



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



Análise de *pedigree* aplicada a rebanhos bubalinos do Estado do Pará

Cintia Righetti Marcondes¹, Juliana Flor de Aguiar², José Ribamar Felipe Marques³, Pedro Alejandro Vozzi⁴, Ricardo José Gunski⁵

¹Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos-SP. E-mail: cintia@cppsse.embrapa.br

²Agência Goiana de Defesa Agropecuária, Goiânia/GO. e-mail: julianaflor@gmail.com

³Embrapa Amazônia Oriental, Belém/PA. E-mail: marques@cpatu.embrapa.br

⁴Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Chubut, Argentina. E-mail: avozzi@chubut.inta.gov.ar

⁵Curso de Ciências Biológicas/UNIPAMPA, Campus de São Gabriel/RS. E-mail: rgunski@yahoo.com.br

Resumo: O estudo da variabilidade genética nos rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético de Búfalos do Estado do Pará foi realizado por meio da análise de *pedigree*, a qual estima parâmetros baseados na probabilidade de origem de gene: coeficiente de endogamia, parentesco, intervalo médio de gerações, número efetivo de fundadores (N_f), número efetivo de ancestrais (N_a), intervalo de gerações e número efetivo de genomas remanescentes (N_g). O N_f foi igual a 28,6 animais, o N_a igual a 22,8 animais, o N_g igual a 11,2, a razão N_f/N_a foi 1,25, indicando a diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos e a razão N_g/N_f foi de 0,39. Apesar do intervalo de gerações de 12,5 anos, o número efetivo de gerações foi próximo a cinco. O número total de animais estudados considerados endogâmicos foi 33,4%, sendo o valor médio da endogamia no arquivo total de 3,5%. A adoção de acasalamentos otimizados com controle de parentesco seria uma saída para o controle da endogamia e, conseqüentemente, da perda de variabilidade genética.

Palavras-chave: *Bubalus bubalis*, endogamia, variabilidade genética

Pedigree analysis applied to buffalo herds of the State of Pará, Brazil

Abstract: Pedigree analysis was applied to study the genetic variability in the herds of the Buffalo Breeding Program, State of Pará, Brazil. Parameters were estimated by calculations based on probability of gene origin: the inbreeding coefficient, the kinship coefficient and the mean generation interval, effective number of founders (N_f), effective number of ancestors (N_a), the generation interval and effective number of remaining genomes (N_g). N_f was 28.6 animals, N_a was 22.8 animals, N_g was 11.2, the N_f/N_a rate was 1.25, showing a reduction in the number of reproducers across time, and the N_g/N_f rate was 0.39. Despite the generation interval of 12.5 years, the maximum effective number of generations was five. In the study, the total number of animals considered endogamous was 33.4%, and the general average was 3.5%. Optimized matings, with kinship control, might be a solution to monitor inbreeding and, consequently, the loss of genetic variability.

Keywords: *Bubalus bubalis*, genetic variability, inbreeding, pedigree analysis

Introdução

O conhecimento da variabilidade genética é básico para o entendimento da dinâmica evolutiva das populações. Num programa de melhoramento genético é importante conhecer bem as fontes de variabilidade, com o objetivo de se reunir num só indivíduo características de interesse ao melhorista. A Embrapa Amazônia Oriental desenvolveu trabalhos e pesquisas nas áreas de produção e melhoramento genético dos bubalinos, entre as décadas de 60 e 90, como os estudos de comportamento produtivo desses animais na região e de cruzamento absorvente para a raça Murrah, aprimorando-a e dando-lhe o perfil de produção desejado. Para isso, utilizou-se uma base de fêmeas das raças Mediterrâneo, Jafarabadi e poucos exemplares da raça Murrah, existentes nas estações experimentais de Belém e do Baixo Amazonas, no Estado do Pará. Com isso, a base genética do rebanho está estruturada, principalmente, por animais provenientes do cruzamento absorvente das fêmeas da raça Mediterrâneo ou mestiças com machos da raça Murrah (Marcondes et al., 2010). Este trabalho objetivou estudar os registros genealógicos de animais das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiços provenientes de cinco



rebanhos comerciais do Estado do Pará, além do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental, e estimar parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene e aqueles derivados dos níveis de endogamia.

Material e Métodos

Foram utilizadas informações genealógicas de 1.659 animais diferentes, das raças Mediterrâneo, Murrah e mestiços, com registros de nascimento do período de novembro de 1964 a junho de 2009, pertencentes a cinco rebanhos comerciais do Estado do Pará, além do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental. Para descrever a variabilidade genética, foram utilizados parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, como: número efetivo de fundadores (N_f), número de fundadores (N_{fun}), número efetivo de ancestrais (N_a) e número de genomas remanescentes (N_g), além da razão de N_f/N_a , a qual determina o aumento ou redução do número de reprodutores entre períodos, e a razão de N_g/N_f , a qual representa o indicativo do processo de deriva genética, que quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações. Para determinar a qualidade do arquivo de *pedigree*, foi feito o cálculo de número médio de ancestrais e número equivalente de gerações, segundo Vozzi (2004). O coeficiente de endogamia foi obtido por meio do algoritmo de Vanraden (1992).

Resultados e Discussão

O arquivo de genealogia utilizado no trabalho constou de 1.659 animais diferentes, filhos de 178 pais e 770 mães conhecidos, com média de 2,2 progênie/mãe. A Figura 1 apresenta a distribuição dos animais por década de nascimento.

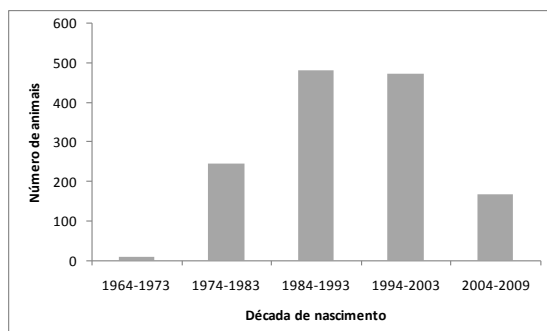


Figura 1 - Número de animais com data de nascimento conhecida, por década, no arquivo genealógico de búfalos do Estado do Pará.

A média geral do intervalo de gerações foi igual a 12,5 anos, valor elevado quando comparado aos encontrados por Malhado et al. (2008) e Marques (2009), 7 e 7,7 anos, respectivamente, o que indica o uso intensivo na reprodução de animais pertencentes às gerações anteriores. Segundo Malhado et al. (2008), uma alternativa para redução desses intervalos, seria a utilização de jovens touros avaliados. A proporção de machos e fêmeas foi de 27,4% e 72,6%, respectivamente. Na Tabela 1 estão sumarizados os resultados da análise de *pedigree*. No arquivo de dados analisado, apenas oito animais, nascidos até 1984, responderam a 50% da contribuição genética do rebanho. Como esperado, a raça Murrah predominou quanto à contribuição marginal e somente três fêmeas tiveram contribuição individual significativa entre os dez principais reprodutores. Em trabalho realizado na Embrapa Amazônia Oriental com as raças Murrah e Mediterrâneo, Marcondes et al. (2010) detectaram que dos 80 fundadores revelados, 25 efetivamente aportaram genes à população e 20 fundadores contribuíram com aproximadamente 70% dos genes. No presente estudo, a razão N_f/N_a foi 1,25, indicando a diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos, e refletindo a ocorrência do “efeito gargalo”. Marques (2009) obteve razão de 1,12, valor próximo ao encontrado no presente estudo. De acordo com Cunha et al. (2006) o decréscimo do tamanho efetivo da população pode estar associado ao aumento do nível de endogamia, principalmente, em razão do uso intensivo de alguns poucos touros melhoradores nos



48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia

O Desenvolvimento da Produção Animal e a Responsabilidade Frente a Novos Desafios

Belém – PA, 18 a 21 de Julho de 2011



rebanhos e do aumento observado da variância do número de progênie por reprodutor em gerações sucessivas.

Tabela 1 - Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Mediterrâneo, Murrah e seus mestiços, nascidos no Estado do Pará.

Parâmetros de variabilidade genética	Valores (animais)
Sexo da população-referência	Fêmea
Número total de indivíduos	1.659
Número de indivíduos sem progênie	716
Tamanho da população-referência (pais conhecidos)	450
Número total de fundadores	233
Número efetivo de fundadores (N_f)	28,6
Número efetivo de ancestrais (N_a)	22,8
Número efetivo de genomas remanescentes (N_g)	11,2
Contribuição marginal (de 5 ancestrais), em %	40,8
Contribuição marginal (de 10 ancestrais), em %	55,0
Números de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	8

A razão N_g/N_f foi de 0,39, menor que o valor observado por Marques (2009) e semelhante aos observados para Nelore por Vozzi (2004), de 0,44, evidenciando grande “efeito gargalo” e a necessidade de identificação e uso de novos reprodutores. Apesar dos animais terem nascido entre 1964 e 2009 e do intervalo de gerações de 12,5 anos, o número efetivo de gerações foi próximo a cinco, o qual é adequado para a análise de *pedigree*. A endogamia máxima encontrada foi de 40,8% e a média da endogamia entre os animais endogâmicos foi igual a 10,4%. Mais da metade dos animais endogâmicos apresentou endogamia entre 0 e 10%, diferentemente do que foi observado por Marques (2009), entre 10 a 15%. O valor médio da endogamia na população estudada foi igual a 3,5%, superior ao relatado por Malhado et al. (2008) de 1,9% de coeficiente médio para a raça Mediterrâneo, por Marques (2009) de 1,85% para a raça Carabao e por Marcondes et al. (2010) de 0,50%.

Conclusões

Os parâmetros populacionais estimados nos rebanhos bubalinos paraenses assemelham-se mais àqueles observados em animais de conservação do que animais domésticos, portanto, em níveis preocupantes. A adoção de acasalamentos otimizados com controle de parentesco seria uma saída para o controle da endogamia e, conseqüentemente, da perda de variabilidade genética.

Literatura citada

- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.58, p.381-387, 2006.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesq. Agropec. Bras.**, v.43, p.215-220, 2008.
- MARCONDES, C.R.; VOZZI, P.A.; CUNHA, B.R.N. et al. Variabilidade genética de búfalos em rebanho-núcleo com base na análise de *pedigree*. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.62, p.706-711, 2010.
- MARQUES, L.C. **Análise de pedigree aplicada a búfalos (*Bubalus bubalis kerebao*) em conservação na Amazônia Oriental**. 2009. 57f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Pará, 2009.
- VANRADEN, P.M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation for larger population. **J. Dairy Sci.**, v.75, p.3136-3144, 1992.
- VOZZI, P.A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. 2004. 77f. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, 2004.