

## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

### Parâmetros populacionais de Bubalinos criados no nordeste paraense

Alyne Cristina Sodré Lima<sup>1</sup>, Marco Antonio Paula de Sousa<sup>2</sup>, Lais Costa Brito<sup>4</sup>, Manuella Paula de Mesquita Nunes<sup>3</sup>, Paula Fabriny Maués da Silva<sup>3</sup>, Luciana Celi da Silva Chaves<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Graduação em Zootecnia – UFRA, Belém. Monitora da disciplina de Melhoramento genético animal. email: alyneclima@gmail.com

<sup>2</sup>Graduação em Zootecnia – UFRA, Belém. Bolsista PROEX- UFRA. email: Sousa.map@gmail.com

<sup>3</sup> Graduação em Zootecnia – UFRA, Belém. email: manuella.paula@hotmail.com

<sup>3</sup> Graduação em Zootecnia – UFRA, Belém. email: fabrinymaues@gmail.com

<sup>4</sup>Doutorado em Zootecnia – UFV, Viçosa. e-mail: laiscostabrito@gmail.com

<sup>5</sup>Prof. Dr. da Universidade Federal Rural da Amazônia-UFRA email: luciaracelichaves@yahoo.com.br

**Resumo:** Objetivou-se com esse estudo avaliar a variabilidade genética por meio de parâmetros populacionais de um rebanho bubalino localizado no nordeste paraense. Foram utilizadas informações genealógicas de 381 búfalos nascidos entre 1994 e 2009, sendo 18 machos e 363 fêmeas em sua maioria da raça Murrah. A verificação da variabilidade genética por meio da probabilidade de origem dos genes foi observada por meio dos parâmetros de número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), grau de consanguinidade (F), coeficiente de relação médio (CR) e o índice de conservação genética (ICG), obtidos utilizando o programa ENDOG v4.8. O percentual de ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira e quarta gerações foram 23,62%, 4,2%, 0,26% e 0,00%, respectivamente. O número de fundadores foi de 77, sendo o número efetivo de fundadores de 29, e de antepassados da população de referência de 28. A média de endogamia foi de, aproximadamente, 0% como decorrência da baixa estruturação do *pedigree* e baixa variabilidade genética da população analisada.

**Palavras-chave:** búfalos, endogamia, variabilidade genética

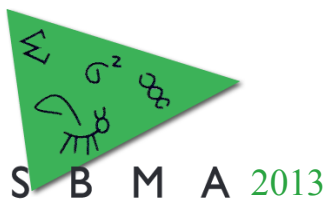
### Parameters population of buffaloes raised in northeastern Pará

**Abstract:** This study aimed to evaluate the genetic variability of a buffalo herd located in northeastern Pará by population parameters. Were used pedigree information of 381 buffaloes from different genetic groups, born from 1994 to 2009, 18 males and 363 females majority of Murrah breed. To verify genetic variability by means of probability of origin of genes was observed the effective number of founders ( $f_e$ ), effective number of ancestors ( $f_a$ ), the degree of inbreeding (F), average correlation coefficient (CR) and index and conservation genetics (ICG), obtained by ENDOG v4.8 software. The percentage of known ancestors in the first, second, third and fourth generations were 23.62%, 0.26%, 4.2% and 0.00%, respectively. The number of founders was 77, the effective number of founders, 29, and ancestors of the reference population of 28. The inbreeding coefficient was 0%, as result of low structuring of pedigree data and low genetic variability of population sample.

**Keywords:** buffalo, inbreeding, genetic variability

### Introdução

Informações de *pedigree* são ferramentas importantes em estudos populacionais e têm como vantagem o baixo custo e a simplicidade de obtenção, quando comparadas ao uso de marcadores moleculares (MALHADO, 2009). A espécie bubalina, ao longo dos anos, tem apresentado desenvolvimento expressivo com aumento de 7,8% em 2011 em relação a 2010, sendo que o Pará concentra 39% do rebanho nacional (IBGE, 2012), o acompanhamento do controle dos acasalamentos dentro das propriedades auxiliam na seleção para as características desejáveis assim como para o controle da endogamia. Segundo Malhado (2009), para que haja viabilidade nos programas de melhoramento genético, é imprescindível conhecer os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e no progresso genético, como por exemplo, tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética. Objetivou-se com esse estudo avaliar a variabilidade genética por meio de parâmetros populacionais de um rebanho bubalino no nordeste paraense.



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

### Material e Métodos

Foram utilizadas informações genealógicas de 381 búfalos nascidos entre 1994 e 2009, sendo 18 machos e 363 fêmeas em sua maioria da raça Murrah (*Bubalus bubalis* L.) ou mestiças com predominância genética Murrah, controladas de novembro de 2008 a julho de 2012, em um rebanho localizado no Nordeste do Pará.

As informações referentes a cada animal consistia de identificação de pai e mãe e sexo (macho 1 e fêmea 2). Para obtenção da variabilidade genética por meio da probabilidade de origem dos genes utilizou-se os parâmetros de número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), o grau de consanguinidade ( $F$ ) e coeficiente de relação médio ( $CR$ ) e o Índice de Conservação Genética ( $ICG$ ). Os parâmetros populacionais referentes à genealogia foram obtidos utilizando o programa computacional ENDOG v4.8 (Gutiérrez e Goyache, 2005), que utiliza o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992).

### Resultados e Discussão

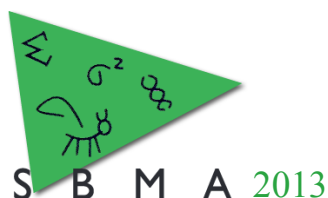
Ao considerar toda a população referência (381 animais), os animais que apresentaram ambos pais conhecidos, correspondem a 81 animais contribuindo com 72 ancestrais. Os 300 restantes, que representam 78,4% dos animais do rebanho, apresentaram um ou ambos pais desconhecidos. O percentual de ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira e quarta gerações foram 23,62%, 4,2%, 0,26% e 0,00%, respectivamente. É importante destacar a grande perda de informações a partir da primeira geração, acrescido ao fato de que 95,8% dos animais não possuem informações referentes aos avós no *pedigree*. Esses resultados são superiores aos descritos por Goyache et al (2010), em estudo com ovelhas Mallorquina que apresentou 59,69% dos animais sem um ou ambos os pais conhecidos e 89,53% não possuíam avós conhecidos. Esses dados refletem o baixo acompanhamento na formação do *pedigree*, sendo que poucos animais possuem informações de genealogia, de uma forma geral, o que dificulta a tomada de decisões no momento de selecionar animais. Falcão et al (2009), concluíram que a utilização de *pedigree* com maior quantidade de animais e com informações referentes à várias gerações resultam na obtenção de estimativas mais acuradas de parâmetros genéticos.

O número de fundadores foi de 77, sendo o número efetivo de fundadores de 29, e de antepassados da população de referência de 28 (Tabela 1). Marcondes (2010), em estudo com búfalos, detectou, aproximadamente, 80 animais fundadores, sendo que 25 deles efetivamente aportaram genes à população e 20 fundadores contribuíram com, aproximadamente, 70% dos genes. O número de animais pertencentes à população referência que explicam 50% da variabilidade total corresponde a 12 animais.

Tabela 1. Parâmetros que caracterizam a concentração da origem de um gene de bubalinos no estado do Pará.

População total	381
Número de animais na população referência	81
Número de animais fundadores na população referência	77
Número efetivo de animais fundadores na população referência	29
Número de animais fundadores com um ou mais pais desconhecidos	300
Número de ancestrais na população referência	72
Número efetivo de ancestrais na população referência	28
Número de animais que explicam 50% da variabilidade	12

O índice de conservação genética ( $ICG$ ) médio foi de 1,26 inferior ao encontrado por Pezzini (2010), de 1,95. Este índice, assim como o coeficiente de relação médio, é uma alternativa de avaliar indiretamente a taxa de endogamia de um rebanho, sendo um parâmetro que pondera informações presentes no *pedigree* de um animal, à exemplo do número efetivo de fundadores. Selecionando-se os reprodutores com maior e menor número de progênies no rebanho, observou-se que os com maior número de progênies foram os que apresentaram o menor  $ICG$ , indicando que os animais com maior  $ICG$  são os menos utilizados na seleção, deixando apenas um descendente (tabela 2). O coeficiente de relação médio foi de 0,52% inferior ao descrito por Pezzini (2010), de 0,91% para bovinos.



## X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Tabela 2. Descrição dos reprodutores de acordo com o número de progênes, valores do índice de conservação genética (ICG) e o coeficiente de relação (CR%)

Maior número de progênes				Menor número de progênes			
Animal	Nº progênes	ICG	CR%	Animal	Nº progênes	ICG	CR%
11	16	1	2,690289	94	1	2,67	1,509186
45	12	1	1,902887	72	1	2	0,918635
65	9	1	1,44357	75	1	2	0,721785
29	7	1	1,246719	77	1	2	0,721785
42	6	1	1,115486	78	1	2	1,771654
62	6	1	1,049869	82	1	2	0,787402
1	4	1	0,984252	83	1	2	1,771654
17	3	1	0,7217848	84	1	2	1,771654
27	3	1	0,7217848	85	1	2	1,049869
51	3	1	0,7217848	89	1	2	0,984252

A média de endogamia calculada foi de, aproximadamente, 0,00%, semelhante à calculada por Marcondes (2010) abaixo de 0,50%. Possivelmente a fraca estruturação do *pedigree* do presente estudo relacionados ao desconhecimento de grande parte dos ascendentes, proporcionou tais valores, haja vista que baixas estimativas de endogamia pode ser resultado de acasalamentos não consanguíneos, assim como o desconhecimento dos acasalamentos.

### Conclusões

A população analisada apresentou baixa estruturação do *pedigree* e baixa variabilidade genética. A estruturação do *pedigree* auxilia na identificação e no direcionamento no momento de selecionar reprodutores visando o maior ganho e conservação genética no rebanho.

### Literatura citada

- FALCÃO, A. J. S.; MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; MAZUCHELI, J. Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância para produção de leite usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Bayesiano. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p.1478-1487, 2009.
- GOYACHE, F; FERNÁNDEZ, I; ESPINOSA, M.A; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ÁLVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, p.3-14, 2010.
- IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Disponível em: <<http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias?view=noticia&id=1&busca=1&idnoticia=2241>>. Acesso em: 20 jun. 2013.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D. M. M. R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordestino. **Pesquisa. agropecuaria brasileira**. v.44, n.7, p.713-718, jul. 2009.
- MARCONDES, C.R.; VOZZI, P.A.; CUNHA, B.R.N.; LÔBO, R.B.; ARAÚJO, C.V.; MARQUES, J.R.F. Variabilidade genética de búfalos em rebanho-núcleo com base na análise de *pedigree*. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.62, n.3, p.706-711, 2010.
- PEZZINI, Tomaz Gelson. **Análise da estrutura genética, da biometria e da viabilidade populacional da raça bovina Crioula Lageana**. 2010. 930. Tese (Doutorado em Ciências animais), Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília.