



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Reconstrução filogenética e identificação da linhagem matrilinear do rebanho bubalino da Estação Experimental Agronômica da UFRGS
Autor	BRUNA VALENZUELA GARCIA
Orientador	THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS

Reconstrução filogenética e identificação da linhagem matrilinear do rebanho bubalino da Estação Experimental Agronômica da UFRGS

Autora: Bruna Valenzuela Garcia

Orientador: Thales Renato Ochotorena de Freitas

Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A aquisição dos Búfalos no Brasil inicialmente foi motivada pelo seu exotismo e não pelas suas qualidades zootécnicas. O maior interesse na espécie, particularmente após a década de 80, foi acompanhado de intenso intercâmbio de animais entre os Estados brasileiros principalmente por criadores buscando introduzir espécimes de maior pureza racial e de características fenotípicas mais adequadas a seus objetivos de exploração. Essa mistura conferiu uma variabilidade que muitas vezes é observada na conformação corporal desses animais, caracterizando-se como uma variedade distinta. Algumas características exigidas no padrão racial são perdidas e estes indivíduos excluídos, diminuindo o número de animais disponíveis para seleção visando características de interesse econômico. Em casos como estes, a exploração da genética molecular, pode ser um instrumento para a identificação de animais que, se bem caracterizados, seriam mais interessantes para serem mantidos como reprodutores aumentando a eficiência da seleção no gerenciamento dos rebanhos. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi realizar um diagnóstico de similaridade genética, a partir da construção de uma árvore filogenética, entre o rebanho de bubalinos da Estação Experimental Agronômica da UFRGS (EEA) e indivíduos de diferentes raças de bubalinos. Foi realizada extração do DNA total e reações em cadeia da polimerase (PCR) do fragmento inicial do gene mitocondrial citocromo b de 14 indivíduos do rebanho de bubalinos da EEA, sendo posteriormente sequenciados. A filogenia foi reconstruída utilizando 673 pares de base de sequências do gene mitocondrial citocromo b e foram incluídas sequências de diferentes raças de bubalinos obtidas no Genbank. Como resultado, os espécimes se agruparam com os indivíduos das raças Mediterrâneo e Nili-Ravi formando um clado com alto valor de suporte no ramo. Isso representa um panorama de que a linhagem matrilinear do rebanho analisado, quando comparado com indivíduos das raças Murrah, Carabao, Fuzhong, Nivi-Ravi e Mediterrâneo, tem origem similar aos das raças Mediterrâneo e Nili-Ravi.