

IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Análise de parâmetros populacionais a partir do pedigree de ovinos criolos do Pantanal¹

Bruno Crispim do Amaral², Danielly Beraldo dos Santos Silva³, Alexandre Campos Banari³, André Vieira do Nascimento³, Alexéia Barufatti Grisolia⁴, Leonardo de Oliveira Seno⁵

¹Parte do projeto de pesquisa: Estudo de estratégias alternativas para o manejo genético-demográfico de populações cativas no Brasil, financiado pela Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD)

²Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Biologia Geral/Bioprospecção – Universidade Federal da Grande Dourados /Dourados-MS. Bolsista da Capes. E-mail: brunocrispim.bio@gmail.com

³Acadêmicos do curso de Biotecnologia – Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais (FCBA) - UFGD/Dourados-MS.

⁴Professora Adjunta da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais (FCBA) - UFGD/Dourados-MS.

⁵Professor Adjunto da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA) - UFGD/Dourados-MS.

Resumo: Este trabalho teve como objetivo caracterizar a estrutura genética da população de ovinos criolos do Pantanal a partir de informações do pedigree. A estimativa dos parâmetros populacionais é necessária para a gestão e manutenção da diversidade genética desses animais. Essa população local confere atributos importantes para considerá-la como detentora de recursos genéticos para uso futuro. As análises foram baseadas em informações de pedigree do rebanho (355 animais) de ovinos criolos do Pantanal pertencente à UFGD - Dourados, MS. Por meio do software ENDOG, foram estimados parâmetros para o monitoramento da diversidade genética do rebanho. O coeficiente de endogamia médio foi igual a zero e o parentesco médio entre os animais foi de 1,37%. A estimativa do intervalo médio de geração foi de $3,85 \pm 0,75$ anos. Ao considerar as passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha) observaram-se os intervalos de $3,91 \pm 0,70$; $3,84 \pm 0,75$; $3,84 \pm 0,77$ e $3,82 \pm 0,77$ anos, respectivamente. A heterozigosidade esperada foi de 0,98, o tamanho efetivo da população foi de 196 e apenas 42 animais da população base contribuíram efetivamente para a formação das gerações sucessivas. A análise da diversidade genética do rebanho indicou a necessidade de se estabelecer um programa de manejo reprodutivo com a população, pois o rebanho em estudo está na faixa de perigo vulnerável de extinção.

Palavras-chave: características adaptativas, conservação, diversidade genética, recurso genético

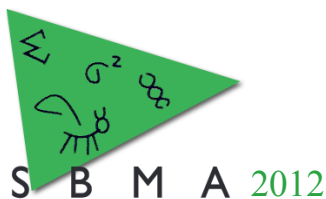
Analysis of population parameters from Pantanal criolos sheep pedigree

Abstract: This study aimed to characterize the genetic structure of Pantanal criolo sheep from the pedigree information. The estimation of population parameters is needed for the management and maintenance of genetic diversity of these animals. This local breed provides important attributes to consider it in possession of genetic resources for future use. We used the pedigree information of the herd (355 animals) of Pantanal criolos sheep belonging to UFGD-Dourados, MS for the analyzes. Through the software ENDOG were estimated parameters for monitoring the genetic diversity of the herd. The average inbreeding coefficient was zero and the average relatedness among animals was 1,37%. The estimate of the average generation interval was $3,85 \pm 0,75$ years. When considering the gametic passages (father-son, father-daughter, mother-son, mother-daughter) were observed in the ranges of $3,91 \pm 0,70$; $3,84 \pm 0,75$; $3,84 \pm 0,77$ and $3,82 \pm 0,77$ years, respectively. The expected heterozygosity was 0,98, the effective population size was 196 and only 42 animals of the base population effectively contributed to the formation of successive generations. Analysis of genetic diversity of the herd indicated the need to establish a breeding program with the population, because the flock being studied is in the range of vulnerable danger of extinction.

Keywords: adaptive traits, conservation, genetic diversity, genetic resource

Introdução

A manutenção da variabilidade genética é o maior objetivo nos programas de conservação e melhoramento genético. A variabilidade genética é um pré-requisito para a população enfrentar mudanças ambientais futuras e garantir resposta, a seleção em longo prazo, para as características de interesse econômico (Ballou & Lacy, 1995; Oldenbroek, 1999; Barker, 2001).



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

Nesse sentido, a partir de padrões de variância genética dentro da população, é possível reduzir o impacto de importantes fatores genéticos sobre a conservação de diversidade genética nos animais domésticos. Os mesmos permitem a observação das raças quanto à perda de variabilidade genética, dentro-população, como consequência da redução do tamanho efetivo da população, que conduz ao aumento da consanguinidade e deriva genética (Kantanen et al., 1999).

As raças ovinas naturalizadas destacam-se pela rusticidade e capacidade de adaptação a regiões de clima tropical e subtropical. Características adaptativas que possibilitem a sobrevivência desses animais a esses locais conferem a essas raças atributos importantes para considerá-las detentoras de recursos genéticos para uso futuro. Alguns desses recursos, como no caso dos ovinos naturalizados do Pantanal, foram descobertos recentemente e para que esses sejam conservados é necessário conhecer e avaliar a estrutura populacional, para que se possa estimar parâmetros que permitam definir planos de gestão, a fim de evitar a consanguinidade. Neste contexto o objetivo do trabalho foi caracterizar a variabilidade genética e quantificar os parâmetros populacionais da população de ovinos naturalizados do Pantanal.

Material e Métodos

Para as análises, foram utilizadas as informações do arquivo de pedigree (animal, pai, mãe, sexo e data de nascimento) do rebanho de ovinos pertencente à Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD). Dos 355 animais, 144 foram considerados fundadores (geração zero e aqueles de genealogia desconhecida) e o restante (211) constituiu a população referência. Os parâmetros populacionais foram obtidos através do software ENDOG.

Estimou-se: a) coeficiente de endogamia (F); b) intervalo médio de gerações das quatro passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha; c) a diversidade gênica esperada; d) o tamanho efetivo da população (N_e); e) o coeficiente de endogamia do indivíduo sobre o número de gerações completas equivalentes (limite real do N_e) e f) a contribuição de fundadores.

Resultados e Discussão

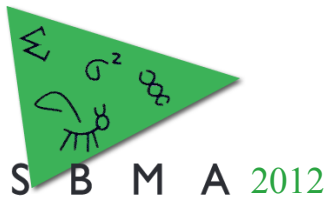
Basicamente, os programas de conservação têm dois focos principais: primeiro, reduzir a endogamia e, conseqüentemente, seus efeitos sobre a adaptação e outras características que podem afetar a população; e segundo, manter elevado os níveis de diversidade genética (Lacy, 1994; Fernández et al., 2001).

O F médio obtido foi igual a zero. Esse resultado era esperado, pois após a formação do rebanho base passaram-se apenas duas gerações, e as estimativas de F obtidas pelo método tabular, podem ser observadas a partir da terceira geração. Os cálculos assumem que os animais fundadores não são endogâmicos nem aparentados. Mas, se os fundadores têm origem em pequenas populações, eles podem ser consanguíneos. Neste sentido, técnicas moleculares podem ser utilizadas para determinar o grau de parentesco entre os fundadores.

O parentesco médio entre os animais foi de 1,37%, observou-se que se os machos fossem acasalados ao acaso resultaria em um F de 1,37%, indicando a necessidade de programa de acasalamento. Em populações fechadas pequenas, como no caso das ovelhas criolas do pantanal, a endogamia é inevitável. Com o tempo, todos os indivíduos tornam-se relacionados. Isso não é o resultado de uma escolha ativa de acasalamentos entre indivíduos relacionados, mas simplesmente uma consequência do pequeno número de fundadores e do pequeno tamanho populacional (Frankham et al., 2008).

A estimativa do intervalo médio de geração foi de $3,85 \pm 0,75$ anos. Ao considerar as passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha) observaram-se os intervalos de $3,91 \pm 0,70$; $3,84 \pm 0,75$; $3,84 \pm 0,77$ e $3,82 \pm 0,77$ anos, respectivamente. Se tratando de um recurso genético, seria interessante que os intervalos de geração fossem maiores para que não houvesse seleção e, conseqüentemente, alterações nas freqüências gênicas e genotípicas da população.

A heterozigosidade esperada foi de 0,98 revelando apenas pequena perda de variabilidade (0,02). Porém, essa diminuição corresponde ao aumento da homozigose e, conseqüentemente, redução da heterozigosidade de alelos na população. Estudos semelhantes indicam que o declínio na porcentagem de heterozigotos (onde se encontra a diversidade gênica) ocorre sobre o tempo em função da redução do N_e . O N_e da população foi de 196 e apenas 42 animais dos 144 considerados como fundadores da população base contribuíram efetivamente para a formação das gerações sucessivas. Deve-se levar em consideração



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

que dentro de uma população, os indivíduos reproduzindo contribuem igualmente com gametas para o 'pool' gênico do qual os zigotos são formados. A sobrevivência dos gametas é ao acaso, de forma que as contribuições dos adultos para a próxima geração não são iguais (Frankham et al., 2008).

É importante ressaltar que quanto mais balanceadas as contribuições esperadas dos fundadores, maior o tamanho efetivo da população e menor a perda em diversidade genética. Com a estimação dos parâmetros populacionais, de acordo com o ponto de vista da genética da conservação e a classificação da IUCN (União Internacional para a Conservação da Natureza), a população de ovinos criolos do Pantanal está na faixa de perigo vulnerável de extinção, indicando que seria necessário o planejamento dos acasalamentos dos indivíduos para a conservação da variabilidade genética.

Conclusões

A análise da diversidade genética dos ovinos criolos do Pantanal indica a necessidade de programa de reprodução com a população. Com a estimativa dos parâmetros é possível criar estratégias para que haja a conservação desses animais, já que o rebanho de ovinos naturalizados do Pantanal está na faixa de perigo vulnerável de extinção.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (FUNDECT), à Pró-Reitoria de Pesquisa da UFGD pelo suporte financeiro. À equipe do Laboratório de Biotecnologia Aplicada à Produção Animal da Faculdade de Ciências Agrárias-UFGD.

Literatura citada

- BALLOU, J. D.; LACY, R. C. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations, p. 76–111 In: BALLOU, J. D.; GILPIN, M; FOOSE, T. J. (Ed) **Population Management for Survival and Recovery. Analytical Methods and Strategies in Small Population Conservation** Columbia University Press, New York. 1995.
- BARKER, J. S. F. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. *Canadian Journal of Forest Research*, 31:588-595. Berg, P. 2003. EVA version 1.4. **Evolutionary algorithm for mate selection**. User's guide. Danish Institute of Agricultural Sciences, Foulum, Denmark. 2001.
- FERNÁNDEZ, J.; TORO, M. A.; CABALLERO, A. Practical implementation of optimal management strategies in conservation programs: a mate selection method. **Animal Biodiversity and Conservation**, v. 24, p. 2-17, 2001.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Fundamentos da genética da conservação**. Ribeirão Preto: Editora SBG, 2008. Tem como saber qts paginas? Nas normas da referencia pedia isso.
- KANTANEN, J.; OLSAKER, L. I.; ADALSTAINSSON, S. et al. Temporal changes in genetic variation of north European cattle breeds. **Animal Genetics**, v.30, n.1, p. 16-28, 1999.
- OLDENBROEK, J. K. **Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources**. Lalystad, The Netherlands: DLO Institute for Animal Sciences and Health. 1999.