



UNIVERSIDADE REGIONAL INTEGRADA DO ALTO URUGUAI
E DAS MISSÕES - CAMPUS DE ERECHIM
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA

RELAÇÕES FILOGENÉTICAS DE CINCO RAÇAS DE *Equus caballus* NO BRASIL A PARTIR DE UM FRAGMENTO DA REGIÃO D-Loop do DNA MITOCONDRIAL

DISCENTE: GABRIELA BUSNELLO KUBIAK

ORIENTADORES: ROGÉRIO LUIS CANSIAN. THALES RENATO OCHOTORENA DE FREITAS.

DATA DE DEFESA: 20/06/2013

A domesticação dos equinos teve um impacto duradouro sobre as sociedades humanas, aumentando a mobilidade, o comércio e influenciando estilos de vida e as guerras, adquirindo assim importância sócio-cultural e econômica. Os primeiros cavalos foram trazidos ao Brasil pelos colonizadores Ibéricos, estes animais se adaptaram aos mais diversos ecossistemas para os quais desenvolveram adaptações específicas e aonde foram naturalmente selecionados. Este trabalho teve como objetivo comparar a diversidade genética entre cinco raças de cavalos (Crioulo, Pantaneiro, Brasileiro de Hipismo, Mangalarga e Árabe) com a finalidade de entender suas relações, bem como suas histórias evolutivas, importantes para estratégias de conservação das raças. Um fragmento da região D-loop do mtDNA de 92 indivíduos foi amplificado através da técnica de reação em cadeia de polimerase (PCR). Para verificar a distribuição dos haplogrupos adicionou-se sequências de referência de cada haplogrupo (A a R) obtidas do *GenBank*. A análise da sequência de 525pb da região D-Loop do mtDNA, resultou em 28 haplótipos, sendo estes definidos por 37 sítios polimórficos. O haplótipo mais comum (H1) foi compartilhado entre 23 indivíduos das raças Crioulo e Pantaneiro. Um total de 15 haplótipos foram considerados raros por aparecerem em apenas um indivíduo. A diversidade nucleotídica total (π) apresentou um valor de 0,016 e a diversidade haplotípica (Hd) total encontrada foi de 0,908. As estimativas de diferenciação genética entre as cinco raças de cavalos através do F_{ST} apresentaram um grau elevado ($F_{ST} = 0,179$). A análise de AMOVA revelou que a maior parte da variação total correspondeu a diferenças entre os indivíduos (82,03%) enquanto a variação resultante de diferenças entre as raças (17,97%) foi menos expressiva. A análise



UNIVERSIDADE REGIONAL INTEGRADA DO ALTO URUGUAI
E DAS MISSÕES - CAMPUS DE ERECHIM
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA

filogenética apresentou valores de suporte dos ramos em sua maioria baixos. Os resultados evidenciam falta de estrutura genética entre as raças estudadas, com relações genéticas pouco profundas, provavelmente devido ao pouco tempo de separação das raças. As raças estão isoladas a tempo suficiente para terem alelos exclusivos, mas esse isolamento é muito recente para uma separação total das mesmas, contudo a mistura das raças nos haplótipos compartilhados ainda reflete a mistura gerada na origem das raças equinas.

Palavras-chave: *Equus caballus*. MtDNA. D-loop.