



Manejo genético da prolificidade dos núcleos de Melhoramento Genético Participativo da Raça Morada Nova

Thaísa Sant'Anna Lacerda^{1e2}, Danielle Assis de Faria², Olivardo Facó³, Raimundo Nonato Braga Lobo³, Alexandre Rodrigues Caetano⁴, Concepta McManus⁵, Samuel Rezende de Paiva⁴

¹Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal – UnB, Brasília, email: lacerdathaisa@gmail.com

² Pós-doutoranda Laboratório de Genética Vegetal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF. E-mail: danyafp@gmail.com

³ Pesquisadores da Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral – CE. E-mail: faco@cnpc.embrapa.br; e-mail: lobo@cnpc.embrapa.br.

⁴Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF – Brasil, Bolsistas de produtividade do CNPq. e-mail: alexandre.caetano@embrapa.br e samuel@cenargen.embrapa.br

⁵Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 91.540-000, Rio Grande do Sul: email: concpeta.mcmanus@ufrgs.br

Resumo: A crescente demanda pelo uso de raças naturalizadas de ovinos levou a inclusão da raça Morada Nova em um programa inovador de melhoramento genético participativo. Além de apresentar características produtivas desejáveis, esta raça pode representar um importante recurso genético para produção alternativa de baixo custo de carne ovina no Brasil. Assim, 140 ovinos Morada Nova de 21 fazendas diferentes foram caracterizados geneticamente para genótipos relacionados a prolificidade. A frequência do alelo relacionado com a prolificidade ($FecG^E$) foi de 0,74. A frequência genotípica para homozigotos de $FecG^E$ foi de 0,53, enquanto a frequência de heterozigotos observados foi de 0,42. Dos 140 animais, 122 participaram de testes de desempenho individual da raça e 54 foram classificados como Elite ou Superior. Destes, 18 (0,33) foram heterozigotos, 33 (0,6) e 4 (0,07) homozigotos para os alelos $FecG^E$ e $FecG^+$ respectivamente. Estes resultados indicam que a caracterização genética para prolificidade de reprodutores podem colaborar para a seleção de animais juntamente com seu potencial produtivo de forma a otimizar as informações agregadas e poderão ser usados para conectar rebanhos dentro do referido programa de melhoramento.

Palavras-chave: Recursos Genéticos Animais, GDF9, ovinos, teste desempenho.

Introdução

A demanda pela conservação e exploração de raças naturalizadas de ovinos vem crescendo atualmente em razão da demanda por animais mais adaptados às condições de produção, especialmente no Nordeste do Brasil. A Embrapa Caprinos e Ovinos coordena um projeto de pesquisa que esta, em conjunto com a Associação de criadores da raça, construindo um Núcleo de melhoramento genético participativo da Raça Morada Nova. Dentre as várias ações destaca-se a caracterização genética dos rebanhos que participaram de testes de desempenho, para seleção e identificação de animais



superiores. Estes testes consistem em realizar provas zootécnicas dos reprodutores às mesmas condições ambientais, reduzindo os efeitos de ambiente sobre o desempenho destes animais avaliados, e, assim, identificar os indivíduos superiores por meio de suas diferenças genéticas. Estudos de fertilidade em ovinos sugerem que a alta taxa de nascimentos múltiplos é uma estratégia eficiente de aumentar a produção da carne por animal (Rajab et al. 1992).

Estudos recentes, identificaram polimorfismos no exon 2 do gene *GDF9* que mostraram alterações na taxa de ovulação de ovinos para dois alelos: O *FecG^H* (Hanrahan *et al.* 2004) e *FecG^E* (Silva *et al.* 2010). O alelo *FecG^E* (mutação da fenilalanina para cisteína no peptídeo maduro) resultou no aumento na taxa de ovulações de homozigotos (E/E) (Silva *et al.* 2010). Baseado nisso, a genotipagem associada a prolificidade do animal é uma importante característica a ser avaliada em conjunto com os testes de desempenho para a seleção de reprodutores. O objetivo deste trabalho foi avaliar as frequências alélicas e genotípicas de um SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) no gene *GDF9* relacionado à prolificidade nos rebanhos da raça Morada Nova que participaram de testes de desempenho para a seleção de reprodutores dentro deste programa de Melhoramento.

Material e Métodos

Foram analisados rebanhos de ovinos da raça Morada Nova distribuídos em 21 fazendas do estado do Ceará. As provas zootécnicas dos reprodutores foram divididas em 4 testes de desempenho: 1º (2008), 2º (2009/1), 3º (2009/2) e 4º (2010). Cordeiros, com idade entre 4 a 6 meses participaram de avaliações de pesagens, conformação, musculabilidade, precocidade, tipo racial, aprumos, bem como medidas do perímetro escrotal e ultra-sonográficas. O critério de classificação dos animais foi baseado no ganho de peso médio diário, a área de olho de lombo, perímetro escrotal final, a espessura de gordura e o somatório dos escores visuais (EMBRAPA, 2009). A partir do índice final da prova, de sua média e desvio padrão, os animais foram classificados em quatro categorias: Elite; Superior, Regular e Inferior. O DNA de cada animal foi obtido segundo protocolo inorgânico modificado (Miller *et al.*, 1988). A caracterização genética para o alelo *FecG^E* no segundo exon do gene *GDF9* dos animais foi realizada por meio do sequenciamento direto (via sequenciador *ABI 3100*) dos fragmentos mplificados via técnica de PCR pelos iniciadores: 5'-GGAGAAAAGGGACAGAAGC (frente); 5' ACGACAGGTACACTTAGT- (reverse). As sequências foram analisadas e editadas pelo software *SeqScape v2.5*. Frequências alélicas e genotípicas foram calculadas usando o software Excel.

Resultados e Discussão



Um total de 140 ovinos de 21 fazendas de criadores da raça Morada tiveram seus genótipos para prolificidade sequenciados para a detecção do polimorfismo do alelo *FecG^E*. Assim, cálculos de frequência alélica destes animais resultaram no *FecG^E* como o alelo mais frequente (0,74). Foi também o mais frequente em todas as fazendas analisadas. Resultados da frequência deste mesmo SNP para ovinos Santa Inês (Silva *et al.* 2010), reportaram uma frequência menor para este alelo (0,48). Entretanto, foi observado que a frequência genotípica para a homozigose *FecG^E* (0,53) foi maior que a frequência dos heterozigotos que (0,42).

Os testes de desempenho foram feitos em 122 ovinos (dentre os 140 do total) machos de fazendas de criadores da raça, sendo: 28 do primeiro, e 25, 34 e 35 do segundo, terceiro e quarto teste, respectivamente. O alelo mais frequente entre os rebanhos foi o *FecG^E* nos quatro testes realizados (Tabela 1).

Tabela 1. Frequência genotípica e alélica do *FecG^E* em rebanhos de ovinos Morada Nova no município do Ceará (N= 122).

Testes de Desempenho	Genótipos	Frequência Genotípica (N)	Alelos	Frequência Alélica (N)
1º teste desempenho	+/+	0,035 (1)	<i>FecG⁺</i>	0,2 (11)
	+/E	0,33 (9)	<i>FecG^E</i>	0,8 (45)
	E/E	0,64 (18)	-	
2º teste desempenho	+/+	0,08 (2)	<i>FecG⁺</i>	0,32 (16)
	+/E	0,48 (12)	<i>FecG^E</i>	0,68 (34)
	E/E	0,44 (11)	-	
3º teste desempenho	+/+	0,03 (1)	<i>FecG⁺</i>	0,23 (16)
	+/E	0,42 (14)	<i>FecG^E</i>	0,77 (52)
	E/E	0,56 (19)	-	
4º teste desempenho	+/+	0,06 (2)	<i>FecG⁺</i>	0,23 (16)
	+/E	0,34 (12)	<i>FecG^E</i>	0,77 (54)
	E/E	0,6 (21)	-	
Total	+/+	0,05 (6)	<i>FecG⁺</i>	0,25 (59)
	+/E	0,39 (47)	<i>FecG^E</i>	0,75 (185)
	E/E	0,56 (69)	-	

A frequência de heterozigotos (0,39) e homozigotos *FecG^E* (0,56) não tiveram muita diferença no total de animais dos testes. Portanto, animais do 1º e 4º teste apresentaram maior frequência para os homozigotos *FecG^E* (0,64 e 0,6 respectivamente) (Tabela 1). O ranqueamento destes animais foi obtido a partir de provas zootécnicas realizadas em cada teste de desempenho de forma que foram 55 animais classificados como Elite ou Superior, representados por onze, doze, 16 e 16 animais do 1º, 2º, 3º e 4º teste respectivamente. Destes animais, 33 (f= 0,6) foram homozigotos para o alelo *FecG^E*, 18 (0,33) foram heterozigotos e apenas 4 (0,07) homozigotos para o alelo *FecG⁺*. A frequência alélica foi de 0,76 para o alelo *FecG^E* e 0,24 para o alelo *FecG⁺*.



Estes resultados indicam que reprodutores Elite/Superior são representados por genótipos relacionados com o aumento da prolificidade em ovinos, assim como a raça Morada Nova apresenta o alelo *FecG^E* em alta frequência em seus rebanhos. A seleção destes genótipos podem contribuir para um aumento na prolificidade das próximas gerações, já que a frequência genotípica do homozigoto *FecG^E* (0,66) é mais alta. Apesar da preferência por reprodutores com genótipos homozigotos *FecG^E*, a frequência de heterozigotos observados contribui para a diversidade genética deste gene relacionada à prolificidade e pode oferecer mais flexibilidade aos produtores em seus programas de seleção.

Conclusões

Ovinos do programa de melhoramento participativo da raça Morada Nova apresentam alta frequência de um alelo relacionado a prolificidade. A incorporação deste teste genético dentro das futuras avaliações genéticas deste programa de melhoramento será extremamente estratégico e visará tanto potencializar o uso da raça bem como expandir o programa de melhoramento.

Referências Bibliográficas

- EMBRAPA CAPRINOS E OVINOS. **Teste de Desempenho Individual de Reprodutores da Raça Morada Nova: Resultados da Prova em Morada Nova - CE – 18/02 a 04/06/2008**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2009. 30p. (Embrapa Caprinos. Documentos, 91). Acesso em: abril de 2012.
- HANRAHAN, J.P.; GREGAN, S.M.; MULSANT, P. et al., Mutations in the genes for oocyte-derived growth factors GDF9 and BMP15 are associated with both increased ovulation rate and sterility in Cambridge and Belclare sheep (*Ovis aries*). **Biology of Reproduction**, v.70, p. 900–9, 2004.
- MILLER, S.A.; DYKES, D.D.; POLESKY, H.F. A Simple Salting out Procedure for Extracting DNA from Human Nucleated Cells. **Nucleic Acids Research**, v.16.3, p. 1215, 1988
- RAJAB, M.H.; CARTWRIGHT, T.C.; DAHM, P.F.; FIGUEIREDO, E.A. Performance of three tropical hair sheep breeds. **Journal of Animal Science**, v. 70, p. 3351–9, 1992.
- SILVA, B.D.M.; CASTRO, E. A.; Souza, C. J. H.; Paiva, S. R.; Sartori, R.; Franco, M. M.; Azevedo, H. C. A new polymorphism in the Growth and Differentiation Factor 9 (GDF9) gene is associated with increased ovulation rate and prolificacy in homozygous sheep. **Animal Genetics**, p. 1-4, 2010