

ESTRUTURA POPULACIONAL DE UMA LINHA PATERNA DE FRANGOS DE CORTE USANDO ANÁLISE DE REGISTROS DE PEDIGREE

POPULATION STRUCTURE OF A PATERNAL BROILER LINE USING PEDIGREE INFORMATION ANALYSIS

Alejandro Barrera Carvajal ⁽¹⁾
Jorge Augusto Petroli Marchesi ⁽¹⁾
Priscila Arrigucci Bernardes ⁽²⁾
Maurício Egídio Cantão ⁽³⁾
Jane de Oliveira Peixoto ⁽³⁾
Elsio Antônio Pereira de Figueiredo ⁽³⁾
Mônica Corrêa Ledur ⁽³⁾
Danísio Prado Munari ⁽⁴⁾

Resumo

Um dos mais importantes parâmetros para o monitoramento em programas de melhoramento é a endogamia. Esta resulta do acasalamento de animais mais aparentados do que a média da população ou da população base da qual não se conhece os ascendentes. Este trabalho teve como objetivo avaliar a estrutura populacional de uma linhagem paterna de frangos de corte. Para isso foram utilizados registros de pedigree de 18 gerações, contendo um total de 2007 indivíduos provenientes de uma linhagem paterna de frangos de corte denominada TT, desenvolvida pelo Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves. Todos os parâmetros populacionais foram calculados com o programa ENDOG v4.8. A média de integridade de pedigree observada nas 18 gerações foi igual a 47,99%. O número máximo de gerações completas, máximas e equivalentes foi igual a 6, 17 e 8,88, respectivamente. O número efetivo de fundadores foi igual a 73 e o número efetivo de ancestrais foi igual a 22, sendo a razão entre ambos igual a 3,39, o que indica efeito de gargalo genético para esta população. O coeficiente de endogamia médio foi de 0,0423 e observou-se aumento do coeficiente de endogamia médio e porcentagem de animais endogâmicos ao longo das gerações. Como conclusão, observa-se que o nível de endogamia médio da população em estudo é ainda baixo e segue tendência contínua de ligeiro aumento da endogamia ao longo das gerações, o que exige providências para aumentar o tamanho efetivo da população.

Palavras-chave: Endogamia. número efetivo de fundadores. aves. tamanho efetivo populacional.

Abstract

One of the most important parameters for monitoring breeding programs is inbreeding, which results from mating animals more closely related than the average population or the base population which the ancestors are unknown. This study aimed to evaluate the population structure of a paternal broiler line called TT, developed by the Embrapa Poultry

¹Mestrando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, Unesp/FCAV, Bolsista CAPES alejandrobarreracarvajal@gmail.com. ²Doutorando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, Unesp/FCAV, Bolsista FAPESP. ³Pesquisador na Embrapa Suínos e Aves, Concórdia-SC. ⁴Livre-Docente no Departamento de Ciências Exatas, Unesp/FCAV.

Breeding Program. For this, pedigree information of 18 generations containing a total of 2007 individuals from the TT line were used. All population parameters were calculated with the ENDOG v4.8 software. The average of pedigree completeness observed in the 18th latest generations was 47.99%. The maximum number of full, maximum and equivalent generations was equal to 6, 17 and 8.88, respectively. The effective number of founders was equal to 73 and the effective number of ancestors was equal to 22. The ratio between both was equal to 3.39, indicating genetic bottleneck effect in this population. The average of inbreeding coefficient was 0.0423 and the average inbreeding coefficient and percentage of inbred animals increased over the generations. In conclusion, it is observed that the average inbreeding level of the TT population is low, and follows a trend of continuing slight increase of inbreeding over generations, which requires providences to increase the effective population size.

Keywords: *Inbreeding. effective number of founders. poultry. effective population size.*

1. Introdução

O Brasil destaca-se na produção avícola desde a década de 90 e vem se tornando um dos maiores produtores e exportadores de frango de corte no mundo (USDA, 2016). Hoje, a carne de frango é uma das proteínas mais populares para o consumo humano, sendo este sucesso devido à avanços nas práticas de manejo, nutrição e seleção genética das linhas puras. Nos últimos 30 anos, o peso vivo de frangos de corte aumentou em 30,2g por ano ao mesmo tempo em que a taxa de conversão alimentar reduziu anualmente por volta de 0,036% (NATIONAL CHICKEN COUNCIL, 2016). A seleção genética conduzida nos programas de melhoramento genético de aves tem contribuído significativamente para estas rápidas melhorias.

Programas de melhoramento genético de linhas puras de frangos de corte são realizados considerando características de interesse econômico que visam o aumento da produtividade e rendimento dos frangos. Um dos fatores mais importantes que precisam ser controlados nas populações sob seleção é o direcionamento dos acasalamentos. Este controle evita o aparecimento de problemas promovidos pelo aumento da endogamia, uma vez que ao tornar as aves mais aparentadas ao longo das gerações, aumenta a suscetibilidade de perda da variabilidade genética na população (FRANKHAM et al., 2002). Taxas elevadas de endogamia em uma população sob seleção podem provocar perda no ganho genético reduzindo o valor fenotípico médio de características reprodutivas ou a eficiência fisiológica do indivíduo, fenômeno este conhecido como depressão endogâmica (FALCONER; MACKAY, 1996).

Devido a estes fatores negativos, é de fundamental importância o monitoramento da endogamia em programas de desenvolvimento de linhagens de aves de corte para poder assegurar que os efeitos da seleção superam os efeitos da depressão endogâmica. Ainda, o conhecimento da estrutura da população por meio de seus parâmetros como o número efetivo de fundadores, número efetivo de ancestrais e tamanho efetivo da população pode fornecer maiores informações para o desenvolvimento e manutenção de programas de seleção genética em pequenas populações. Desta maneira, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a estrutura populacional de uma linhagem paterna de

frangos de corte pela análise de registros de pedigree, tendo em vista fornecer suporte ao programa de melhoramento genético da linha sob seleção.

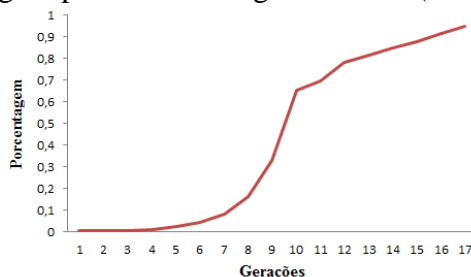
2. Material e Métodos

Para este estudo, foram utilizados dados de pedigree de 18 gerações discretas de uma linha pura paterna de frangos de corte denominada TT, mantida pela Embrapa Suínos e Aves, em Concórdia, SC (VAYEGO et al., 2008). As aves foram submetidas à seleção para características de produção em acasalamentos hierárquicos com restrição de acasalamento entre irmãos completos e meio-irmãos. Além disso, não foram acasalados indivíduos que tivessem o mesmo avô paterno ou materno. Para obtenção dos parâmetros populacionais por meio da análise de registros de pedigree foi utilizado o programa ENDOG v4.8. O arquivo da linhagem de estudo continha 2007 registros de pedigree de aves com a identificação conhecida nascidas de 1991 a 2008.

3. Resultados e Discussão

Na Figura 1 é apresentada a quantidade de informação de pedigree por geração, sendo a geração 1 a mais antiga (1991) e a geração 17 a mais recente (2008). Do total de 2007 registros disponíveis no pedigree, 1322 indivíduos (65,87%) representam a última geração (geração 17), sendo a geração 1 e 2 as que apresentaram menor número de indivíduos conhecidos (ambas 5 animais, ou 0,24%). O aumento de 113 indivíduos na geração 16 para 1312 na geração 17 se deve ao fato de esta última geração ter sido a expansão da linha com o intuito de aumentar o número de aves para realização de estudos genômicos.

FIGURA 1 - Integridade de pedigree ao longo de 18 gerações obtidas pelo cálculo de geração máxima para a linhagem paterna de frangos de corte (Linha TT) estudada.



O número máximo de gerações completas, máximas e equivalentes foi de 6, 17 e 8,88 gerações, respectivamente. As aves da linha em estudo tiveram 189 fundadores, dos quais 126 eram machos (66,66%) e 63 fêmeas (33,33%). A média de contribuição de variância genética dos fundadores foi de 0,005291, com uma variação de 0,000249

(galo) a 0,043583 (galinha), sendo a média de contribuição de variância genética das galinhas 0,004585 e dos galos 0,005644.

O número efetivo de fundadores foi igual a 73 e a endogamia esperada para a população considerando apenas a contribuição desbalanceada dos fundadores, sem a atuação de processos de seleção, foi igual a 0,61%. Já o número efetivo de ancestrais foi igual a 22. A razão entre o número efetivo de fundadores e o de ancestrais foi igual a 3,39, o que indica efeito de gargalo genético para esta população, efeito este que é caracterizado por valores muito baixos de número efetivo de ancestrais comparado ao número efetivo de fundadores.

Ao analisar os parâmetros populacionais relacionados com coeficiente de endogamia na linha pura em estudo, verificou-se que 87,99% das aves eram endogâmicas. O coeficiente médio de endogamia (F) foi de 0,0423, sendo que 20 aves (10 machos e 10 fêmeas) apresentaram o maior coeficiente de endogamia equivalente a 0,098163, as quais eram todas irmãs completas (Tabela 1).

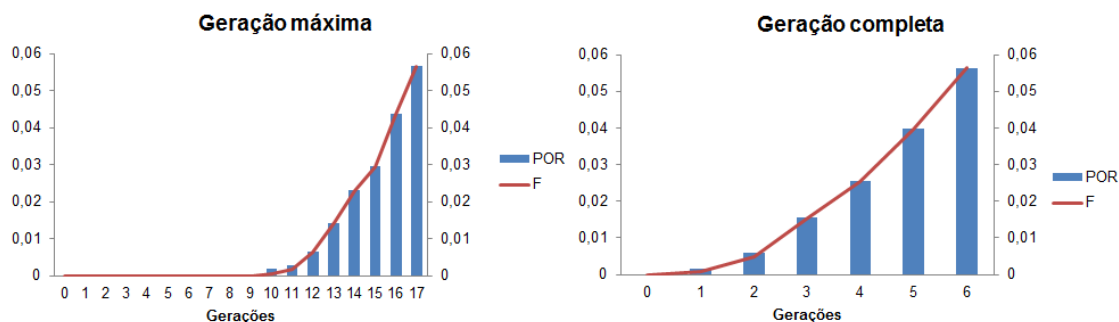
TABELA 1 -Distribuição de indivíduos da linha pura paterna de frangos de corte (Linha TT) de acordo com classes do coeficiente de endogamia (F).

F	Indivíduos
0	241
0 - 0,01	125
0,01 - 0,02	60
0,02 - 0,03	132
0,03 - 0,04	117
0,04 - 0,05	400
0,05 - 0,06	514
0,06 - 0,07	312
0,07 - 0,08	42
0,08 - 0,09	44
0,09 - 0,1	20

Os valores de endogamia médios por geração máxima (todas as gerações) e geração completa (apenas gerações com indivíduos com pai e mãe conhecidos) podem ser observados na Figura 2. A partir da geração 10 até a atual (17), houve tendência de aumento constante de endogamia e porcentagem de indivíduos endogâmicos, que se deve aos acasalamentos entre aves mais aparentadas. Rosa et al. (2013) também observaram nível de endogamia médio baixo, e tendência de pequeno aumento na endogamia ao trabalharem com uma linha pura de aves de postura White Leghorn. A seleção dos indivíduos geneticamente superiores pode aumentar o grau de parentesco na população em decorrência dos acasalamentos entre aves de mesma família. No entanto,

o controle no sistema de acasalamento de aves pode evitar o aumento da endogamia, desde que se mantenha um número mínimo de famílias por geração.

FIGURA 2 - Variação da média do coeficiente de endogamia (F) e porcentagem de indivíduos endogâmicos (POR) por geração de uma linha pura paterna de frangos de corte (Linha TT).



4. Conclusão

O nível de endogamia médio da linha pura em estudo ainda é baixo, no entanto segue tendência contínua de aumento da endogamia ao passar das gerações. O controle no acasalamento entre parentes próximos deve ser mantido e se possível o tamanho efetivo da população deve ser aumentado com a incorporação de novas famílias não relacionadas.

Referências

FALCONER, D. S.; MACKAY, F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Longmans Green: Harlow, 1996.

FRANKHAM, R.; BRISCOE D.A.; BALLOU J.D. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge: Cambridge University Press, 2002.

NATIONAL CHICKEN COUNCIL. 2016. Broiler Performance Statistics. Acesso em: maio de 2016. Disponível em: <http://www.nationalchickencouncil.org/about-theindustry/statistics/u-s-broiler-performance>.

ROSA, J. O.; VARGAS, G.; BERNARDES, P. A.; FIGUEIREDO, E. A. P.; LEDUR, M. C.; MUNARI, D. P. Avaliação da endogamia de uma população de aves de postura White Leghorn. **IN: X SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL**. Uberaba, MG. 2013.

USDA. 2016. United State Department of Agriculture. Poultry Slaughter Annual Summary. Acesso em: maio de 2016. Disponível em: <http://usda.mannlib.cornell.edu/MannUsda/viewDocumentInfo.do?documentID=1497>

VAYEGO, S.A. ; DIONELLO, N.J.L. ; FIGUEIREDO, E. A. P. . Estimativas de parâmetros e tendências genéticas para algumas características de importância econômica em linhagens paternas de frangos de corte sob seleção. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 37, p. 1230-1235, 2008.