

OTIMIZAÇÃO DA AMPLIFICAÇÃO DE LOCOS MICROSSATÉLITES PARA A ANÁLISE DE VÍNCULO
GENÉTICO EM CÃES

Felipe Oliveira Gouveia (Acadêmico), Mariana Pires de Campos Telles (Orientadora)
Curso de Biologia - Universidade Católica de Goiás
Contato: lipegouveia@hotmail.com

Os cinófilos estimam o parentesco entre indivíduos pelo *pedigree*. Entretanto, tal procedimento pode resultar em estimativas errôneas já que a endogamia em cães raramente é zero em função dos acasalamentos dirigidos. Além disso, há a possibilidade de paternidade múltipla. Este trabalho tem como objetivo estimar a correlação entre o parentesco calculado por marcadores STR ao parentesco estimado a partir do *pedigree* fornecido pelo criador, entre indivíduos de uma família endogâmica de cães da raça *Pit Bull*. Dois reprodutores (P1 e P2) foram acasalados com uma fêmea (M) e foram escolhidos três filhotes (F1, F2 e F3) para a presente investigação. O sangue foi coletado em vacutainer contendo EDTA e utilizado para a extração do DNA. Seis locos STR foram amplificados via reação em cadeia da polimerase (PCR). Com base nos genótipos obtidos foram realizadas análises descritivas da variabilidade genética, tais como o número de alelos, a frequência e o conteúdo de informação polimórfica por loco. Também foi estimada a probabilidade de exclusão (PE) usada nos testes de paternidade convencionais. O conjunto de dados moleculares foi utilizado para a construção de uma matriz de parentesco de acordo com Lynch & Ritland. Com base nos heredogramas, e levando-se em conta a endogamia presente nas diferentes relações, foram construídas, segundo Wright, oito matrizes de parentesco, combinando-se as diferentes possibilidades de paternidade simples e múltipla. A fim de verificar as hipóteses de paternidade simples e múltipla, foram estimadas correlações matriciais (r) comparando, pelo Teste de Mantel, as matrizes de parentesco obtidas por *pedigree* e por dados moleculares, utilizando 1000 permutações aleatórias. Os seis locos apresentaram um total de 17 alelos, variando entre dois e quatro por loco. A heterozigosidade média esperada e observada foi igual a 0,5556 e 0,7500, respectivamente. A probabilidade de identidade combinada foi igual a 0,0065. A probabilidade de exclusão de paternidade para este conjunto de marcadores, usada no teste de paternidade convencional, foi igual a 0,8687. As correlações matriciais significativas ($P < 0,05$) foram 0,4261 (P-1 sendo pai de F3 e P-2, de F1 e F2), 0,4269 (P-1 como único pai), 0,4394 (P-1 sendo pai de F2 e F3 e P-2, de F1) e 0,4986 (P-1 sendo pai de F1 e F3 e P-2, de F2). Embora esses valores sejam próximos, a análise individual dos locos exclui P2 nos três casos de paternidade múltipla, sugerindo que a hipótese mais provável é a de P1 como pai dos três filhotes.

Palavras-chaves: 1)cão, 2)estrutura genética, 3)STR