

**18 a 21 de novembro de 2014 Santos-SP****ISBN - 978-85-66836-07-3****ESTRUTURA GENÉTICA DE RAÇAS OVINAS BRASILEIRAS**

NATÁLIA MARTINS DE TOLEDO¹; CONCEPTA MCMANUS²; TIAGO DO PRADO PAIM³; SAMUEL REZENDE PAIVA⁴; OLIVARDO FACÓ⁵; HYMERSON COSTA AZEVEDO⁶; ADRIANA MELO DE ARAÚJO⁷; PAULO CARNEIRO⁸; ALEXANDRE CAETANO⁴; SANDRA SANTOS⁹; PAULO MATOS⁴; JOSÉ CARLOS FERRUGEM MORAES¹⁰

¹ Estudante de pós-graduação, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil.

² Professora, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil. e-mail: concepta@unb.br

³ Médico Veterinário, Instituto Federal Goiano, Campus Iporá, Iporá, GO, Brasil. e-mail: tiago.paim@ifgoiano.edu.br

⁴ Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil.

⁵ Pesquisador, EMBRAPA Caprinos, Sobral, CE, Brasil.

⁶ Pesquisador, EMBRAPA Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil.

⁷ Pesquisador, EMBRAPA Meio Norte, Teresina, PI, Brasil.

⁸ Professor, Universidade do Sul da Bahia

⁹ Pesquisador, EMBRAPA Pantanal, Corumbá, MS, Brasil.

¹⁰ Pesquisador, EMBRAPA Pecuária Sul, São Carlos, SP, Brasil.

Resumo: Objetivou-se estudar a estrutura genética de ovinos de raças lanadas e deslanadas ibérico-americanas e a relação destas com raças exóticas no Brasil. Foram genotipados 721 indivíduos de 30 raças usando *ovine* SNP50 BeadChip, sendo cinco raças brasileiras deslanadas (Barriga Negra - BN, Morada Nova - MN, Rabo Largo - RL, Somalis - SO, Santa Inês - SI) e três lanadas (Bergamácia - BE, Crioula Lanada - CL, Pantaneiro - PA). Além disso, mais 22 raças foram incluídas na análise. As heterozigosidades observada e esperada foram estimadas utilizando o PLINK[®]. O F_{st} e Coeficiente de Endogamia (F_{is}) foram calculados usando o software SVS[®] (Golden Helix, Inc.). A análise de Componentes Principais foi realizada usando SAS[®]. As similaridades entre raças foram avaliadas pelo software STRUCTURE[®]. SO e BN apresentaram os maiores coeficientes de endogamia (F_{is} >0,23), enquanto SI apresentou o menor F_{is} (0,109). SI e BE apresentaram maior similaridade, assim como MN e RL. Observou-se maior proximidade de SI com a raça CL do que com MN. As raças da Ásia Mediterrânea (Qezel e Moghani) mostraram similaridade com o SI e BE, e as raças africanas e americanas com o RL, MN, BN e SO. Portanto, existe evidências que há duas origens para os ovinos brasileiros: uma Africana e outra Mediterrânea.

Palavras-chave: recurso genético; caracterização; diversidade genética; SNPs.