

PROCEEDING



VII Simposio de Recursos Genéticos
para América Latina y el Caribe

Pucón, Chile

28-30 Octubre
2009

PARÂMETROS POPULACIONAIS DE BÚFALOS DA RAÇA CARABAO (*BUBALUS BUBALIS KEREBAO*) EM CONSERVAÇÃO NA AMAZÔNIA ORIENTAL

Larissa Coelho MARQUES¹, Cíntia Righetti MARCONDES², José Ribamar Felipe MARQUES², Pedro Alejandro VOZZI³, Juliana Flor de AGUIAR⁴ e Raimundo Nonato Colares CAMARGO JR.⁵

Universidade Federal do Pará, Embrapa Amazônia Oriental, Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores, Curso de Pós-Graduação em Ciência Animal, bolsista CAPES, Universidade Federal Rural da Amazônia.

¹laracoel@gmail.com, ²cimarcon@cpatu.embrapa.br, marques@cpatu.embrapa.br, ³avozzi@hotmail.com, ⁴julianafior@gmail.com, ⁵camargojunior@gmail.com

RESUMO

Parâmetros populacionais de búfalos da raça Carabao (*Bubalus bubalis kerebao*) em conservação na Amazônia Oriental, com 445 informações de parentesco (1976 a 2008) apresentou valores para média de filhos/mãe de 2,7; número de fundadores de 32 animais, número efetivo de fundadores de 5,3 indivíduos; número efetivo de ancestrais de 4,73 animais; número efetivo de genomas remanescentes de 3,79 indivíduos, indicaram provável efeito gargalo. Onde 11 animais respondem por 84% da contribuição genética do rebanho, sendo um reprodutor responsável por 42% desse total. Animais endogâmicos, coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos foram 69, 1,85% e 11,95%, respectivamente. Os resultados mostram elevada perda de variabilidade genética da população, sendo necessária alternativas que a diminuam, evitando a extinção do Carabao no Brasil.

INTRODUÇÃO

A variabilidade genética é o recurso mais importante da evolução de qualquer espécie. O seu estudo pode ser feito através da determinação do coeficiente médio de endogamia (F) e tamanho efetivo da população (N_e) ou pela análise de pedigree por meio da probabilidade de origem do gene (BOICHARD et al., 1997). Em populações, a variação genética geralmente é avaliada por meio da taxa de endogamia, tendo este parâmetro alta sensibilidade à qualidade do pedigree, bem como sua aplicação em rebanhos que não estejam fechados (GOYACHE et al., 2003). As probabilidades de origem do gene, previamente utilizadas em populações selvagens têm sido aplicadas para avaliar a variação genética nos animais domésticos, detectando alterações significativas antes do aumento da endogamia (VILLASMIL-ONTIVEROS et al., 2008). O trabalho teve por objetivo realizar a análise genética de búfalos da raça Carabao em conservação, provenientes dos rebanhos do Campo Experimental do Baixo Amazonas (Monte Alegre-PA) e do Banco de Germoplasma Animal do Marajó (Salvaterra-PA).

MATERIAL E MÉTODO

O arquivo de dados genealógicos do rebanho de búfalos Carabao em conservação, provenientes das fazendas do Campo Experimental do Baixo Amazonas (Monte Alegre-PA) e do Banco de Germoplasma Animal do Marajó (Salvaterra-PA), contou com 445 registros de nascimentos de 215

machos e 230 fêmeas (nascimentos entre maio de 1976 e setembro de 2008). Foi formatado em planilhas do software EXCEL, presente no pacote Office 2007. Os parâmetros baseados na probabilidade de origem de gene, o coeficiente de endogamia, parentesco e o intervalo médio entre gerações foram calculados pelo software PEDIG@ (BOICHARD, 2003).

RESULTADO E DISCUSSÃO

Os resultados de probabilidade de origem do gene (Tabela 1) mostram valores alarmantes para NF, Na e Ng, indicando que o rebanho Carabao foi formado a partir de uma estreita base genética. A perda de variabilidade, com o passar dos anos, sofreu incrementos, aumentando o risco do desaparecimento da raça no Brasil. Semelhante aos trabalhos de Goyache et al. (2003), com ovinos, e de Villasmil-Ontiveros et al. (2008) com bovinos, ambos rebanhos em conservação. A razão Ng/N_{fun} igual a 0,66 foi maior do que a descrita para as raças de bovinos Nelore (VOZZI et al., 2004), Guzerá e Sindi (FARIA et al., 2004a,b), respectivamente iguais a 0,44; 0,39 e 0,43, demonstrando uma maior perda de alelos, claramente identificada quando apenas um indivíduo respondeu por 42% da variabilidade genética da população.

Nascimentos registrados de outubro de 2003 a setembro de 2008 ($n=148$) foram produtos de 82 fêmeas com dois machos, sendo esses reprodutores meio-irmãos. Situação similar a estudada por Nomura et al. (2001) no gado japonês, no qual 43% da população descendia de cinco indivíduos. O número de animais endogâmicos foi 69, e os coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos por geração foram 1,85% e 11,95%, respectivamente. O coeficiente de endogamia da população foi próximo ao descrito por Malhado et al. (2008), de 1,9% em búfalos da raça Mediterrâneo no Brasil, porém o F entre endogâmicos ficou bem mais elevado do que aquele encontrado por Costa et al. (2005), em equinos Mangalarga Machador (igual a 7,2%). Contudo, torna-se indispensável adotar novas estratégias de acasalamento, buscar possíveis reprodutores com cariótipo igual a $2n=48$ para introdução no rebanho, medidas de controle e de gerenciamento dos recursos genéticos, que possibilitem a diminuição da perda de variabilidade genética e incremento do tamanho efetivo da população e, assim, tirar o Carabao do risco de extinção no Brasil.

Tabela 1: Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Carabao.

Parâmetros de variabilidade genética avaliados	Valores (animais)
Número total de indivíduos	445
Número de indivíduos sem progênie	309
Número total de fundadores	32
Número efetivo de fundadores (N_{fu})	5,3
Número efetivo de ancestrais (N_a)	4,73
Número efetivo de genomas remanescentes (N_g)	3,49
Contribuição marginal (de 1 ancestral), em %	41,91
Contribuição marginal (de 10 ancestrais), em %	82,26
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	2

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VARRIER, E. (1997) The value of using probabilities of gene origin to measure genetics variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29. 5-23.
- BOICHARD, D. (2003) *Pedig*: a Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. Disponível em: http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/rubrique.php3?id_rubrique=5. Acesso em: 08/09/2009.
- COSTA, M.D.; BERGMANN, J.A.G.; RESENDE, A.S.C. et al. (2005) Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v.57, n.1, p.112-119.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. (2004a) Variabilidade genética da raça Guzerá. In: Simposio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5. Pirassununga- SP. *Anais...* SBMA: Pirassununga (CD-ROM).
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F. E. et al. (2004b) Estrutura genética da raça Sindí no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, v.33, n.4, p.852-857.
- GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNANDEZ, I. et al. (2003) Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120.
- VILLASMIL-ONTIVEROS, Y. ARANGUREN-MÉNDEZ, J.; ROMÁN, R. et al. (2008) Análisis de Pedigrí en Criollo Limonero. *Rev. Cien. FCV-LUZ*, v.18, n.3, 284 - 290, 2008.
- NOMURA, T.; HONDA, T.; MUKAI, F. (2001) Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. *J. Anim. Sci.* n. 79 p. 366-370.
- VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.F. et al. (2004) Estrutura de linhagens e variabilidade genética na raça Nelore. In: Simposio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5. Pirassununga- SP. *Anais...* SBMA: Pirassununga (CD-ROM).