Inês. Os estudos futuros serão para tentar identificar as famílias desses animais dessas raças especializadas para verificar o padrão observado.

A maior proximidade genética das ovelhas Crioula e Pantaneira com as demais raças amostradas nas Américas (Corriedale, Gulf Coast Native, Ile de France, Hampshire e Suffolk) e Caribe (St.Elizabeth) do que com as raças europeias mediterrâneas (Figura 9) é um padrão importante observado. Ao se observar a rota de migração dos animais domésticos, quando estes saíram da Europa e desembarcaram em La Española (hoje República Dominicana e Haiti) – ponto de disseminação para o resto das Antilhas e do continente –, é possível sugerir que as raças Crioulas seguiram uma rota comum, para a América Latina. Adicionalmente, estudos recentes apontam que os ovinos crioulos lanados da América Latina possuem ancestralidade comum com os da Península Ibérica (McManus et al., 2010).

Sobre o grupo genético Pantaneiro, ele tem origem no Pantanal e possui uma combinação de alelos que indica aproximação com as raças lanadas do Sul e deslanadas do Nordeste (Gomes et al., 2007). Segundo Carreiro (2012), é possível que o grupo genético ovino Pantaneiro seja originário da raça Crioula, devido seu histórico migratório na região Sul e sua proximidade fenotípica com esta raça. É possível também que o Pantaneiro seja o ecótipo Zebua da raça Crioula. Isso é condizente com a aproximação genética detectada entre esses animais (OCL e OPT), por meio do dendrograma baseado no  $F_{st}$  (Figura 1). Estudos têm sido conduzidos para caracterizar os ovinos Pantaneiros, definir sua origem e determinar se estes animais já se diferenciaram da raça Crioula ao ponto de receberem o status de raça e não apenas um ecótipo (Jacinto et al., 2011).

Portanto, é possível que existam duas fontes de variação para as raças localmente adaptadas brasileiras uma Africana e outra Mediterrânea, o que está de acordo com Kijas et al. (2012) e McManus et al. (2010).

### 5.2.2.1 Estrutura genética fina dos grupos

Em todas as análises também se pôde observar a aproximação entre as populações de Morada Nova e Rabo Largo. Resultados semelhantes foram encontrados por Paiva et al. (2005d), que avaliaram a diversidade genética entre oito raças de *Ovis aries* no Brasil por meio de dezoito marcadores microssatélites. Além disso, tais autores também detectaram proximidade maior da raça Santa Inês com Rabo Largo, quando comparado à raça Morada Nova, o que não ficou nítido nos resultados da análise PC do presente estudo (Figura 3).

A miscigenação da raça Santa Inês com animais lanados, observada na análise PC (Figura 3) e Structure (Figura 6 e anexo B), já foi discutida por Paiva et al. (2005d), Carneiro et al. (2010) e McManus et al. (2010). É possível sugerir a partir dos resultados obtidos neste estudo que realmente houve grande contribuição da raça Bergamácia para a formação da raça Santa Inês. McManus et al. (2010), ao analisar sete haplótipos conhecidos no cromossomo Y da espécie *Ovis aries*, aparentemente detectou um novo alelo presente apenas nas raças Santa Inês e Bergamácia, e concluíram ser esta uma evidência adicional da recente influência da raça Bergamácia na formação do Santa Inês.

Adicionalmente, foi possível verificar por meio da Análise de Componentes Principais e da análise Structure do grupo II (Figuras 7 e 9) que a raça Bergamácia apresentou uma distância maior das demais raças coletadas nas Américas e maior proximidade das raças européias mediterrâneas. Isso era esperado, já que esta é uma raça originária do Norte da Itália e recentemente introduzida no Brasil, datando do início do século passado (Carneiro, 2008). Entretanto, foi possível verificar na Figura 8 que juntamente com a raça Bergamácia foram alocadas outras duas raças amostradas no Brasil: OSUF e OH.

A raça Crioula apresentou separação consistente das demais raças localmente adaptadas na análise PC do grupo I (Figura 3). Apesar disso, o dendrograma obtido na Figura 6 demonstrou resultado semelhante ao obtido por Kijas et al. (2012) que, ao estimarem o tempo de divergência entre raças ovinas, identificaram maior proximidade genética da raça Santa Inês com a raça Crioula Lanada do que com a raça Morada Nova. Isso não pôde ser confirmado pela análise PC do presente trabalho. Entretanto, como comentado anteriormente, o número de amostras utilizadas por Kijas et al. (2012) foi menor e pouco representativo, já que estas eram originárias de um número bem reduzido de fazendas. Além disso, Kijas et al. (2012) não incluíram amostras Bergamácia em suas análises, o que poderia alterar esse efeito.

Também foi possível verificar através da análise PC do grupo II (Figura 7) que dentre as raças localmente adaptadas lanadas brasileiras, a raça Crioula apresentou maior grau de distância genética das raças europeias e uma possível sub-estruturação. A população originária da região de Ponte Alta/SC apresentou maior diferenciação em relação às demais populações da raça Crioula Lanada (originárias de diversas regiões: Lages/SC, Caçapava do Sul/RS e Bagé/RS). Nesse contexto, dois estudos que envolveram os ecótipos Fronteira (comum no Rio Grande do Sul) e Serrana (comum em Santa Catarina) da raça Crioula foram conduzidos a fim de diferenciá-los. Castro (2008) analisou os rebanhos a partir de marcadores RAPD e microssatélites autossômicos, e detectou que os grupos que formam o rebanho de conservação da Embrapa Pecuária Sul eram geneticamente diferentes dos animais encontrados no Planalto de Santa Catarina. Em 2010, Gonçalves e colaboradores conseguiram diferenciar as populações desses mesmos ovinos por meio de polimorfismo de base única (SNP) localizados no DNA mitocondrial. Curiosamente, a distância observada da população originária de Ponte Alta/SC em relação às demais populações da raça Crioula foi superior à distância observada entre as populações de Crioula Lanada em relação ao grupo genético Pantaneiro.

Outro aspecto importante a considerar é a diferenciação genética da Ovelha Pantaneira frente à Crioula, uma vez que o grupo genético Pantaneiro apresentou uma maior proximidade à raça Santa Inês e Bergamácia, comparado à raça Crioula (Figura 3 e 6). Um aspecto relevante que se enquadra dentro desse cenário, segundo Carreiro (2012), são os relatos de produtores da região do Pantanal, que revelam acasalamentos recentes entre os ovinos Pantaneiros com a raça Bergamácia, a tal ponto que se assemelhem fenotipicamente. Além disso, Carreiro (2012), ao analisar seis haplótipos no DNA mitocondrial em populações Pantaneira, Crioula, Bergamácia, Ille de France e Morada nova, identificou que três deles eram exclusivos do grupo genético Pantaneiro. As análises realizadas ainda não são conclusivas para o entendimento geral do grupo ovino Pantaneiro, e maior número de amostras da raça Pantaneira deve ser incluído em análises posteriores a fim de aumentar a acurácia desses resultados obtidos com a análise PC.

Adicionalmente, acredita-se que os habitantes da região Sul migraram para a região do Pantanal Brasileiro e levaram consigo os ovinos Crioulos, já que, atualmente, nesta região, existem ovinos fenotipicamente semelhantes aos ovinos Crioulos, mas que apresentam características próprias do grupo genético ovino Pantaneiro (Frazilio, 2005; Santos, 2005). Portanto, como alguns estudos destacam diferenças fenotípicas notórias do grupo genético Pantaneiro em relação à raça Crioula, faz-se necessária a continuidade dos estudos de

caracterização genética e fenotípica com estes animais, a fim de utilizar os conhecimentos obtidos em programas de conservação.

A raça Barriga Negra tem possível origem africana, porém com a colonização e a conseqüente importação de ovelhas lanadas europeias, pode ter havido outras influências na formação dessa raça. (Combs, 1983). Acredita-se que a raça Barbados Black Belly possa ter alguma influência na composição da raça Barriga Negra, o que não foi verificado pelas análises PC do grupo III (Figuras 10). Entretanto, a partir dos resultados obtidos na Figura 11 e com a análise PC entre os componentes PC1 e PC4 (Figura 12) é possível sugerir uma origem comum ou alto grau de influência de raças africanas nas raças localmente adaptadas brasileiras Rabo Largo, Morada Nova, Barriga Negra e Somalis. A aproximação entre as raças RMA, BBB e OBN observada através do dendrograma baseado no índice  $F_{st}$  supõe alguma influência da raça africana nestas duas últimas (Figuras 1 e 11). Segundo Diniz (2011), os ancestrais da raça Barriga Negra não conseguiram ser até hoje identificados, mas deixa evidente que foram os holandeses que os transportaram para a região das Ilhas de Barbados. Eles dominavam o comércio e o tráfico de escravos na época e alguns exemplares africanos poderiam ter sido levados também pelos navios negreiros saídos do Brasil. Recente introdução de animais dessa raça aconteceu pelo Estado de Roraima, por meio de Unidade de Execução de Pesquisa de Âmbito Estadual (UEPAE de Boa Vista), hoje Embrapa-RR, que mantém uma criação de animais Barriga Negra provenientes da Venezuela e Guianas ou, quem sabe, de Barbados.

A sub-estruturação da população de animais da raça Barriga Negra detectada pelas análises de componentes principais nas comparações entre PC1 e PC4, dentro do grupo I (Figura 4) mostra uma diferenciação genética entre as amostras originárias de uma população de Boa Vista/RR em relação às originárias do campo experimental Água Boa/RR. A população OBN BV (N = 5) apresentou maior proximidade de raças localmente adaptadas deslanadas, o que pode ser explicado por alguma introdução recente de raças deslanadas em Roraima, como Santa Inês

## 6. CONCLUSÕES

Os resultados indicam duas fontes de variação para as raças localmente adaptadas brasileiras: uma Africana e outra Mediterrânea. Também foi possível detectar uma proximidade maior das raças deslanadas (Rabo Largo, Morada Nova, Barriga Negra e Somalis) com outras raças coletadas nas Américas e com a raça africana (RMA), quando comparadas às raças mediterrâneas. A raça Santa Inês apresentou maior proporção de material genético lanado, possivelmente influência do Bergamácia.

A raça Barriga Negra demonstrou possível sub-estruturação nas Análises de Componentes Principais. Ela não apresentou grau de miscigenação com a raça Barbados Black Belly. A raça Somalis apresentou uma maior diferenciação genética entre as raças brasileiras localmente adaptadas. O grupo Genético Pantaneiro se mostrou entre a raça Crioula e a raça Bergamácia, com uma influência mais recente da última.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anderson E.C. & Garza J.C. The power of single nucleotide polymorphisms for large-scale parentage inference. **Genetics**172, p.2567–2582, 2006.
- Baruch E. & Weller J.I. Estimation of the number of SNP genetic markers required for parentage verification. **Anim.Genet.**39, p.474–479, 2008.
- Blackburn H. D., Toishibekov Y., Toishibekov M., Welsh C. S., Spiller S. F., Brown M. Paiva, S. R. Genetic diversity of *Ovis aries* populations near domestication centers and in the New World. **Genetics**, 139, p.1169-1178, 2011.
- Carneiro Helena Cristina. **Caracterização morfológica de ovinos no Brasil, Uruguai e Colômbia**. Brasília: Universidade de Brasília, 2008.30 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2008.
- Carneiro H.C.R., Louvandini H., Paiva S.R., Macedo F., Mernies B., McManus C. Morphological characterization of sheep breeds in Brazil, Uruguay and Colombia. **Small ruminant research**, v. 92, p.1-8, 2010.
- Carreiro, Cecília de Moraes. (2012). **Origem e diversidade genética de ovinos (*ovis aries*) crioulos na região do pantanal/MS**. Brasil. Brasília: Universidade de Brasília, 2012. 84p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2012.
- Castro, Silvia Tereza Riceiro. **Diversidade e estrutura genética de ovinos crioulos lanados do Brasil**. Brasil. Brasília: Universidade de Brasília, 2008. 110p. Dissertação (Mestrado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília, 2008.
- Combs, W. A history of the Barbados Blackbelly sheep. In: Fitzhugh, H.A., Bradford, G.E. (Eds.). **Hair Sheep of Western Africa and the Americas: A Genetic Resource for the Tropics**, Westview Press, Boulder, CO, 1983, p.179–197.
- Crispim B.A. Discriminação alélica em ovinos naturalizados do Pantanal Sul-Matogrossense por meio de marcadores microssatélites. **J. Selva Andina Res. Soc.** v.3 n.1, p.3-13, 2012.
- Crispim B.A., Grisolia A.B., Seno L.O., Egito A.A, Vargas Junior F.M., Souza M.R. Genetic diversity of locally adapted sheep from Pantanal region of Mato Grosso do Sul. **Genetics and Molecular Research**, 12, p.5458-5466, 2013.

Diniz, Isabel Santos. **Caracterização morfológica de ovinos Barriga Negra criados na Savana de Roraima**. Roraima: Universidade Federal de Roraima. 2011. 20p. Curso de Bacharelado em Zootecnia. Boa Vista.

Doka, G. (2006). **Excel 3D Scatter plot**. Master of Science (Chemistry, University of Zurich), Switzerland. Disponível em: <http://www.doka.ch/Excel3Dscatterplot.htm>. Acesso em: 20/01/2014.

Egito A.A, Albuquerque S.M., Mariante A.S. Situação Atual da Caracterização Genética Animal na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia In: Simpósio de Recursos Genéticos para América Latina e Caribe – SIRGEALC, 2. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. CD-ROM, 1999.

Evanno G, Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology**, 14, p.2247-2620, 2005.

Excoffier, L. & Lischer H.E. L. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**, 10, p.564-567, 2010.

FAO (2007). **The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture**. FAO, Rome. Disponível em:

<http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm>. Acesso em: 11/11/2014.

Fernández J., Toro M.A., Caballero A. Management of Subdivided Populations in Conservation Programs: Development of a Novel Dynamic System. **Genetics**, 179, p.683-692, 2008.

Ferreira J.S.B., Paiva S.R., Silva E.C., McManus C.M., Caetano A.R., Façanha D.A.E, Sousa M.A.N. Genetic diversity and population structure of different varieties of Morada Nova hair sheep from Brazil. **Genetics and Molecular Research**. 2014. Aceito para publicação.

Fitzhugh H.A. & Bradford G.E. **Hair sheep of western Africa and the Americas: A genetic resource for the tropics**. Bolder: Westview Press, 1983, 317p.

Frazilio, Fabiana de Oliveira. **Perfil das proteínas séricas e da contagem leucocitária em ovinos com infecção helmíntica naturalmente adquirida**. Mato Grosso do Sul: Universidade para o desenvolvimento do estado e da região do Pantanal, Campo Grande, 2005. Mestrado em Produção e Gestão Agroindustrial, p.48.

Gândavo P.M. **Tratado da Terra do Brasil - História da Província de Santa Cruz**. Belo Horizonte: Itatiaia, 1980, p.150.

Gomes W.S, Araújo A.R., Caetano A.R., Martins C.F., Vargas Jr. F.M., McManus C.M., Paiva S.R. Origem e diversidade genética da ovelha crioula do Pantanal, Brasil. **In:** Simposio de Recursos Genéticos para América Latina y el Caribe, VI, 2007. Cidade do México. Memoria... Chapingo: México. Univerisdad Autonoma Chapingo, p.322.

Gonçalves G.L., Moreira G.R.P., Freitas T.R.O., Hepp D., Passos D.T., Weimer T.A. Mitochondrial and nuclear DNA analyses reveal population differentiation in Brazilian Creole sheep. **Animal Genetics**, 41, p.308-310, 2010.



Heaton M.P., Harhay G.P., Bennett G. L., Stone R.T., Grosse W.M., Casas E., Keele J.W., Smith T.P.L., Chitko-Mckown C.G., Laegreid W.W. Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. **Mamm. Genome**, 13, p.272–281, 2002.

International Sheep Genomics Consortium, ISGC (2006). Disponível em: <http://www.sheepmap.org>. Acesso em: 10/02/2014.

Jacinto M.A.C., Vargas F.M.J., Martins C.F. et al., Influence of Genotype on the Quality of Sheep Leather. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 40, p.1830-1836, 2011.

Kijas, J.W., Lenstra, J.A., Hayes B., Boitard S., Porto Neto L.R., et al. Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. **PLoS ONE**, 10, e1001258, 2012.

Mariante, A.S. & Cavalcante, N. **Animais do Descobrimento: Raças Domésticas da História do Brasil**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2006, 232 p.

McClure M., Sonstegard T., Wiggans G., Van Tassell C. P. Imputation of microsatellite alleles from dense SNP genotypes for parental verification. **Front. Genet.**, 3, p.140, 2012.

McManus C., Paiva S.R., Araújo R.O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. **R. Bras. Zootec.**, vol.39, p.236-246, 2010.

Mcmanus, C.; Paludo, G.R.; Louvandini, H. et al. Heat tolerance in Brazilian sheep: physiological and blood parameters. **Tropical Animal Health and Production**, v.41, n.1, p.95-101, 2009.

Meadows J.R., Li K., Kantanen J., Tapio M., Sipos W., Pardeshi V., et al. Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between breeds of domestic sheep from Asia and Europe. **J Heredity**, 96, p.494-501, 2005.

Oliveira R.R. **Caracterização genética de populações de caprinos da raça Moxotó usando marcadores moleculares**. Paraíba: Universidade Federal da Paraíba, 2003. 59p. Dissertação (Mestrado).

Paiva S.R., Facó O., Faria D.A., Lacerda, T., Barretto G.B., Carneiro P.L.S., Lobo R.N.B., McManus C. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43, p.1449-1457, 2011.

Paiva S.R., Faria D.A., Silvério V.C., McManus C., Egito A.A., Dergam J.A., Guimarães S.E.F., Castro S.R., Albuquerque M.S.M., Mariante A.S. Genetic variability among Brazilian sheep using microsatellites. **The Role of Biotechnology** - Villa Gualino, Turin, Italy, p. 195-196, 2005d

Paiva S.R., Silvério V.C., Egito A.A., McManus C., Faria D.A., et al. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds using RAPD-PCR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 40, p.887-893, 2005a.

Paiva S.R., Silvério V.C., Paiva D.A.F., McManus C., Egito A.A., Mariante A.S., Castro S.R., Albuquerque M.S.M., Dergam J.A. Origin of the main locally adapted sheep breeds of Brazil: a RFLP-PCR molecular analysis. **Arch. Zootec.**, vol. 54, p.395-399, 2005b.

Paiva, S.R. (2005c). **Caracterização da diversidade genética de ovinos no Brasil com quatro técnicas moleculares**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2005c. 118p. Tese (Doutorado) em Genética e Melhoramento.

Pereira F., Davis S.J., Pereira L., McEvoy B., Bradley D.G. Genetic signatures of a Mediterranean influence in Iberian Peninsula sheep husbandry. **Mol.Biol.Evol.**, 23, p.1420–1426, 2006.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 155, 945–959, 2000.

Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A.R., et al. PLINK: a toolset for whole--genome association and population--based linkage analysis. **American Journal of Human Genetics**, 81, 2007.

Rodero A., Delgado J.V., Rodero E. Primitive Andalusian livestock and their implication in the Discovery of America. **Archivos de Zootecnia**, v.41, n.154, p383-400, 1992.

Santos, S.A. **Caracterização do sistema de criação e das raças de ovinos naturalizadas da planície Pantaneira**. Embrapa Pantanal, 2005.

Silva M.C., McManus C., Sereno J.R.S., Castro, S., Fioravanti M. C., Lopes F.B., Vaz C., Seixas L. Crioula Lanada. **Informação Genético Sanitária da Pecuária Brasileira – INCT**. Serie Técnica Genética. 22 set. 2010.

Sousa G.S. **Tratado descritivo do Brasil em 1587**. 3.ed. São Paulo: Cia Editora Nacional/Brasíliana. 1938, 493p.

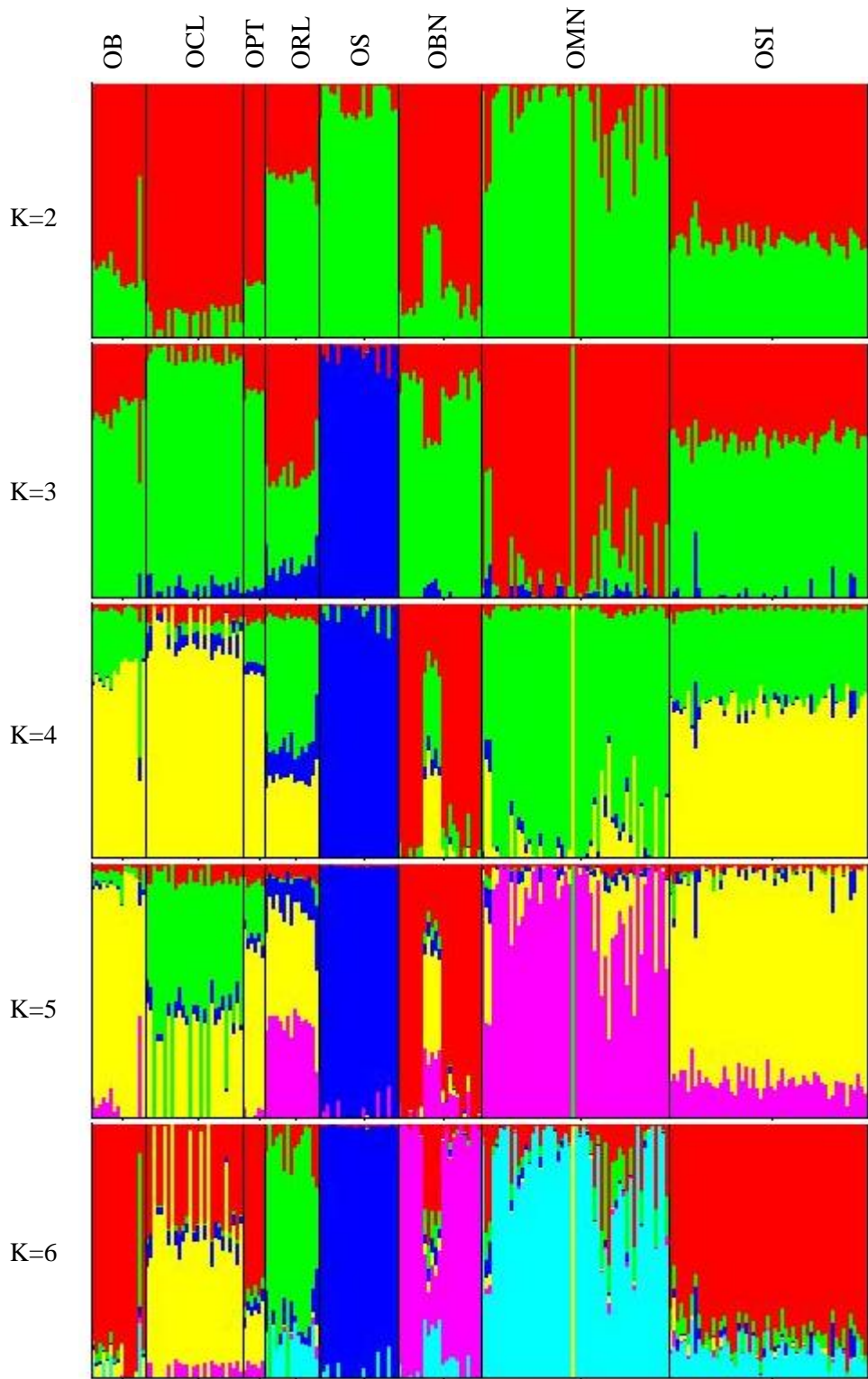
Souza C.A., Paiva S.R., McManus C., Azevedo H.C., Mariante A.S., Grattapaglia D.. Genetic diversity and assessment of 23 microsatellite markers for parentage testing of Santa Inês hair sheep in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, p.1217-1229, 2012.

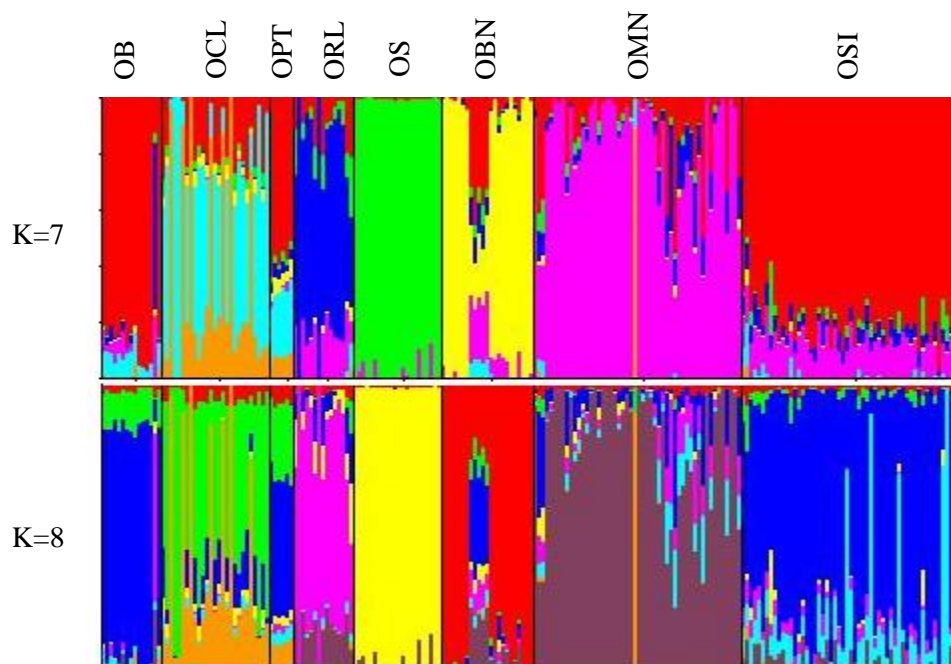
Tapio M., Marzanov N., Ozerov M., Cinkulov M., Gonzarenko G., et al. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. **Mol.Biol.Evolution**, 23, p.1776-1783, 2006.

Toro M.A., Fernández J., Caballero A. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. **Anim. Genet. Res.**, 120, p.174-195, 2008.

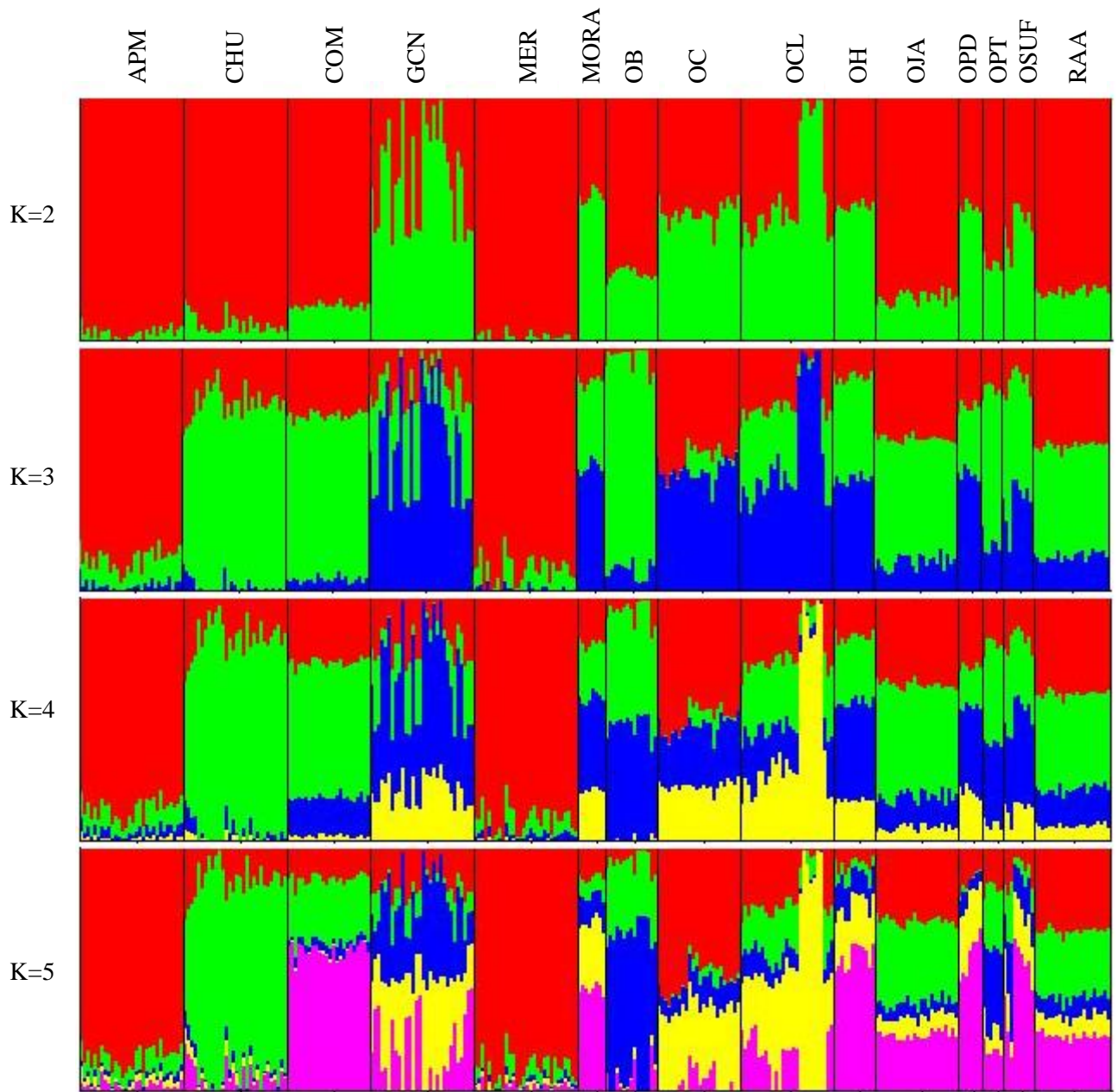
Van Eenennaam A.L., Weaber R.L., Drake D.J., Penedo M.C., Quaas, R.L., Garrick D.J. & Pollak E.J. DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. **J. Anim.Sci.**, 85, p.3159–3169, 2007.

RACA	OC	OH	OIF	ORL	OS	OSUF	MORA	OPT	OPD	OBN	OCL	OMN	OSI	OB	ALT	MER	APM	BBB	CAS	CHU	COM	ERS	GCN	LEC	MOG	OJA	QEZ	RAA	RMA	STE		
OC		0	0.0685624	0.0512767	0.1236482	0.1845345	0.0644860	0.1112896	0.0633432	0.1078651	0.1413427	0.0527652	0.1329226	0.0828177	0.0875805	0.0603068	0.0477372	0.0445791	0.1055164	0.0519690	0.0622327	0.0634381	0.0654933	0.0509794	0.0562865	0.0783940	0.0477858	0.0733821	0.0407619	0.1268145	0.0613719	
OH	0.0685624		0	0.0743400	0.1383529	0.2087706	0.0516833	0.1256450	0.0755012	0.1256208	0.1573701	0.0731018	0.1441907	0.0928107	0.0980231	0.0715941	0.0692590	0.0657970	0.1156524	0.0668541	0.0752552	0.0751743	0.0756746	0.0597621	0.0677530	0.0908167	0.0621058	0.0860126	0.0545644	0.1437689	0.0683289	
OIF	0.0512767	0.0743400			0	0.1168445	0.1931741	0.0675275	0.1254042	0.0574549	0.1109881	0.1418927	0.0544201	0.1198849	0.0676679	0.0761742	0.0630780	0.0579553	0.0543102	0.1062087	0.0567665	0.0670535	0.0667153	0.0684947	0.0564270	0.0577324	0.0787326	0.0509649	0.0735227	0.0444246	0.1276406	0.0646800
ORL	0.1236482	0.1383529	0.1168445			0	0.1729330	0.1225927	0.1850930	0.1050537	0.1908039	0.1472099	0.1187028	0.0826584	0.0689282	0.0939713	0.1158169	0.1117873	0.1085477	0.1277903	0.1073084	0.1176959	0.1117949	0.1233546	0.1163385	0.1121798	0.1100669	0.1056210	0.1036711	0.0970210	0.1251956	0.1155034
OS	0.1845345	0.2087706	0.1931741	0.1729330			0	0.1996284	0.2555105	0.1913128	0.2629734	0.2182459	0.1794448	0.1724015	0.1488898	0.1817008	0.1800627	0.1722329	0.1691787	0.1866570	0.1687660	0.1766958	0.1712482	0.1862424	0.1769299	0.1736602	0.1575111	0.1673280	0.1506156	0.1613449	0.1330264	0.1816908
OSUF	0.0644860	0.0516833	0.0675275	0.1225927	0.1996284			0	0.1265294	0.0560333	0.1261651	0.1458761	0.0650513	0.1273485	0.0732528	0.0790667	0.0656891	0.0615951	0.0585921	0.1063156	0.0592614	0.0690117	0.0671157	0.0701261	0.0583021	0.0598709	0.0793606	0.0560148	0.0741880	0.0473231	0.1303717	0.0625271
MORA	0.1112896	0.1256450	0.1254042	0.1850930	0.2555105	0.1265294			0	0.1294364	0.1864561	0.2051971	0.1131683	0.1892957	0.1363438	0.1465575	0.1166112	0.1121606	0.1083998	0.1612191	0.1105330	0.1206386	0.1194707	0.1239099	0.1100920	0.1113412	0.1323973	0.1070680	0.1267365	0.0992356	0.1827986	0.1248923
OPT	0.0633432	0.0755012	0.0574549	0.1050537	0.1913128	0.0560333	0.1294364			0	0.1275942	0.1333769	0.0582024	0.1110991	0.0474714	0.0472373	0.0575597	0.0548617	0.0520094	0.0944502	0.0524070	0.0615742	0.0580953	0.0606564	0.0589072	0.0507874	0.0674668	0.0475925	0.0616389	0.0392916	0.1186253	0.0618569
OPD	0.1078651	0.1256208	0.1109881	0.1908039	0.2629734	0.1261651	0.1864561	0.1275942			0	0.2059541	0.1135337	0.1905845	0.1358762	0.1458590	0.1151849	0.1091578	0.1063638	0.1610862	0.1108010	0.1208251	0.1185706	0.1209163	0.1067194	0.1095535	0.1314222	0.1057903	0.1256389	0.0987286	0.1850962	0.1201943
OBN	0.1413427	0.1573701	0.1418927	0.1472099	0.2182459	0.1458761	0.2051971	0.1333769	0.2059541			0	0.1392507	0.1403583	0.1110949	0.1332719	0.1346846	0.1303016	0.1269622	0.1164345	0.1257711	0.1358257	0.1316951	0.1406505	0.1320007	0.1293615	0.1316002	0.1240880	0.1257253	0.1169445	0.1605944	0.1300701
OCL	0.0527652	0.0731018	0.0544201	0.1187028	0.1794448	0.0650513	0.1131683	0.0582024	0.1135337	0.1392507			0	0.1274524	0.0805882	0.0852492	0.0598618	0.0541929	0.0507546	0.1008380	0.0509588	0.0608710	0.0611220	0.0656282	0.0567030	0.0550872	0.0714054	0.0475180	0.0668681	0.0400587	0.1211784	0.0618889
OMN	0.1329226	0.1441907	0.1198849	0.0826584	0.1724015	0.1273485	0.1892957	0.1110991	0.1905845	0.1403583	0.1274524			0	0.0653516	0.0990514	0.1243814	0.1219546	0.1183039	0.1356035	0.1158562	0.1238612	0.1216382	0.1305550	0.1254642	0.1207593	0.1250777	0.1143527	0.1190780	0.1062627	0.1474798	0.1235599
OSI	0.0828177	0.0928107	0.0676679	0.0689282	0.1488898	0.0732528	0.1363438	0.0474714	0.1358762	0.1110949	0.0805882	0.0653516			0	0.0331167	0.0747422	0.0730780	0.0699655	0.0939721	0.0677858	0.0761738	0.0726329	0.0754933	0.0763745	0.0691032	0.0738520	0.0653002	0.0687303	0.0566642	0.1085667	0.0747780
OB	0.0875805	0.0980231	0.0761742	0.0939713	0.1817008	0.0790667	0.1465575	0.0472373	0.1458590	0.1332719	0.0852492	0.0990514	0.0331167			0	0.0789749	0.0774005	0.0746568	0.1067260	0.0734967	0.0825203	0.0768983	0.0783773	0.0797158	0.0721595	0.0774058	0.0700517	0.0730912	0.0619488	0.1227937	0.0815109
ALT	0.0603068	0.0715941	0.0630780	0.1158169	0.1800627	0.0656891	0.1166112	0.0575597	0.1151849	0.1346846	0.0598618	0.1243814	0.0747422	0.0789749			0	0.0475845	0.0445805	0.0983984	0.0414097	0.0517875	0.0431953	0.0531159	0.0545671	0.0282704	0.0653441	0.0398779	0.0613260	0.0305617	0.1204016	0.0622583
MER	0.0477372	0.0692590	0.0579553	0.1117873	0.1722329	0.0615951	0.1121606	0.0548617	0.1091578	0.1303016	0.0541929	0.1219546	0.0730780	0.0774005	0.0475845			0	0.0062160	0.0949233	0.0382330	0.0490274	0.0495722	0.0556790	0.0509857	0.0431583	0.0659963	0.0351377	0.0612388	0.0261667	0.1137526	0.0592263
APM	0.0445791	0.0657970	0.0543102	0.1085477	0.1691787	0.0585921	0.1083998	0.0520094	0.1063638	0.1269622	0.0507546	0.1183039	0.0699655	0.0746568	0.0445805	0.0062160			0	0.0913313	0.0353752	0.0459838	0.0468680	0.0523208	0.0477556	0.0403224	0.0624388	0.0324334	0.0576751	0.0234644	0.1104877	0.0556036
BBB	0.1055164	0.1156524	0.1062087	0.1277903	0.1866570	0.1063156	0.1612191	0.0944502	0.1610862	0.1164345	0.1008380	0.1356035	0.0939721	0.1067260	0.0983984	0.0949233	0.0913313			0	0.0897845	0.0988539	0.0942464	0.1039339	0.0951493	0.0926771	0.0942383	0.0873951	0.0886449	0.0796809	0.1209781	0.0767220
CAS	0.0519690	0.0668541	0.0567665	0.1073084	0.1687660	0.0592614	0.1105330	0.0524070	0.1108010	0.1257711	0.0509588	0.1158562	0.0677858	0.0734967	0.0414097	0.0382330	0.0353752	0.0897845			0	0.0406068	0.0430928	0.0510510	0.0478964	0.0378960	0.0598398	0.0286551	0.0545321	0.0209666	0.1084951	0.0546917
CHU	0.0622327	0.0752552	0.0670535	0.1176959	0.1766958	0.0690117	0.1206386	0.0615742	0.1208251	0.1358257	0.0608710	0.1238612	0.0761738	0.0825203	0.0517875	0.0490274	0.0459838	0.0988539	0.0406068			0	0.0520844	0.0609630	0.0582814	0.0481410	0.0706646	0.0363640	0.0657181	0.0319158	0.1186259	0.0649580
COM	0.0634381	0.0751743	0.0667153	0.1117949	0.1712482	0.0671157	0.1194707	0.0580953	0.1185706	0.1316951	0.0611220	0.1216382	0.0726329	0.0768983	0.0431953	0.0495722	0.0468680	0.0942464	0.0430928	0.0520844			0	0.0567817	0.0581206	0.0361910	0.0589881	0.0403515	0.0535126	0.0320582	0.1100997	0.0611839
ERS	0.0654933	0.0756746	0.0684947	0.1233546	0.1862424	0.0701261	0.1239099	0.0606564	0.1209163	0.1406505	0.0656282	0.1305550	0.0754933	0.0783773	0.0531159	0.0556790	0.0523208	0.1039339	0.0510510	0.0609630	0.0567817			0	0.0580539	0.0460033	0.0708243	0.0483947	0.0664048	0.0401826	0.1266220	0.0670166
GCN	0.0509794	0.0597621	0.0564270	0.1163385	0.1769299	0.0583021	0.1100920	0.0589072	0.1067194	0.1320007	0.0567030	0.1254642	0.0763745	0.0797158	0.0545671	0.0509857	0.0477556	0.0951493	0.0478964	0.0582814	0.0581206	0.0580539			0	0.0502723	0.0703371	0.0455375	0.0660890	0.0372549	0.1207964	0.0546188
LEC	0.0562865	0.0677530	0.0577324	0.1121798	0.1736602	0.0598709	0.1113412	0.0507874	0.1095535	0.1293615	0.0550872	0.1207593	0.0691032	0.0721595	0.0282704	0.0431583	0.0403224	0.0926771	0.0378960	0.0481410	0.0361910	0.0460033	0.0502723			0	0.0596043	0.0349034	0.0550963	0.0265745	0.1153865	0.0561277
MOG	0.0783940	0.0908167	0.0787326	0.1100669	0.1575111	0.0793606	0.1323973	0.0674668	0.1314222	0.1316002	0.0714054	0.1250777	0.0738520	0.0774058	0.0653441	0.0659963	0.0624388	0.0942383	0.0598398	0.0706646	0.0589881	0.0708243	0.0703371	0.0596043			0	0.0580835	0.0127742	0.0502211	0.0904036	0.0691265
OJA	0.0477858	0.0621058	0.0509649	0.1056210	0.1673280	0.0560148	0.1070680	0.0475925	0.1057903	0.1240880	0.0475180	0.1143527	0.0653002	0.0700517	0.0398779	0.0351377	0.0324334	0.0873951	0.0286551	0.0363640	0.0403515	0.0483947	0.0455375	0.0349034	0.0580835			0	0.0531986	0		

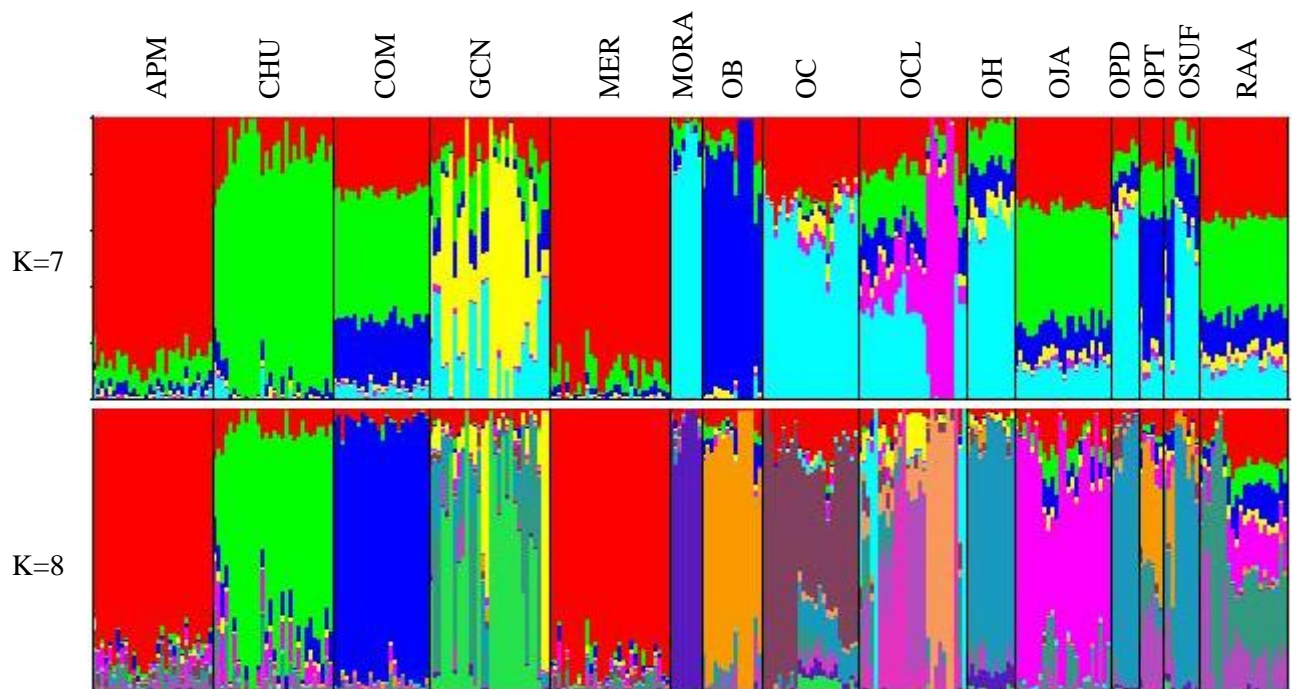




**Anexo B – Análise structure de oito raças brasileiras (grupo I).** Foram assumidas 8 subpopulações. Os indivíduos são representados em grupos raciais, que são separadas por linhas pretas verticais. Entende-se OB por raça Bergamácia; OCL/Crioula Lanada; OPT/Pantaneira; ORL/Rabo Largo; OS/Somalis; OBN/Barriga Negra; OMN/Morada Nova; OSI/Santa Inês.







**Anexo C – Análise structure de quinze raças lanadas (grupo II).** Foram assumidas 15 subpopulações. Os indivíduos são representados em grupos raciais, que são separadas por linhas pretas verticais. Entende-se por APM raça Australian Poll Merino; CHU/Churra; COM/Comisana; GCN/Gulf Coast Native; MER/Australian Merino; OB/Bergamácia; OC/Corriedale; OCL/Crioula Lanada; OH/Hampshire; OJA/Ojala; OPD/Pool Dorset; OPT/Pantaneira; OSUF/Suffolk; RAA/Rasa Aragonesa.

Componente	Todas raças	Grupo I	Grupo II	Grupo III
PC1	13,2501	6,22168	3,00618	12,348
PC2	8,93959	5,65242	2,68906	8,83984
PC3	5,3916	4,93281	2,58952	5,37886
PC4	4,73631	3,68495	2,30703	4,56315
PC5	3,66858	2,25523	2,17792	3,61721
PC6	3,62902	2,12421	1,95669	3,59491
PC7	3,35121	1,83848	1,85149	2,9811
PC8	2,95275	1,45334	1,82175	2,79936
PC9	2,81775	1,38078	1,72427	2,69664
PC10	2,74117	1,32805	1,70165	2,31057
<b>AMOVA</b>				
Entre raças		11,21%	5,61%	8,84%

**Anexo D – Grau de variação para cada componente obtido pela análise de componentes principais e Análise de Variância Molecular Genética entre raças, dentro dos grupos.**