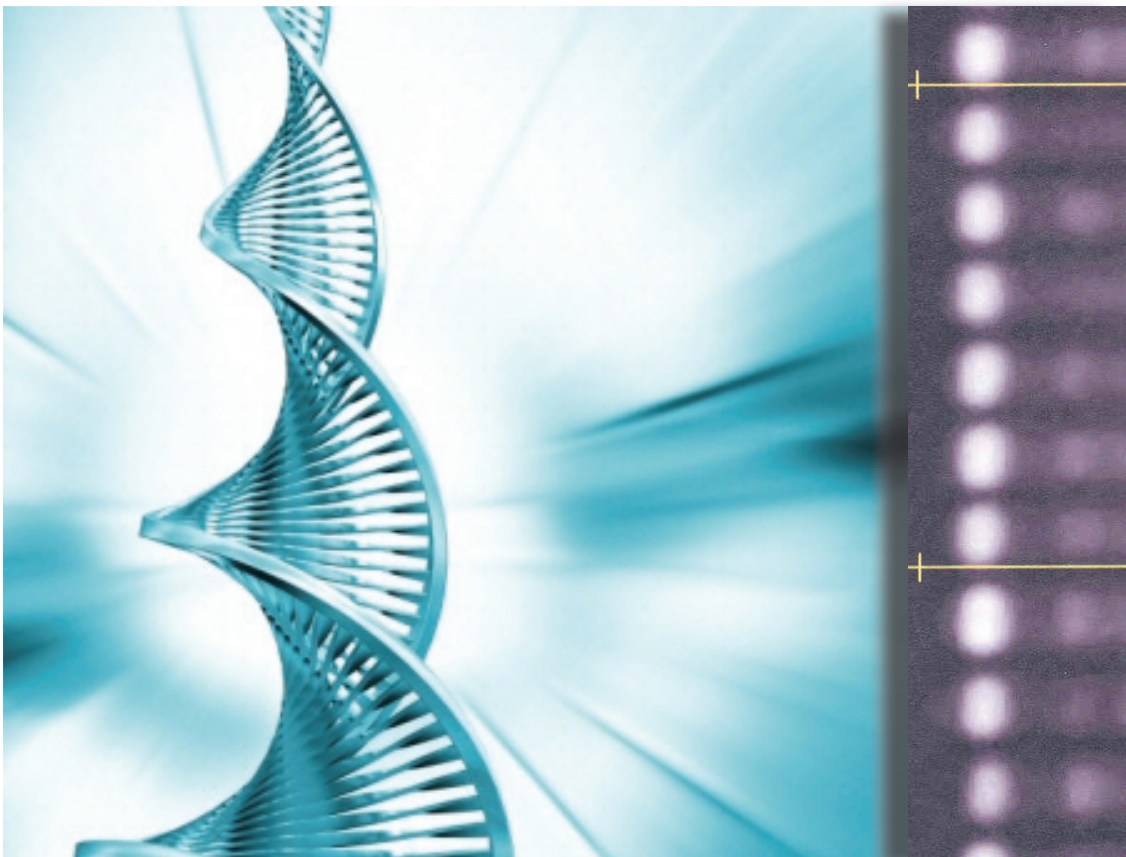


Marcadores Moleculares e suas Aplicações em Estudos Populacionais de Espécies de Interesse Zootécnico



ISSN 1517-5111
ISSN online 2176-5081
Maio, 2009

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Cerrados
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Documentos 254

Marcadores Moleculares e suas Aplicações em Estudos Populacionais de Espécies de Interesse Zootécnico

*Artur Jordão de Magalhães Rosa
Samuel Rezende Paiva*

Embrapa Cerrados
Planaltina, DF
2009

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Cerrados

BR 020, Km 18, Rod. Brasília/Fortaleza

Caixa Postal 08223

CEP 73310-970 Planaltina, DF

Fone: (61) 3388-9898

Fax: (61) 3388-9879

<http://www.cpac.embrapa.br>

sac@cpac.embrapa.br

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: *Fernando Antônio Macena da Silva*

Secretária-Executiva: *Marina de Fátima Vilela*

Secretária: *Maria Edilva Nogueira*

Supervisão editorial: *Jussara Flores de Oliveira Arbués*

Equipe de revisão: *Francisca Elijani do Nascimento*

Jussara Flores de Oliveira Arbués

Assistente de revisão: *Elizelva de Carvalho Menezes*

Normalização bibliográfica: *Marilaine Schaun Pelufê*

Editoração eletrônica: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Capa: *Leila Sandra Gomes Alencar*

Foto(s) da capa: www.graphics.com

Impressão e acabamento: *Divino Batista de Sousa*

Alexandre Moreira Veloso

1ª edição

1ª impressão (2009): tiragem 100 exemplares

Edição online (2009)

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Cerrados

R788m Rosa, Artur Jordão de Magalhães.

Marcadores moleculares e suas aplicações em estudos populacionais de espécies de interesse zootécnico / Artur Jordão de Magalhães Rosa, Samuel Rezende Paiva. – Planaltina, DF : Embrapa Cerrados, 2009.

35 p. — (Documentos / Embrapa Cerrados, ISSN 1517-5111, ISSN online 2176-5081 ; 254).

1. Marcador molecular. 2. Genética animal. 3. Endogamia.
4. Cerrado. I. Paiva, Samuel Rezende. II. Título. III. Série.

572.8 - CDD 21

© Embrapa 2009

Autores

Artur Jordão de Magalhães Rosa

Zootecnista, Ph.D.

Pesquisador da Embrapa Cerrados

artur.rosa@cpac.embrapa.br

Samuel Rezende Paiva

Biólogo, Ph.D.

Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e

Biotecnologia

samuel@cenargen.embrapa.br

Apresentação

Os recentes avanços da genética molecular geraram ferramentas para estudos filogenéticos e populacionais, aumentando nossa capacidade de caracterizar a biodiversidade de diversos ecossistemas brasileiros, assim como avaliar a variabilidade genética entre e dentro de populações de animais silvestres de interesse econômico como por exemplo os caititus, queixadas, capivaras, emas, pacu, jacaré-do papo-amarelo e tartaruga-da-amazônia.

Este conhecimento é de suma importância quando se deseja identificar regiões de alta diversidade para conservação, além de permitir otimizar acasalamentos visando um maior controle sobre os níveis de endogamia com impacto direto no planejamento de programas de conservação de espécies ou raças adaptadas ameaçadas de extinção, assim como em programas de melhoramento genético a longo prazo.

Neste trabalho são apresentadas diversas categorias de marcadores moleculares como os mitocondriais, cromossomo Y, microssatélites e SNPs e suas aplicações em estudos filogenéticos e populacionais. Este documento aborda também a possibilidade de utilização de animais silvestres e raças domésticas adaptadas no desenvolvimento de sistemas de produção com menor impacto ambiental, assim como a incorporação de rebanhos comerciais em programas de conservação destes recursos genéticos.

José Robson Bezerra Sereno
Chefe-Geral da Embrapa Cerrados

Sumário

Introdução.....	9
Marcadores Moleculares.....	11
Marcadores Mitocondriais.....	12
Cromossomo Y	16
Marcadores Microsatélites	17
SNPs	20
Discussão e Considerações Finais.....	21
Referências	22
Abstract.....	35

Marcadores Moleculares e suas Aplicações em Estudos Populacionais de Espécies de Interesse Zootécnico

*Artur Jordão de Magalhães Rosa
Samuel Rezende Paiva*

Introdução

Estudos conduzidos para caracterizar a biodiversidade do Cerrado indicam que ele é um dos ecossistemas de maior diversidade biológica do planeta, apresentando alto endemismo e adaptação à seca pronunciada e a queimadas, sendo considerado um dos *hot spots* mais importantes. O uso desordenado dos recursos naturais e a expansão da fronteira agrícola no Brasil, no entanto, vêm impactando especialmente áreas desse bioma, determinando uma redução dos habitats naturais e, conseqüentemente, alterando a abundância e distribuição de sua flora e fauna silvestres (VILLAS-BÔAS; VILLAS BÔAS, 1994; BRAGA, 1998; ALHO, 2005; MACHADO et al., 2005; RIBEIRO et al., 2005; SARMIENTO; PINILLOS, 2006; GANEM et al., 2008).

Entre as espécies afetadas pela ação humana, estão incluídas diversas espécies de interesse zootécnico como os mamíferos: caititu (*Pecari tajacu*), queixada (*Tayassu tajacu*), paca (*Cuniculus paca*), capivara (*Hydrochoerus hydrochaeris*) e anta (*Tapirus terrestris*); aves: ema (*Rhea americana*), papagaio (*Amazona aestiva*), arara-vermelha (*Ara chloroptera*) e arara-azul (*Anodorhynchus hyacinthinus*); peixes: pacu (*Colossoma macropomus*), tambaqui (*Colossoma mitrei*) pintado (*Pseudoplatystoma corruscans*), surubim (*Sorubimichthys planiceps*) e pirarara (*Leporinus elongatus*); e répteis: jacaré-do-papo-amarelo (*Caiman latirostris*) e tartaruga-da-amazônia (*Podocnemis expansa*), entre outras.

Essas espécies, que representaram ao longo dos tempos importante fonte de proteína e couro animal para populações indígenas e comunidades tradicionais (REDFORD, 1987; PERES, 1996; ARGOLO et al., 2002), vêm sendo manejadas em sistemas extrativistas ou ainda criadas em cativeiro para exploração comercial, e podem servir para diversificar e integrar as atividades agropecuárias e de silvicultura, especialmente para pequenas propriedades ou comunidades locais.

Existe hoje demanda para carnes alternativas no Brasil, em que podemos destacar restaurantes especializados do Distrito Federal e Goiânia, assim como interesse em fomentar sistemas alternativos de produção que impactem menos o meio ambiente. A diversificação da produção rural pode ser utilizada como auxílio na conservação da fauna brasileira ou ainda na conservação ou recuperação de áreas degradadas.

A utilização de espécies silvestres adaptadas às condições ambientais locais poderá favorecer a conservação dos ecossistemas, uma vez que não há a necessidade de se modificar o ambiente, como ocorre com o processo de produção de espécies domésticas. A criação de animais silvestres representa uma alternativa para produção de carne e couro com menores impactos ao meio ambiente do que, por exemplo, a bovinocultura (NOGUEIRA-FILHO; NOGUEIRA, 2000; LE PENDU et al., 2002; SANTOS et al., 2004; CRUZ et al., 2004; SANTOS et al., 2009). Além disso, a produção em cativeiro favorecerá a diminuição da caça predatória, tráfico de animais, além de possível reintrodução destes em áreas degradadas ou em recuperação.

A maioria das espécies ameaçadas é geralmente subdividida em pequenos grupos, seja em fragmentos florestais remanescentes, reservas particulares, zoológicos, e, no caso de espécies de interesse zootécnico, também em pequenas unidades de produção particulares, com maior ou menor grau de conectividade. Nesses casos, a fragmentação e a redução do tamanho efetivo populacional podem levar a população a entrar em depressão endogâmica por causa da redução da variabilidade genética e consequente aumento da homozigose (TORO; CABALLERO, 2005; TORO et al., 2009).

Em decorrência do aumento da endogamia, costuma-se observar, por exemplo, reduções na taxa de fertilidade, na resistência a doenças e na longevidade. Essa situação pode ser observada no Brasil, tanto em zoológicos e em criadouros comerciais, que necessitam de protocolos de manejo reprodutivo visando à minimização da endogamia, quanto em áreas florestais sob pressão (SILVA, 2005). Os programas de conservação podem ser enfocados sob vários níveis, desde ecossistemas e comunidades até indivíduos (MACE et al., 1996), bem como sob a ótica de várias estratégias e métodos.

As técnicas moleculares têm auxiliado na compreensão das relações evolutivas, taxonomia e demografia de uma ampla diversidade de espécies animais e plantas, fornecendo subsídios importantes tanto na identificação de áreas prioritárias para programas de preservação, quanto no entendimento da diversidade genética em espécies ameaçadas de extinção ou de interesse zootécnico. Conseqüentemente, marcadores moleculares podem servir para a otimização dos esforços visando ao controle da endogamia e, por conseguinte, na sustentabilidade dos recursos genéticos (MILLIGAN et al., 1994; FRITSCH; RIESEBERG, 1996; MACE et al., 1996; HEITHAUS; LAUSHMAN, 1997; HAIG, 1998).

Marcadores Moleculares

O recente progresso observado na genética molecular nas últimas décadas gerou conhecimento e ferramentas muito interessantes para estudos filogenéticos e populacionais, aumentando nossa capacidade em identificar espécies e caracterizar a biodiversidade de diversos ecossistemas brasileiros, assim como avaliar a variabilidade genética inter e intrapopulacional de animais silvestres e domésticos de importância econômica. Adicionalmente, esse conhecimento pode auxiliar na otimização de acasalamentos visando a um maior controle sobre os níveis de endogamia. O controle da endogamia é crucial para o planejamento de programas de conservação de espécies ou raças adaptadas ameaçadas de extinção, além de programas de melhoramento animal que visem também ao ganho genético em longo prazo.

Métodos moleculares utilizados para análise de variação genética são, em alguns casos, mais eficientes na discriminação de subdivisões populacionais intraespecíficos do que a biometria morfológica tradicional. Genes mitocondriais e Y-específicos que possuem herança exclusivamente materna e paterna respectivamente (são transmitidos somente por fêmeas ou machos), além de apresentarem, em geral, padrão de herança não Mendeliana, ou seja, não sofrerem eventos de recombinação, podem servir como marcadores genéticos. Esses marcadores podem fornecer informação necessária para verificação de relações filogenéticas, estimação de distâncias genéticas, discriminação de subpopulações assim como para investigar a história biogeográfica. Além disso, marcadores nucleares microssatélites, em virtude da alta frequência, distribuição no genoma e polimorfismo, são muito interessantes para estimação de distâncias genéticas, discriminação de subpopulações, mas, sobretudo, em estudos que envolvem segregação de alelos para identificação individual e teste de paternidade (ERIKSSON et al., 2006; GARRIGAN; HAMMER, 2006).

O uso combinado desses marcadores associado às sofisticadas metodologias estatísticas tem se mostrado bastante eficientes para identificar espécies, discriminar subespécies, discriminar subpopulações ou raças, inferir distância genética entre populações, inferir parentesco entre indivíduos mantidos em cativeiro ou em vida livre, estudos evolucionários de biogeografia e padrões de migração (LOFTUS et al., 1994; ZHIVOTOVSKY; FELDMAN, 1995; GOODMAN, 1998; JOHNS; AVISE, 1998; ARBOGAST, 1999; SEIESTAD, et al., 1999; HAMMER et al., 2001; SPRINGER et al., 2001; TOZAKI et al., 2001; ICHIKAWA et al., 2001; LANDRY et al., 2002; YU; PENG, 2002; CAVALI-SFORZA; FELDMAN, 2003; DENISE et al., 2003; FOKIDIS et al., 2003; WILDER et al., 2004a; WILDER et al., 2004b; GARRIGAN; HAMMER, 2006; TORO et al., 2009).

Marcadores Mitocondriais

Mitocôndrias são organelas citoplasmáticas encontradas na vasta maioria de células eucarióticas, usualmente descritas como a “casa

de força” celular porque são responsáveis pela produção de ATP via fosforilação oxidativa. De acordo com a mais aceita teoria endossimbiótica, os eucariotos surgiram como comunidades de células interativas de forma que essa organela pode ter sido originada pela captura e incorporação de uma protobactéria endossimbionte por um hospedeiro eucariótico com núcleo, que se assemelhava a um protista.

O DNA mitocondrial (mtDNA) de mamíferos é um genoma extranuclear (citoplasmático), que contém, basicamente, genes essenciais ao processo celular de fosforilação oxidativa. Além de estar presente em quase todos os eucariotos e possuírem herança exclusivamente materna, apresentam uma taxa de mutação (modificações) quatro vezes maior, quando comparados ao DNA nuclear e, por essas razões, tornaram-se populares em estudos evolucionários e filogenéticos (MARGULIS, 1996; LANG et al., 1999; AVISE, 2000; GRAY et al., 2004; BULLERWELL; GRAY, 2004).

Particularmente, a região controle (que inclui D-loop e a sequência hipervariável -HVS) e os genes citocromo B (CytB) e citocromo C oxidase I (COI) têm sido as sequências mais utilizadas para identificar e catalogar espécies, discriminar subespécies, estudar evolução, domesticação, caracterização de raças e alterações demográficas recentes em suínos, ovinos, bovinos, entre outras espécies animais (LOFTUS et al., 1994; GIUFFRA et al., 2000; HIENDLEDER et al., 2002; LEONARD et al., 2002; BRUFORD et al., 2003; WU et al., 2003; JOSHI et al., 2004; MEADOWS et al., 2005).

Um interessante projeto internacional conhecido como DNA Barcoding of Live (<http://www.barcoding.si.edu/DNABarCoding.htm>) foi iniciado recentemente com o objetivo de gerar sequências de aproximadamente 648 pb do gene mitocondrial citocromo C oxidase, subunidade 1 (COI) como ferramenta de auxílio em filogenética e catalogação da biodiversidade. Os códigos de barra baseados em sequências de mtDNA são ferramentas poderosas na identificação de espécies, pois o gene COI está presente em praticamente todos os organismos eucariotos, e, além disso, são bastante conservados entre os mais diversos genomas

e possuem suficiente diferenciação entre espécies para apresentarem padrão de sequência “barcode” espécie-específicos (TAUTZ et al., 2003; WILSON, 2003; BLAXTER et al., 2005; SCHINDEL et al. 2005; RUBINOFF et al. 2006).

Por esses motivos, além do auxílio na catalogação de espécies, os códigos de barra de DNA podem servir para identificar espécies em qualquer estágio de vida e, por estudos de agrupamentos, facilitar a separação de espécies crípticas ou com taxonomias complexas, ou pouco estudadas (HEBERT et al., 2003b; MONAGHAN et al., 2005; SAVOLAINEN et al., 2005; WITT et al., 2006; FOUQUET et al., 2007; TAVARES et al., 2008), como, possivelmente, é o caso dos caaitu (*Pecari tajacu*) e veado mateiro (*Mazama americana*) (GROVES; GRUBB, 1993; GONGORA et al., 2006; DUARTE et al., 2008).

Contudo, a melhoria tecnológica proporcionou um aumento de escala nos estudos mitocondriais, com o uso de um maior número de amostras a baixo custo e em menor espaço de tempo, proporcionando um avanço considerável em estudos de dinâmica populacional em resposta a diversos estímulos ambientais. Códigos de barras de mtDNA vêm sendo aplicados inclusive em estudos de dinâmica populacional de minhocas, crustáceos, peixes e insetos bentônicos em resposta à contaminação do solo e água por resíduos de mineração, herbicidas e fungicidas para identificação de bioindicadores para monitoramento da degradação ambiental, por exemplo (GASTON; O’NEIL, 2004; MARKMANN; TAUTZ, 2005; MONAGHAN et al., 2005; HERRERA et al., 2007; FICETOLA et al., 2008; BERKOV, 2009; OTOMO et al., 2009; VALENTINI et al., 2009).

Hiendleder et al. (2008), a partir da análise da sequência total dos genomas mitocondriais de bovinos taurinos e zebuínos, identificaram 237 polimorfismos e estimaram um tempo de divergência de aproximadamente 1,7 a 2,0 milhões de anos entre essas espécies. Análise combinada de 248 sequências da região controladora (D-loop) de diversas raças, assim como 32 exemplares arqueológicos de auroque (*Bos primigenius* – um bovino primitivo), permitiu a

identificação de quatro linhagens maternas. As distâncias genéticas estimadas permitiram inferir diversos eventos de domesticação e um status de subespécie para *Bos primigenius taurus* (raças taurinas) e *Bos primigenius indicus* (raças indianas).

Meiros et al. (1999) utilizaram marcadores de mtDNA para analisar a participação de gado taurino na formação das raças zebuínas Nelore, Gir e Brahman do continente americano. Esses autores demonstraram uma participação majoritária de matriarcas de origem taurina na formação do Zebu PO sulamericano, uma vez que 79 % dos animais analisados da raça Nelore, 73 % na Gir e 100 % na Brahman apresentaram mtDNA de origem taurina. Os resultados são condizentes com a formação da raça ter ocorrido por cruzamentos absorventes mediados por machos zebuínos acasalados com fêmeas de origem Ibérica. O mesmo não se pode dizer dos resultados obtidos de 26 % e 25 % de mtDNA taurino para animais Nelore e Gir POI, respectivamente, raças supostamente de origem exclusivamente zebuína.

A comparação de sequências de mtDNA se estende a praticamente todas as principais espécies domésticas de produção (ex. FERNÁNDEZ et al., 2006; LARSON et al., 2007; MEADOWS et al., 2007; NADERI et al., 2008; KANGINAKUDRU et al., 2008). Dessa forma, para a espécie ovina, já foram identificados cinco agrupamentos de haplótipos maternos (A, B, C, D e E). Haplótipos A foram identificados principalmente em raças asiáticas, haplótipos B predominantemente em raças europeias, enquanto os haplogrupos restantes estão em menor frequência no continente asiático (HIENDLEDER et al., 2002; WU et al., 2003; GUO et al., 2005; MEADOWS et al., 2005; PEDROSA et al., 2005; MEADOWS et al., 2007), apesar de altos níveis de introgressão poderem ser observados entre as raças de distintas regiões (MEADOWS et al., 2005).

Tapio et al. (2006) analisaram mtDNA D-loop e HVS de 48 raças para investigar linhagens maternas em ovinos e identificaram as três linhagens principais (A, B e C) descritas anteriormente, e, além dessas,

observaram uma quarta linhagem D. As quatro linhagens maternas principais foram identificadas no Cáucaso, três (A, B e C) na Ásia central; e duas (A e B) na Europa ocidental. Os autores concluíram que a linhagem A foi a primeira a ser domesticada no Oriente Médio, migrando posteriormente para todas as outras regiões. A expansão do haplótipo B envolveu populações da Europa ocidental, aproximadamente 3.000 anos após domesticação de A. A distribuição de A, assim como em outros resultados, é compatível com o Oriente Médio ser origem de domesticação. Haplótipos B estão presentes nos ovinos selvagens europeus "mouflon", sugerindo uma domesticação independente ou introgressão em populações domésticas. Os grupos C e D parecem ter sido introduzidos posteriormente, mas uma amostragem maior se faz necessária para se inferir a origem geográfica. Estudos realizados com onze raças brasileiras demonstraram a presença massiva do haplogrupo B, com exceção de dois animais da raça Dorper, que apresentaram mtDNA referente ao haplogrupo A (PAIVA et al., 2005).

Cromossomo Y

Os cromossomos sexuais de mamíferos são altamente divergentes e heteromórficos. O cromossomo X é relativamente longo e denso em genes em contraste com o cromossomo Y, que é curto e degenerado. A teoria mais aceita é que o Y descende de um protocromossomo Y, homólogo ao cromossomo X. A falta de recombinação entre estes é aceito como o principal fator determinante da perda de genes pelo cromossomo Y (degeneração) (GVOZDEV et al., 2005; ELLIS; AFFARA, 2006; GRAVES, 2006).

O cromossomo Y é o cromossomo mamífero melhor caracterizado. Esse é consideravelmente menor do que os outros cromossomos (60Kb) e contém 178 unidades transcritas em humanos (SKALETSKY et al., 2003), sendo 45 codificadores de proteínas, muitas das quais envolvidas em funções macho-específicas como espermatogênese, mas existem vários pseudogenes (LAHN; PAGE, 1997). Esse possui sequência de DNA altamente repetitiva, múltiplas cópias do mesmo gene arranjados em sequência e diversas regiões palindrômicas difíceis de ser sequenciados (TOURE et al., 2005; BACHTROG,

2006; GRAVES, 2006). Segmentos do cromossomo Y sequenciados em diversos mamíferos apresentaram, entretanto, um nível baixo de diversidade nucleotídica (HELLBORG; ELLEGREN, 2004; MEADOWS et al., 2004; MEADOWS et al., 2006).

Observações do estado haploide dos alelos, na ausência de recombinação X-Y, permitem a identificação de linhagens paternas além de estudos de dinâmica populacional e biogeográfica. Esse tipo de marcador genético se mostrou eficiente em estudos de expansão e dispersão global de populações humanas (DENG et al., 2004). Eriksson et al. (2006) utilizaram análise de mtDNA e cromossomo Y para estimar a magnitude da diferença em dispersão efetiva entre sexos e investigar a história demográfica de bonobos. Os autores encontraram uma diferenciação muito maior do cromossomo Y do que mtDNA, como esperado para espécies em que a dispersão ocorre principalmente por fêmeas.

O exame de linhagens paternas é também essencial em espécies domésticas, uma vez que o controle da reprodução resultou em uma taxa reprodutiva muito mais elevada em machos, e já revelou aspectos fascinantes da história dos animais domésticos. Sondas Y-específicas foram desenvolvidas por Bradley et al. (1994), que permitiram a discriminação entre raças bovinas zebuínas e taurinas. Edwards et al. (2000) geraram microssatélites localizados no cromossomo Y que apresentava alelos específicos para zebu, apropriados para estudos evolutivos em gado e espécies relacionadas. A utilização de marcadores Y-específicos revelou padrões complexos de introgressão mediadas por machos em populações de gado da África (MACHUGH et al., 1997; HANOTTE et al., 2000; FREEMAN et al., 2004). Mannen et al. (2004) também identificaram padrão semelhante de introgressão mediada por machos na contribuição de outras raças em várias raças Japonesas, Coreanas e da Mongólia.

Marcadores Microssatélites

Microssatélites, também conhecidos por variable number of tandem repeats - VNTRs e short tandem repeats - STRs, são regiões do genoma

altamente repetitivas e polimórficas (MIESFELD et al., 1981; HAMADA et al., 1982; JEFFREYS et al., 1985a, JEFFREYS et al., 1985b; GEORGES et al., 1988). Microsatélites autossômicos, devido à alta heterozigosidade, dispersão no genoma e facilidade de genotipagem por meio de PCR, tornaram-se os marcadores mais populares em estudos que envolvem a análise da transmissão de alelos de marcadores ou haplótipos. Mapas genéticos contendo milhares de marcadores já estão disponíveis para diversas espécies, incluindo ovinos (VAIMAN et al., 1996; MADDIX et al., 2001; BERARDI et al., 2006), bovinos (BISHOP et al., 1994; BARENDSE et al., 1997; KAPPES et al., 1997) e suínos (ARCHIBALD et al., 1995; ROHRER et al., 1996; GUO et al., 2009).

Essa categoria de marcadores moleculares é extensivamente utilizada em estudos de diversidade genética, na identificação/rastreabilidade, em testes de exclusão de paternidade e no mapeamento de caracteres quantitativos (ARRANZ et al., 1998; ARRANZ et al., 2001; COLTMAN et al., 2001; DIEZ-TASCON et al., 2000; MCRAE et al., 2002; DENISE et al., 2003; ALVAREZ et al., 2004; BARRILET et al., 2005; TAPIO et al., 2005; ALVAREZ et al., 2006; UZUN et al., 2006).

O polimorfismo de 14 marcadores microsatélites em 238 animais foi avaliado por Alvarez et al. (2004) para inferir as relações históricas e as contribuições existentes entre seis raças de ovinos do Norte da Espanha. Esses autores observaram uma estrutura populacional bastante forte em virtude da origem ancestral distinta e pequena taxa de migração recente. Duas das raças (Black-faced Latxa e Churra), independentemente da similaridade fenotípica, apresentaram perfis genéticos característicos, indicando origem ancestral independente. Outras raças, incluindo a Blonde-faced Latxa, Rubia Del Molar e Xalda, provavelmente mais relacionadas, apresentaram coeficientes admixture negativos, indicando divergência recente.

Tapio et al. (2005) utilizaram microsatélites para estudar a contribuição de populações nativas para a diversidade genética, diversidade de alelos e distância genética entre raças de ovinos do

Norte da Europa. Os autores inferiram também o efeito da endogamia na contribuição de cada raça para a variabilidade molecular total. Os resultados indicaram que a população fundadora estava fragmentada em populações isoladas e o tamanho efetivo populacional (N_e) decresceu ao logo do tempo especialmente para as raças Grey Finnish Landrace e Ruhnu. Os autores indicaram que porção considerável das raças com contribuição para diversidade genética acima da média são raças locais e periféricas com no máximo 1.000 ovelhas, indicando que um programa de conservação para essas raças seria a maneira mais eficiente de se manter a diversidade genética total.

As relações genéticas entre raças de ovinos da Turquia foram acessadas pela análise do polimorfismo de *loci* microssatélites em 225 animais pertencentes a cinco raças. Os autores observaram uma alta variabilidade dentro de raça e uma separação evidente das raças “fat tail” Akkaraman (White Karaman), Morkaraman (Red Karaman) e Tuj com relação às outras raças avaliadas, formando dois agrupamentos distintos. Outra importante conclusão foi proporcionada pela análise conjunta de microssatélites e mtDNA obtida de outros experimentos. As raças Akkaraman e Morkaraman apresentaram padrão alélico de microssatélites autossômicos muito similares e haplótipos de mtDNA distintos. Akkaraman, raça nativa da Turquia, apresentou alta frequência do haplótipo C, enquanto, na Morkaraman, prevaleceu o haplótipo mtDNA tipo A (também conhecido por haplótipo asiático). Esses resultados indicam uma origem materna distinta (população fundadora), e a proximidade genética obtida por marcadores autossômicos indica cruzamentos mediados por machos. Contudo, as raças Tuj e Hemsin diferiram com respeito às frequências dos microssatélites, mas apresentaram haplótipos de mtDNA bastante similares. De acordo com a localização geográfica, a origem materna deve ser semelhante, mas a raça Tuj recebeu considerável introgressão de outras raças “fat tail” e caucasianas por cruzamentos mediados por machos. Os autores reforçam o fato de que os microssatélites e mtDNA são complementares e que, se utilizados em combinação, fornecem informação relacionados a origem e relações genéticas entre as raças modernas de ovino (UZUN et al., 2006).

Em relação às raças brasileiras de espécies domésticas de produção, pode-se observar uma alta variabilidade genética das raças naturalizadas frente as raças comerciais/especializadas e um maior índice de endogamia para as espécies suína e equina, quando comparadas as demais (Tabela 1) (MARIANTE et al., 2009).

Tabela 1. Diversidade Genética observada em cinco estudos com raças naturalizadas e comerciais brasileiras a partir de marcadores microssatélites. N = número indivíduos; He = heterozigiosidade esperada; A_M = número médio de alelos; F_{IS} = coeficiente de endogamia intrapopulacional; AMOVA (%) = análise variância molecular, porcentagem de variação entre as raças analisadas em cada espécie.

Espécie	N	No. raças (Raças naturalizadas)	No. Locos	He	A_M	F_{IS}	AMOVA (%)
Bubalinos	382	05	14	0.686	10.07	0.224	11.91*
Bovinos	915	10 (8)	22	0.816	13.18	0.086	11.87
Equinos	328	07 (05)	11	0.875	14.36	0.204	12.37*
Ovinos	383	10 (05)	19	0.775	10.84	0.015	11.76*
Suínos	182	05 (03)	24	0.702	10	0.114	15.73*

* $p < 0.001$

SNPs

Variações pontuais na cadeia de nucleotídeo (SNPs) são marcadores considerados muito promissores para estudos evolucionários, ecológicos ou de conservação, uma vez que a informação sobre a sequência genômica se torne disponível para as diversas espécies (SEDDON et al., 2005; MARRIS, 2009).

Por serem marcadores bi-alélicos, SNPs são inerentemente menos polimórficos que microssatélites, mas SNPs são as fontes de variação genética mais comuns e, conseqüentemente, existe um aumento substancial no número de loci disponíveis para diversas espécies (BRUMFIELD et al., 2003). Além disso, a dinâmica mutacional mais simples dos SNPs leva à vantagem de gerar uma taxa menor de homoplasia, e, ainda mais importante, apresentam a capacidade de

serem genotipados a baixo custo e em larga escala (SYVÄNEN, 2001; VIGNAL et al., 2002; BRUMFIELD et al., 2003; CHEN; SULLIVAN, 2003; SCHLÖTTERER; HARR, 2004).

A análise de SNPs em populações de organismos não modelo, como animais silvestres, é relativamente recente e ainda incomum (MORIN et al., 2004). Apesar de alguns estudos terem avaliado o potencial teórico de SNPs na inferência da história biogeográfica e relações entre indivíduos (KUHNER et al., 2000; GLAUBITZ et al., 2003), a aplicação dos SNPs em estudos ecológicos ou de conservação está limitado a poucos exemplos com poucos loci marcadores (BENSCH et al., 2002; BELFIORE et al., 2003). Entretanto, o recente desenvolvimento de programas de sequenciamento genético que utilizam equipamentos de segunda geração vem aumentando significativamente a velocidade em sequenciar genomas a um custo significativamente mais baixo.

Discussão e Considerações Finais

Os resultados apresentados na literatura corroboram que marcadores moleculares diversos (microssatélites, SNPs, mtDNA e Y-específicos) geram dados distintos e complementares que podem ser utilizados para inferir diferentes aspectos da evolução dos genomas. Esses podem ser utilizados para inferir a origem, identificar espécies, diferenciar subespécies ou raças, identificar linhagens paternas e maternas, além de permitir inferir variabilidade genética entre e intrapopulacional de animais domésticos adaptados e também em vida livre.

Dessa forma, a caracterização da diversidade genética dessas espécies em diferentes regiões, utilizando-se marcadores moleculares, favorecerá a maximização dos esforços que tenham como objetivos a conservação da biodiversidade *in situ* e *ex situ*, assim como aqueles que visem inseri-las ao sistema produtivo, pois permitirão avaliar corretamente o atual estado de conservação, além de gerar conhecimento e ferramentas necessários para a implementação de uma estratégia de manejo visando ao controle da endogamia dessas populações em zoológicos e criadouros e consequente maximização do tamanho efetivo populacional em cativeiro.

A caracterização genético-molecular fornecerá ferramentas e conhecimento que poderão servir de base ou contribuir para o desenvolvimento de diversas áreas de pesquisa, das quais se destacam: estudos de fertilidade/reprodução, nutrição/alimentação e comportamento/manejo. Todos esses visando ao desenvolvimento de sistemas sustentáveis de produção de mamíferos nativos brasileiros de médio porte e sua integração com agropecuária e silvicultura. Adicionalmente, estudos avançados em genômica comparativa poderão auxiliar, por exemplo, um melhor entendimento da evolução do sistema digestivo de artiodátilos, seu desenvolvimento embrionário e funcionamento, assim como as complexas interações entre a microbiota do sistema digestivo e hospedeiro.

Referências

- ALHO, C. J. R. Desafios para a conservação do Cerrado, em face das atuais tendências de uso e ocupação. In: SCARIOT, A.; SOUSA-SILVA, J. C.; FELFILI, J. M. (Org.). **Cerrado: ecologia, biodiversidade e conservação**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente. 2005. p. 376-381
- ALVAREZ, I.; ROYO, L. J.; FERNANDEZ, I.; GUTIERREZ, J. P.; GOMEZ, E.; GOYACHE, F. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 8, p. 2246-52, 2004.
- ALVAREZ, L.; GUTIERREZ-GIL, B.; SAN PRIMITIVO, F.; DE LA FUENTE, L. F.; ARRANZ, J. J. Influence of prion protein genotypes on milk production traits in Spanish Churra sheep. **Journal of Dairy Science**, v. 89, n. 5, p. 1784-91, 2006.
- ARBOGAST, B. S. Mitochondrial DNA phylogeography of the new world flying squirrel (*Glaucomys*): Implications for pleistocene biogeography. **Journal of Mammalogy**, v. 80, n. 1, p. 142-156, 1999.
- ARCHIBALD, A. L.; HALEY, C. S.; BROWN, J. F. et al. The PiGMap consortium linkage map of the pig (*Sus scrofa*). **Mammalian Genome**, v. 6, p. 157-75, 1995.
- ARGOLO, G. R. **Análise do consumo e de preferências da carne de animais silvestres na Região Cacaueira da Bahia**. 2002. 104 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia, 2002.
- ARRANZ, J. J.; BAYON; Y.; SAN PRIMITIVO, F. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. **Genetics Selection and Evolution**, v. 33, n. 5, p. 529-42, 2001.

ARRANZ, J. J.; BAYON, Y.; SAN PRIMITIVO, F. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites. **Animal Genetics**, v. 29, n. 6, p. 435-40, 1998.

AVISE, J. C. **Phylogeography: the History and Formation of Species**. [s. l.]: Harvard, 2000. 447 p.

BACHTROG, D. A dynamic view of sex chromosome evolution. **Current Opinion in Genetics and Development**, v. 16, n. 6, p. 578-585, Dec. 2006.

BARENDSE, W.; VAIMAN, D.; KEMP, S. J. A medium-density genetic linkage map of the bovine genome. **Mammalian Genome**, v. 8, n. 1, p. 21-28, 1997.

BARRILET, F.; ARRANZ, J. J.; CARTA, A. Mapping quantitative trait loci for milk production and genetic polymorphisms of milk proteins in dairy sheep. **Genetics Selection and Evolution**, v. 37, Suppl. 1, p. S109–S123, 2005.

BERALDI, D.; MCRAE, A. F.; GRATTEN, J.; SLATE, J.; VISSCHER, P. M.; PEMBERTON, J. M. Development of a linkage map and mapping of phenotypic polymorphisms in a free-living population of Soay sheep (*Ovis aries*). **Genetics**, v. 173, n. 3, p. 1521-37, 2006.

BELFIORE, N. M.; HOFFMAN, F. G.; BAKER, R. J.; DEWOODY, J. A. The use of nuclear and mitochondrial single nucleotide polymorphisms to identify cryptic species. **Molecular Ecology**, v. 12, p. 2011–2017, 2003.

BENSCH, S.; ÅKESSON, S.; IRWIN, D. E. The use of AFLP to find an informative SNP: genetic differences across a migratory divide in willow warblers. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 2359–2366, 2002.

BERKOV, A. The impact of redefined species limits in Palame (Coleoptera: Cerambycidae: Lamiinae: Acanthocinini) on assessments of host, seasonal, and stratum specificity. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 76, n. 2, p. 195-209, 2009.

BISHOP, M. D.; KAPPES, S. M.; KEELE, J. W.; STONE, R. T.; SUNDEN, S. L.; HAWKINS, G. A.; TOLDO, S. S.; FRIES, R.; GROSZ, M. D.; YOO, J. A genetic linkage map for cattle. **Genetics**, v. 136, n. 2, p. 619-39, 1994.

BLAXTER, M.; MANN, J.; CHAPMAN, T.; THOMAS, F.; WHITTON, C.; FLOYD, R.; ABEBE, E. Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. **Philosophical Transactions of the Royal Society London Biological Science**, v. 360, n. 1462, p. 1935-43, 2005.

BRADLEY, D. G.; MACHUGH, D. E.; LOFTUS, R.; SOW, R. S.; HOSTE, C. H.; CUNNINGHAM, E. P. Zebu-taurine variation in Y chromosomal DNA: a sensitive assay for genetic introgression in Western African tyranotolerant cattle populations. **Animal Genetics**, v. 15, p. 7–12, 1994.

BRAGA, M. L. de S. As políticas desenvolvimentistas e ambientais brasileiras e seus impactos na região dos cerrados. In: DUARTE, M. L. G.; BRAGA, M. L. de S. (Org.) **Tristes cerrados: sociedade e biodiversidade**. Brasília, DF: Paralelo 5, 1998. p. 93-123.

BRUFORD, M. W.; BRADLEY, D. G.; LUIKART, G. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. **Nature Reviews Genetics**, v. 4, n. 11, p. 900-910, 2003.

BRUMFIELD, R. T.; BEERLI, P.; NICKERSON, D. A.; EDWARDS, S. V. The utility of single nucleotide polymorphisms in inferences of population history. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, p. 249–256, 2003.

BULLERWELL, C. E.; GRAY, M. W. Evolution of the mitochondrial genome: protist connections to animals, fungi and plants. **Current Opinion in Microbiology**, v. 7 n. 5, p. 528-34, Oct. 2004.

CAVALI-SFORZA, L. L.; FELDMAN M. W. The application of molecular genetic approaches to the study of human evolution. **Nature Genetics**, v. 33, p. 5266-5275, 2003.

CHEN, X.; SULLIVAN, P. F. Single nucleotide polymorphism genotyping: biochemistry, protocol, cost and throughput. **Pharmacogenomics Journal**, v. 3, p. 77–96, 2003.

COLTMAN, D. W.; WILSON, K.; PILKINGTON, J. G.; STEAR, M. J.; PEMBERTON, J. M. A microsatellite polymorphism in the gamma interferon gene is associated with resistance to gastrointestinal nematodes in a naturally-parasitized population of Soay sheep. **Parasitology**, v. 122, p. 571-82, 2001.

CRUZ, M. P. da.; WARKEN, L. J.; SOUZA, D. C. de.; TEIXEIRA, V. L. B.; NASCIMENTO JUNIOR, A. F. Estudo do cateto (Tayassu tajacu) e queixada (Tayassu pecari) no Parque Municipal das Araucárias (Guarapuava- Paraná) : Regime semicativeiro –T Dissertação de Mestrado, Universidade Paranaense-UNIPAR, Umuarama, Paraná, Barsil, 2004.

DENG, W.; SHI, B.; HE, X.; ZHANG, Z.; XU, J.; LI, B.; YANG, J.; LING, L.; DAI, C.; QIANG, B.; SHEN, Y.; CHEN, R. Evolution and migration history of the Chinese population inferred from Chinese Y-chromosome evidence. **Journal of Human Genetics**, v. 49, p. 339–348, 2004.

DENISE, S.; JOHNSTON, E.; HALVERSON, J.; MARSHALL, K.; ROSENFELD, D.; MCKENNA, S.; SHARP, T.; EDWARDS, J. Power of exclusion for parentage verification and probability of match for identity in American kennel club breeds using 17 canine microsatellite markers. **Animal Genetics**, v. 35, p. 14- 17, 2003.

DIEZ-TASCON, C.; LITTLEJOHN, R. P.; ALMEIDA, P. A.; CRAWFORD, A. M. Genetic variation within the Merino sheep breed: analysis of closely related populations using microsatellites. **Animal Genetics**, v. 31, n. 4, p. 243-51, 2000.

DUARTE, J. M. B.; GONZÁLEZ, S.; MALDONADO, J. E. The surprising evolutionary history of South American deer. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 49, p. 17–22, 2008.

EDWARDS, C. J.; GAILLARD, C.; BRADLEY, D. G.; MACHUGH, D. E. Y-specific microsatellites polymorphisms in a range of bovid species. **Animal Genetics**, v. 31, p. 127-130, 2000.

ELLIS, P. J.; AFFARA, N. A. Spermatogenesis and sex chromosome gene content: an evolutionary perspective. **Human Fertility (Cambridge)**, v. 9, n. 1, p. 1-7, 2006.

ERIKSSON, J.; SIEDEL, H.; LUKAS, D.; KAYSER, M.; ERLER, A.; HASHIMOTO, C.; HOHMANN, G.; BOESCH, C.; VIGILANT, L. Y-chromosome analysis confirms highly sex-biased dispersal and suggests a low male effective population size in bonobos (*Pan paniscus*). **Molecular Ecology**, v. 15, n. 4, p. 939-949, Apr. 2006.

FERNÁNDEZ, H.; HUGHES, S.; VIGNE, J-D.; HELMER, D.; HODGINS, G.; MIQUEL, C.; HANNI, C.; LUIKART, G.; TABERLET, P. Divergent mtDNA lineages of goats in an Early Neolithic site, far from the initial domestication areas. **Proceedings of the National Academy of Science - USA**, v. 103, p. 15375–15379, 2006.

FICETOLA, G. F.; MIAUD, C.; POMPANON, F.; TABERLET, P. Species detection using environmental DNA from water samples. **Biology Letters**, v. 4, p. 423-425, 2008.

FOKIDIS, H. B.; SCHABLE, N. A.; HAGEN, C.; GLENN, T. C.; RISCH, T. S. Characterization of microsatellite DNA loci for the southern flying squirrel (*Glaucomys volans*). **Molecular Ecology Notes**, v. 3, p. 616- 618, 2003.

FOUQUET, A.; GILLES, A.; VENCES, M.; MARTY, C.; BLANC, M.; GEMMELL, N. J. Underestimation of species richness in neotropical frogs revealed by mtDNA analyses. **PLoS One**, v. 2, n. 10, 2007.

FREEMAN, A. R.; MEGHEN, C. M.; MACHUGH, D. E.; LOFTUS, R. T.; ACHUKWI, M. D.; BADO, A.; SAUVEROCHE, B.; BRADLEY, D. G. Admixture and diversity in West African cattle populations. **Molecular Ecology**, v. 13, n.11, p. 3477-87, 2004.

FRITSCH, P.; RIESEBERG, L. H. The use of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) in conservation genetics. In: SMITH, T. B.; WAYNE, R. K. (Ed.). **Molecular Genetic Approaches in Conservation**. New York: Oxford Press University, 1996. p. 54-73.

GANEM, R. S.; DRUMMOND, J. A.; FRANCO, J. L. A. Ocupação humana e impactos ambientais no bioma cerrado: dos bandeirantes à política de biocombustíveis. In: ENCONTRO NACIONAL DA ANPPAS, 4., 2008, Brasília. **Mudanças ambientais globais: a contribuição do ANPPAS ao debate**. Brasília, 2008.

GARRIGAN, D.; HAMMER, M. F. Reconstructing human origins in the genomic era. **Nature Reviews Genetics**, v. 7, p. 669-690, 2006.

- GASTON, K. J.; O'NEILL, M. A. Automated species identification: why not? **Philosophical Transactions of the Royal Society London Biological Science**, v. 359, p. 655-667, 2004.
- GEORGES, M.; LEQUARRE, A. S.; CASTELLI, M.; HANSET, R.; VASSART, G. DNA fingerprinting in domestical animals using four diferent minisatellite probes. **Cytogenetics and Cell Genetics**, v. 47, p. 127-131, 1988.
- GIUFFRA, E.; KIJAS, J. M.; AMARGER, V.; CARLBORG, O.; JEON, J. T.; ANDERSSON, L. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. **Genetics**, v. 154, n. 4, p. 1785-91, 2000.
- GLAUBITZ, J. C.; RHODES JUNIOR, O. E.; DEWOODY, J. A. Prospects for inferring pairwise relationships with single nucleotide polymorphisms. **Molecular Ecology**, v. 12, p. 1039-1047, 2003.
- GONGORA, J.; MORALES, S.; BERNAL, J. E.; MORAN, C. Phylogenetic divisions among Collared peccaries (Pecari tajacu) detected using mitochondrial and nuclear sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 41, p. 1-11, 2006.
- GOODMAN, S. J. Patterns of extensive genetic differentiation and variation among European harbor seals (*Phoca vitulina vitulina*) revealed using microsatellite DNA polymorphisms. **Molecular Genetics and Evolution**, v. 15, n. 2, p. 104- 118, 1998.
- GRAVES, J. A. Sex chromosome specialization and degeneration in mammals. **Cell**, v. 124, n. 5, p. 901-14, 2006.
- GRAY, M. W.; LANG, B. F.; BURGER, G. Mitochondria of protists. **Annual Reviews on Genetics**, v. 38, p. 477-524, 2004.
- GROVES, C. P.; GRUBB, P. The suborder Suiformes. In: OLIVER, W. L. R. (Ed.). **Pigs, Peccaries and Hippos IUCN**. Gland, Switzerland: The World Conservation Union, 1993. p. 1-4.
- GUO, J.; DU, L. X.; MA, Y. H.; GUAN, W. J.; LI, H. B.; ZHAO, Q. J.; LI, X.; RAO, S. Q. A novel maternal lineage revealed in sheep (*Ovis aries*). **Animal Genetics**, v. 36, n. 4, p. 331-336, 2005.
- GUO, Y.; MAO, H.; REN, J.; YAN, X.; DUAN, Y.; YANG, G.; REN, D.; ZHANG, Z.; YANG, B.; OUYANG, J.; BREINIG, B.; HALEY, C.; HUANG, L. A linkage map of the porcine genome from a large-scale White Duroc X Erhualian resource population and evaluation of factors affecting recombination rates. **Animal Genetics**, v. 40, p. 47-52, 2009.
- GVOZDEV, V. A.; KOGAN, G. L.; USAKIN, L. A. The Y chromosome as a target for acquired and amplified genetic material in evolution. **Bioessays**, v. 27, n. 12, p. 1256-1262, 2005.
- HAIG, S. M. Molecular Contributions to Conservation. **Ecology**, v. 79, p. 413-425, 1998.

HAMADA, H.; PETRINO, M.; KAKUNAGA, T. A novel repeated element with Z-DNA. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 79, p. 6465-6469, 1982.

HAMMER, M. F.; KARAFET, T. M.; REDD, A. J.; JARJANAZI, H.; SANTACHIARA-BENERECETTI, S.; SOODYALL, H.; ZEGURA, S. L. Hierarchical patterns of global human Y-chromosome diversity. **Molecular Biology and Evolution**, v. 18, n. 7, p. 1189-1203, 2001.

HANOTTE, O.; TAWAH, C. L.; BRADLEY, D. G.; OKOMO, M.; VERJEE, Y.; OCHIENG, J.; REGE, J. E. 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**, v. 9, n. 4, p. 387-96, 2000.

HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DE WAARD, J. R. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. **Proceedings of the Royal Society of Biological Sciences**, v. 270, S96-S99, 2003b.

HEITHAUS, M. R.; LAUSHMAN, R. H. Genetic variation and conservation of stream fishes: influence of ecology, life history, and water quality. **Canadian Journal Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 54, p. 1822-1836, 1997.

HELLBORG, L.; ELLEGREN, H. Low levels of nucleotide diversity in mammalian Y chromosomes. **Molecular Biology Evolution**, v. 21, n.1, p. 158-63, 2004.

HERRERA, A.; HÉRY, M.; STACH, J. E. M.; JAFFRÉ, T.; NORMAND, P.; NAVARRO, E. Species richness and phylogenetic diversity comparisons of soil microbial communities affected by nickel-mining and revegetation efforts in New Caledonia. **European Journal of Soil Biology**, v. 43, n. 2., p. 130-139, 2007.

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. **Proceedings Biological Sciences**, v. 269, n. 1494, p. 893-904, 2002.

HIENDLEDER, S.; LEWALSKI, H.; JANKE, A. Complete mitochondrial genomes of *Bos taurus* and *Bos indicus* provide new insights into intra-species variation, taxonomy and domestication. **Cytogenetics Genome Research**, v. 120, n. 1-2, p. 150-156, 2008.

ICHIKAWA, Y.; TAKAGI, K.; TSUMAGARI, S.; ISHIHAMA, K.; MORITA, M.; KANEMAKI, M.; TAKEISHI, M.; TAKAHASHI, H. Canine parentage testing based on microsatellite polymorphisms. **Journal of Veterinary Medical Sciences**, v. 63, n. 11, p. 1209- 1213, 2001.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN S. L. Hypervariable minisatellite regions in the human DNA. **Nature**, v. 314, p. 67-73, 1985a.

JEFFREYS, A. J.; WILSON, V.; THEIN, S. L. Individual specific "fingerprints" of human DNA. **Nature**, v. 316, p. 76-79, 1985b.

JOHNS, G. C.; AVISE, J. C. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome b gene. **Molecular Genetics and Evolution**, v. 15, n. 11, p. 1481-1490, 1998.

JOSHI, M. B.; ROUT, P. K.; MANDAL, A. K.; TYLER-SMITH, C.; SINGH, L.; THANGARAJ, K. Phylogeography and origin of Indian domestic goats. **Molecular Biology Evolution**, v. 21, n. 3, p. 454-62, 2004.

KANGINAKUDRU, S.; METTA, M.; JAKATI, R. D.; NAGARAJU, J. Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken. **BMC Evolution Biology**, v. 8, n. 174, Jun. 2008.

KAPPES, S. M.; KEELE, J. W.; STONE, R. T.; MCGRRAW, R. A.; SONSTEGARD, T. S.; SMITH, T P; LOPEZ-CORRALES, N. L.; BEATTIE, C. W. A second-generation linkage map of the bovine genome. **Genome Research**, v. 7, n. 3, p. 235-49, 1997.

KUHNER, M. K.; BEERLI, P.; YAMATO, J.; FELSENSTEIN, J. Usefulness of single nucleotide polymorphism data for estimating population parameters. **Genetics**, v. 156, p. 439-447, 2000.

LAHN, B.; PAGE, D. C. Functional coherence of the human Y chromosome. **Science**, v. 278, p. 675-680, 1997.

LANDRY, P. A.; KOSKINEN, M. T.; PRIMMER, C. R. Deriving evolutionary relationships among populations using microsatellites and $(\delta\mu)^2$: All loci are equal, but some are more equal than others. **Genetics**, v. 161, p. 1339- 1347, 2002.

LANG, B. F.; GRAY, M. W.; BURGER, G. Mitochondrial genome evolution and the origin of eukaryotes. **Annual Review of Genetics**, v. 33, p. 351-397, 1999.

LARSON, G.; ALBARELLA, U.; DOBNEY, K.; ROWLEY-CONWY, P.; SCHIBLER, J.; TRESSET, A.; VIGNE, J. D.; EDWARDS, C. J.; SCHLUMBAUM, A.; DINU, A.; BALAÇSESCU, A.; DOLMAN, G.; TAGLIACCOZZO, A.; MANASERYAN, N.; MIRACLE, P.; VAN WIJNGAARDEN-BAKKER, L.; MASSETI, M.; BRADLEY, D. G.; COOPER, A. Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe. **Proceedings of the National Academy of Sciences- USA**, v. 104, n. 39, p. 15276-15281, 2007.

LE PENDU, Y.; SILVA, J. V.; ALBUQUERQUE, N.; GUIMARAES, D. A. A. Biometria do caititu (*Tayassu tajacu*) criado em cativeiro na Amazônia. In: ENCONTRO ANUAL DE ETOLOGIA, 20., 2002, Natal-RN. **Anais...** Natal: UFRN - Centro de biociência s, 2002. p. 405.

LEONARD, J. A.; WAYNE, R. K.; WHEELER, J.; VALADEZ, R.; GUILLEN, S.; VILA, C. Ancient DNA evidence for Old World origin of New World dogs. **Science**, v. 298, n. 5598, p. 1613-1616, 2002.

LOFTUS, R. T.; MACHUGH, D. E.; NGERE, L. O.; BALAIN, D. S.; BADI, A. M.; BRADLEY, D. G.; CUNNINGHAM, E. P. Mitochondrial genetic variation in European, African and Indian cattle populations. **Animal Genetics**, v. 25, n. 4, p. 265-271, 1994.

MACE, G. M.; SMITH, T. B.; BRUFORD, M. W.; WAYNE, R. K. An overview of the Issues. In: SMITH, T. B.; WAYNE, R. K. (Ed.). **Molecular Genetic Approaches in Conservation**. New York: Oxford Press University, 1996. p. 3-25.

MACHADO, R. B.; RAMOS NETO, M. B.; PEREIRA, P. G. P.; CALDAS, E. F.; GONÇALVES, D.; SANTOS, N. S.; TABOR, K.; STEININGER, M. **Estimativas da perda do Cerrado brasileiro**. Disponível em: <www.conservacao.org>. Acesso em: 09 nov. 2005.

MACHUGH, D. E.; SHRIVER, M. D.; LOFTUS, R. T.; CUNNINGHAM, P.; BRADLEY, D. G. Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). **Genetics**, v. 146, p. 1071-1086, 1997.

MADDOX, J. F.; DAVIES, K. P.; CRAWFORD, A. M.; HULME, D. J.; VAIMAN, D.; CRIBIU, E. P.; FREKING, A.; BEH, K. J.; COCKETT, N. E.; KANG, N.; RIFFKIN, C. D.; DRINKWATER, R.; MOORE, S. S.; DODDS, K. G.; LUMSDEN, J. M.; VAN STIJN, T. C.; PHUA, S. H.; ADELSON, D. L.; BURKIN, H. R.; BROOM, J. E.; BUITKAMP, J.; CAMBRIDGE, L.; CUSHWA, W. T.; GERARD, E.; GALLOWAY, S. M.; HARRISON, B.; HAWKEN, R. J.; HIENDLEDER, S.; HENRY, H. M.; MEDRANO, J. F.; PATERSON, K. A.; SCHIBLER, L.; STONE, R. T.; VAN HEST, B. An enhanced linkage map of the sheep genome comprising more than 1000 loci. **Genome Research**, v. 11, n. 7, p. 1275-1289, 2001.

MANNEN, H.; KOHNO, M.; NAGATA, Y.; TSUJI, S.; BRADLEY, D. G.; YEO, J. S.; NYAMSAMBA, D.; ZAGDSUREN, Y.; YOKOHAMA, M.; NOMURA, K.; AMANO, T. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. **Molecular. Phylogenetics Evolution**, v. 32, n. 2, p. 539-544, 2004.

MARGULIS, L. Archaeal-eubacterial mergers in the origin of Eukarya: phylogenetic classification of life. **Proceedings of the National Academy of Sciences - USA**, v. 93, n. 3, p. 1071-6, 1996.

MARIANTE, A. da S.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; EGITO, A. A.; MCMANUS, C.; LOPES, M. A.; PAIVA, S. R. Present status of the conservation of livestock genetic resources. **Livestock Science**, v. 120, n. 3, p. 204-212, 2009.

MARKMANN, M.; TAUTZ, D. Reverse taxonomy: an approach towards determining the diversity of meio benthic organisms based on ribosomal RNA signature sequences. **Philosophical Transactions of the Royal Society London Biological Science**, v. 360, p. 1917-1924, 2005.

MARRIS, E. The genome of the american West. **Nature**, v. 457, p. 950-952, 2009

MCRAE, A. F.; MCEWAN, J. C.; DODDS, K. G.; WILSON, T.; CRAWFORD, A. M.; SLATE, J. Linkage disequilibrium in domestic sheep. **Genetics**, v. 160, n. 3, p. 1113-22, 2002.

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**, v. 175, n. 3, p. 1371-1379, Mar. 2007.

MEADOWS, J. R.; HANOTTE, O.; DRÖGEMÜLLER, C.; CALVO, J.; GODFREY, R.; COLTMAN, D.; MADDOX, J. F.; MARZANOV, N.; KANTANEN, J.; KIJAS, J. W. Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. **Animal Genetics**, v. 37, n. 5, p. 444-453, Oct. 2006.

MEADOWS, J. R. S.; HAWKEN, R. J.; KIJAS, J. W. Nucleotide diversity on the ovine Y chromosome. **Animal Genetics**, v. 35, p. 379-385, 2004.

MEADOWS, J. R.; LI, K.; KANTANEN, J.; TAPIO, M.; SIPOS, W.; PARDESHI, V.; GUPTA, V.; CALVO, J. H.; WHAN, V.; NORRIS, B.; KIJAS, J. W. Mitochondrial sequence reveals high levels of gene flow between breeds of domestic sheep from Asia and Europe. **Journal of Heredity**, v. 96, n. 5, p. 494-501, 2005.

MEIRELLES, F. V.; ROSA, A. J. M.; LÔBO, R. B.; GARCIA, J. M.; SMITH, L. C.; DUARTE, F. A.M. Is The American Zebu Really *Bos indicus*? **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 4, p. 543-546, 1999.

MIESFELD, R.; KRYSTAL, M.; ARNHEIM, N. A member of new repeated sequence family which is conserved throughout eukaryotic evolution is found between the human α - and β -globulin genes. **Nucleic Acids Research**, v. 9, p. 5931, 1981.

MILLIGAN, B. G.; LEEBENS-MACK, J.; STRAND, A. E. Conservation genetics: beyond the maintenance of marker diversity. **Molecular Ecology**, v. 3, p. 423-435, 1994.

MONAGHAN, M. T.; BALKE, M.; GREGORY, T. R.; VOGLER, A. P. DNA-based species delineation in tropical beetles using mitochondrial and nuclear markers. **Philosophical Transactions of the Royal Society London Biological Science**, v. 360, n. 1462, p. 1925-1933, Oct. 2005.

MORIN, P. A.; LUIKART, G.; WAYNE, R. K. and the SNP workshop Group. SNPs in ecology, evolution and conservation. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 19, p. 208-216, 2004.

NADERI, S.; REZAEI, H. R.; POMPANON, F.; BLUM, M. G.; NEGRINI, R.; NAGHASH, H. R.; BALKIZ, O.; MASHKOUR, M.; GAGGIOTTI, O. E.; AJMONE-MARSAN, P.; KENCE, A.; VIGNE, J. D.; TABERLET, P. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. **Proceedings of the National Academy of Sciences - USA**, v. 105, n. 46, p. 17659-17664, Nov. 2008.

NOGUEIRA FILHO, S. L. G.; NOGUEIRA, S. S. C. Análise econômica da criação comercial de animais silvestres. In: CABRERA, E.; MERCOLLI, C.; RESQUIN, R. (Org.). **Manejo de**

Fauna Silvestre en Amazônia y Latinoamérica. Asunción, Paraguai: CITES: Fundacion Moises Bertoni: University of Florida, 2000. v. 1, p. 559-566.

OTOMO, P. V.; VAN VUUREN, B. J.; REINECKE, S. A. Usefulness of DNA Barcoding in Ecotoxicological Investigations: Resolving Taxonomic Uncertainties Using *Eisenia Malm 1877* as an Example. **Bulletin of Environment Contamination and Toxicology**, v. 82, p. 261–264, 2009.

PAIVA, S. R.; SILVÉRIO, V. C.; MCMANUS, C.; EGITO, A. A.; MARIANTE, A da S.; CASTRO, S. T. R.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; DERGAM, J. A. Origin of the main locally adapted sheep breeds of Brasil: a RFLP-PCR molecular analysis. **Archivos de Zootecnia da Universidade de Cordoba**, Córdoba, v. 54, p. 395-399, 2005.

PEDROSA, S.; UZUN, M.; ARRANZ, J.; GUTIERREZ-GIL, B.; SAN PRIMITIVO, F.; BAYON Y. Evidence of three maternal lineages in near eastern sheep supporting multiple domestication events. **Proceedings of the Royal Society of Biological Sciences**, v. 272, n. 1577, p. 2211–2217, Oct. 2005.

PERES, C. A. Population status of white-lipped *Tayassu pecary* and collared peccaries *T. tajacu* in hunted and unhunted amazonian forests. **Biological Conservation**, v. 77, n. 2-3, p. 115-123, 1996.

REDFORD, K. H.; ROBSON, J. G. The game of choice patterns of Indian and colonist hunting in the neotropics. **American Anthropologist**, v. 89, p. 650-667, 1987.

RIBEIRO, J. F.; BRIDGEWATER, S.; RATTER, J. A.; SOUSA-SILVA, J. C. Ocupação do bioma Cerrado e conservação da sua diversidade vegetal. In: SCARIOT, A.; SOUSA-SILVA, J. C.; FELFILI, J. M. (Org.). **Cerrado: ecologia, biodiversidade e conservação**. Brasília, DF: Ministério do Meio Ambiente, 2005. p. 383-399.

ROHRER, G. A.; ALEXANDER, L. J.; HU, Z.; SMITH, T. P.; KEELE, J. W.; BEATTIE, C. W. A comprehensive map of the porcine genome. **Genome Research**, v. 6, n. 5, p. 371-91, 1996.

RUBINOFF, D. Utility of mitochondrial DNA barcodes in species conservation. **Conservation Biology**, v. 20, n. 4, p. 1026-1033, 2006.

SANTOS, D. O.; MENDES, A.; NOGUEIRA, S. S. C.; NOGUEIRA-FILHO, S. L. G. Criação Comercial de *Caititu Pecari tajacu* uma Alternativa de Agronegócio. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 10, p. 1-10, 2009.

SANTOS, J. C. C.; MAURO, R. A.; AGUIAR, L. M. S. **Caititu - *Tayassu tajacu***. Fauna e Flora do Cerrado, Campo Grande, Julho 2004. Disponível em: <<http://www.cnpqg.embrapa.br/~rodiney/series/caititu/caititu.htm>> Acesso em: 27 jan. 2009.

SARMIENTO, G.; PINILLOS, M. O caso das savanas tropicais da América do Sul: quando a sustentabilidade econômica e ecológica não é suficiente. In: GARAY, I.; BECKER, B.

(Org.) **Dimensões humanas da biodiversidade: o desafio de novas relações sociedade-natureza no século XXI**. Petrópolis: Vozes, 2006. p. 215-237.

SAVOLAINEN, V.; COWAN, R. S.; VOGLER, A. P.; RODERICK, G. K.; LANE, R. Towards writing the encyclopaedia of life: An introduction to DNA barcoding. **Philosophical Transactions of the Royal Society London Biological Science**, v. 360, n. 1462, p. 1805-1811, Oct. 2005.

SCHINDEL, D. E.; MILLER, S. E. DNA barcoding a useful tool for taxonomists. **Nature**, v. 435, n. 17, May 2005.

SCHLÖTTERER, C.; HARR, B. Single nucleotide polymorphisms derived from ancestral populations show no evidence for biased diversity estimates in *Drosophila melanogaster*. **Molecular Ecology**, v. 11, p. 947-950, 2004.

SEDDON, J. M.; PARKER, H. G.; OSTRANDER, E. A.; ELLEGREN, H. SNPs in ecological and conservation studies: a test in the Scandinavian wolf population. **Molecular Ecology**, v. 14, p. 503-511, 2005.

SEIESTAD, M.; BEKELE, E.; IBRAHIM, M.; TOURE, A.; TRAORE, M. A view of modern human origins from Y chromosome microsatellite variation. **Genome Research**, v. 9, p. 558-567, 1999.

SILVA, A. G. **Conservation genetics of large mammals in the atlantic forest, Brazil**. 2005. 16 p. Final report to the Rufford Foundation,

SKALETSKY, H.; KURODA-KAWAGUCHI, T.; MINX, P. J.; CORDUM, H. S.; HILLIER, L.; BROWN, L. G.; REPPING, S.; PYNTIKOVA, T.; ALI, J.; BIERI, T.; CHINWALLA, A.; DELEHAUNTY, A.; DELEHAUNTY, K.; DU, H.; FEWELL, G.; FULTON, L.; FULTON, R.; GRAVES, T.; HOU, S. F.; LATRIELLE, P.; LEONARD, S.; MARDIS, E.; MAUPIN, R.; MCPHERSON, J.; MINER, T.; NASH, W.; NGUYEN, C.; OZERSKY, P.; PEPIN, K.; ROCK, S.; ROHLFING, T.; SCOTT, K.; SCHULTZ, B.; STRONG, C.; TIN-WOLLAM, A.; YANG, S. P.; WATERSTON, R. H.; WILSON, R. K.; ROZEN, S.; PAGE, D. C. The male-specific region of the human Y chromosome is a mosaic of discrete sequence classes. **Nature**, v. 423, n. 6942, p. 825-37, 2003.

SPRINGER, M. S.; DEBRY, R. W.; DOUADY, C.; AMRINE, H. M.; MADSEN, O.; DE JONG, W. W.; STANHOPE, M. J. Mitochondrial versus nuclear gene sequences in deep-level mammalian phylogeny reconstruction. **Molecular Genetics and Evolution**, v. 18, n. 2, p. 132-143, 2001.

SYVÄNEN, A-C. Accessing genetic variation: genotyping single nucleotide polymorphisms. **Nature Genetics Reviews**, v. 2, p. 930-942, 2001.

TAPIO, M.; MARZANOV, N.; OZEROV, M.; CINKULOV, M.; GONZARENKO, G.; KISELYOVA, T.; MURAWSKI, M.; VIINALASS, H.; KANTANEN, J. Sheep mitochondrial

DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. **Molecular Biology and Evolution**, v. 23, n. 9, p. 1776-1783, 2006.

TAPIO, M.; TAPIO, I.; GRISLIS, Z.; HOLM, L. E.; JEPSSON, S.; KANTANEN, J.; MICEIKIENE, I.; OLSAKER, I.; VIINALASS, H.; EYTHORSDDOTTIR, E. Native breeds demonstrate high contributions to the molecular variation in northern European sheep. **Molecular Ecology**, v. 14, n. 13, p. 3951-63, 2005.

TAUTZ, D.; ARCTANDER, P.; MINELLI, A.; THOMAS, R. H.; VOGLER, A. P. A plea for DNA taxonomy. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 18, p. 70–74, 2003.

TAVARES, E. S.; BAKER, A. J. Single mitochondrial gene barcodes reliably identify sister-species in diverse clades of birds. **BMC Evolutionary Biology**, v. 9, n. 8, p. 81, 2008.

TORO, M. A.; CABALLERO, A. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 360, n. 1459, p. 1367–1378, 2005.

TORO, M. A.; FERNANDEZ, J.; CABALLERO, A. Molecular characterization of breeds and its use in conservation. **Livestock Science**, v. 120, p. 179-195, 2009.

TOURE, A.; CLEMENTE, E. J.; ELLIS, P.; MAHADEVAIAH, S. K.; OJARIKRE, O. A.; BALL, P. A.; REYNARD, L.; LOVELAND, K. L.; BURGOYNE, P. S.; AFFARA, N. A. Identification of novel Y chromosome encoded transcripts by testis transcriptome analysis of mice with deletions of the Y chromosome long arm. **Genome Biology**, v. 6, n. 12, R102, 2005.

TOZAKI, T.; KAKOI, H.; MASHIMA, S.; HIROTA, K.; HASEGAWA, T.; ISHIDA, N.; MIURA, N.; CHOI-MIURA, N.; TOMITA, M. Population study and validation for paternity testing for thoroughbred horses by 15 microsatellite loci. **The Journal of Veterinary Medical Science**, v. 63, n. 11, p. 1191-1197, 2001.

UZUN, M.; GUTIERREZ-GIL, B.; ARRANZ, J. J.; SAN PRIMITIVO, F.; SAATCI, M.; KAYA, M.; BAYON, Y. Genetic relationships among Turkish sheep. **Genetics Selection and Evolution**, v. 38, n. 5, p. 513-24, 2006.

VAIMAN, D.; SCHIBLER, L.; BOURGEOIS, F.; OUSTRY, A.; AMIGUES, Y.; CRIBIU, E. P. A genetic linkage map of the male goat genome. **Genetics**, v. 144, n. 1, p. 279-305, 1996.

VALENTINI, A.; POMPANON, F.; TABERLET, P. DNA barcoding for ecologists. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 24, n. 2, p. 110-117, 2009.

VIGNAL, A.; MILAN, D.; SANCRISTOBAL, M.; EGGEN, A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. **Genetics Selection Evolution**, v. 34, p. 275–305, 2002.

VILLAS BÔAS, O.; VILLAS BÔAS, C. A **Marcha para o Oeste**: a epopéia da expedição Rocandor-Xingu. São Paulo: Globo, 1994.

WILDER, J. A.; MOBASHER, Z.; HAMMER, M. F. Genetic evidence for unequal effective population sizes of human females and males. **Molecular Biology and Evolution**, v. 21, p. 2047- 2057, 2004a.

WILDER, J. A.; KINGAN, S. B.; MOBASHER, Z.; PILKINGTON, M. M.; HAMMER, M. F. Global patterns of human mitochondrial DNA and Y chromosome structure are not influenced by higher migration rates of females versus males. **Nature Genetics**, v. 36, p. 1122–1125, 2004b.

WILSON, E. O. The encyclopaedia of life. **Trends Ecology Evolution**, v. 18, p. 77–80, 2003.

WITT, J. D.; THRELOFF, D. L.; HEBERT, P. D. DNA barcoding reveals extraordinary cryptic diversity in an amphipod genus: implications for desert spring conservation. **Molecular Ecology**, v. 15, n. 10, p. 3073-82, 2006.

WU, C. H.; ZHANG, Y. P.; BUNCH, T. D.; WANG, S.; WANG, W. Mitochondrial control region sequence variation within the argali wild sheep (*Ovis ammon*): evolution and conservation relevance. **Mammalia**, v. 67, p. 109–118, 2003.

YU, H. T.; PENG, Y. H. Population differentiation and gene flow revealed by microsatellite DNA markers in the house mouse (*Mus musculus castaneus*) in Taiwan. **Zoological Science**, v. 19, n. 4, p. 475-483, 2002.

ZHIVOTOVSKY, L.; FELDMAN, M. W. Microsatellite variability and genetic distances. **Proceedings of the National Academy of Sciences - USA**, v. 92, p. 11549- 11552, 1995.

Molecular Markers and their Applications on Population Studies of Economically Important Animals Species

Abstract

Recent advances of molecular genetics generated tools for phylogenetic and population studies, enhancing our capability of characterizing the biodiversity of different ecosystems, besides evaluating inter and intra-population genetic variability of wild animals and domestic species. This knowledge is crucial on identifying hot spots for conservation or properly develop sustainable production systems, and also for inbreeding control of endangered local breeds, besides planning long term genetic improvement of economically important species. This paper presents different types of molecular markers, their applications on biodiversity and population studies, as well as, the possibility of utilizing native fauna and local adapted breeds on the development of production systems with lower environmental impacts.

Index terms: molecular marker, mtDNA, Y-chromosome, microsatellites, conservation, inbreeding, wild life, sustainable development, animal genetic resources.