



Diversidade genética entre populações caprinas com base em caracteres morfológicos¹

Luanna Chácara Pires², Théa Mírian Medeiros Machado³, Adriana Mello de Araújo⁴, Ricardo Frederico Euclides³, Robledo de Almeida Torres³

¹Parte da dissertação de mestrado da primeira autora, financiada pela CAPES, Banco do Nordeste e Embrapa Meio-Norte.

²Doutoranda do Programa de Pós-graduação em Zootecnia da UFV/Viçosa. Bolsista da CAPES. e-mail: luanna.pires@ufv.br

³Professores do Departamento de Zootecnia da UFV e Pesquisadores do INCT-CA: thea@ufv.br, rbaja@ufv.br, rtorres@ufv.br

⁴Pesquisadora da Embrapa Meio Norte, Teresina, PI. e-mail: adriana@cpamm.embrapa.br

^{*}Apoio: FAPEMIG.

Resumo: Objetivou-se avaliar as relações fenéticas existentes entre 21 diferentes populações caprinas no Brasil, África, Europa continental e ilhas mediterrâneas (n=3499) a partir das análises de caracteres morfológicos de herança genética conhecida, através da construção do dendrograma. Foram utilizadas frequências alélicas em cada população para a presença ou ausência dos caracteres orelhas reduzidas, chifres, pêlos longos, brincos, barba, pelagem ruão, eumelanina marrom e padrão pigmentar eumelânico. No dendrograma observou-se a divisão de quatro ramos. Dois deles constituíram grandes grupos (83% de *bootstrap*), Destes, o primeiro foi composto pelas raças européias leiteiras, ecótipos do Piauí (exceto Nambi que ficou excluído de ambos os ramos) e pela raça Boer. O segundo ramo foi formado pelas cabras SRD do Ceará e Piauí, pelos tipos locais marroquinos e pelas populações mediterrâneas (a exceção de Sardenha e Malta também à parte dos grandes ramos). As técnicas multivariadas utilizadas foram úteis na observação do grau de relacionamento entre as populações. Os caracteres morfológicos permitiram agrupar as populações mais por suas semelhanças fenotípicas.

Palavras-chave: dendrograma, distância genética, frequências alélicas, traços fenotípicos.

Genetic diversity among populations goats based on morphological characters

Abstract: The objective was to analyze the phenetic relations among goats from 21 different populations in Brazil, Africa, Europe and Mediterranean islands (n = 3499) from analysis of morphological characters of genetic inheritance known, through the construction of the dendrogram. We used allele frequencies in each population for the presence or absence of characters reduced ears, horns, long hair, earrings, beard, roan coat, brown eumelanic and eumelanic standard pigmentation. In the dendrogram was observed in the division of four classes. Two of them were large groups (83% of *bootstrap*). Of these, the first was composed of the European dairy breeds, ecotype of Piauí (Nambi except that it was excluded from both arms) and the Boer breed. The second branch was formed by SRD goats of Ceará and Piauí, the Moroccan local types and Mediterranean populations (the exception of Sardinia and Malta also the major branches). The multivariate techniques were useful in observing the degree of relationship among populations. The morphological characters have grouped the populations by their phenotypic similarities.

Keywords: allelic frequencies, dendrogram, genetic distance, phenotypic traits

Introdução

Os primeiros caprinos foram introduzidos no Brasil pelos colonizadores portugueses. Hoje é difícil identificar com exatidão a origem dos animais domésticos brasileiros, bem como se desconhece toda a extensão de sua diversidade (Machado *et al.*, 2000).

Os marcadores morfológicos são aqueles que expressam os genes para presença ou ausência de traços corporais e apresentam como vantagens sua praticidade e baixo custo na coleta e processamento da informação. Eles contribuíram para o estabelecimento das primeiras frequências gênicas e para os primeiros estudos de diversidade e relações entre populações (Machado, 2003). As informações fornecidas pelos caracteres morfológicos podem ser de grande ajuda para complementar os estudos realizados nas diversas populações caprinas, graças aos avanços das técnicas estatísticas de análise multivariada, assim como a aplicação dos métodos de taxonomia numérica. Como os caracteres morfológicos utilizados como marcadores são autossômicos e, geralmente, de herança simples, calcula-se as frequências alélicas com base no teorema de equilíbrio gênico de Hardy-Weinberg (Lauvergne, 1988; Machado *et al.*, 2000).

Os caracteres morfológicos de animais domésticos têm sido submetidos à seleção artificial durante um longo período de tempo e tem havido migração genética entre algumas destas populações. Os dendrogramas construídos com propósitos de estudo de diversidade são árvores sem raiz, isto é, sem uma suposta população ancestral. Considera-se que os caracteres em comum entre populações podem se originar tanto de um ancestral comum (homologia) a elas quanto ao acaso (homoplasia). Neste caso, estuda-se relações fenéticas e não relações filogenéticas entre populações.

O objetivo neste trabalho foi avaliar as relações fenéticas existentes entre diferentes populações caprinas a partir das análises de caracteres morfológicos de herança genética conhecida, por meio de análise multivariada e representação em dendrograma.

Material e Métodos

Analisou-se dados de 21 diferentes populações (n=3499) caprinas, acima de dois anos de idade, no Brasil, África, Europa continental e ilhas mediterrâneas. No Brasil foram amostradas cabras Sem Raça Definida ou SRD do Ceará (n=447), SRD do Piauí (n=54), ecótipos do Piauí (Azul, n=48; Canindé, n=28; Marota, n=32 e Nambi, n=29), européias leiteiras (Alpina, n=133; Saanen, n=134 e Toggenbourg, n=60) e raças sintéticas euro-afro-asiáticas (Anglo-nubiana, n=83 e Boer, n=58). Na África foram amostradas cabras marroquinas (Drâa, n=102; Zagora, n=34 e Rhâali, n=189). Na Europa continental foram amostradas cabras dos Bálcãs (Macedônia na Grécia e Sakhar na Bulgária, n=175), do sul da Itália (Calábria e Basilicato, n=429) e da França (Haute Roya, n=62). Das ilhas mediterrâneas, incluiu-se cabras da Córsega (n=104), Sicília (n=813), Sardenha (n=145) e Malta (n=445).

Para a caracterização fenotípica foram observadas a presença e ausência de características qualitativas de origem morfológicas (pêlo curto, orelha curta, presença ou ausência de chifres, barba, brinco, cor ruão, eumelanina marrom e do padrão pigmentar eumelânico), assim foram analisados oito *loci* de marcadores morfológicos: *ear length* (EL), *horneless* (Ho), *wattles* (Wa), *hair length* (HL), *beard* (Br), *roan* (Rn), *brown* (B), *agouti* (A).

As frequências gênicas foram determinadas a partir das frequências genotípicas supondo-se que a população estava em equilíbrio de Hardy-Weinberg. As distâncias genéticas de Nei (Nei, 1972) entre as populações foram geradas a partir de dados de frequências alélicas e foram utilizadas para a construção de “árvores” como fenogramas, projetados pelo método não ponderado por médias aritméticas (UPGMA). Para testar a confiabilidade dos fenogramas foram geradas 1000 matrizes das frequências alélicas, e posteriormente 1000 matrizes de distâncias. Das 1000 árvores criadas a partir das matrizes foi gerada uma árvore de consenso obtida pelo método do consenso da maioria (árvore consensual do critério da maioria). As análises foram realizadas por meio do software PHYLIP v. 3.68 (Felsenstein, 2008).

Resultados e Discussão

Na árvore consensual (Figura 1), o número de vezes em que os ramos apareceram na mesma posição em 1000 árvores, tomadas ao acaso, é expresso em termos percentuais. Houve formação de quatro grupos distintos. Um deles é constituído pelo grupo Nambi, outro por Sardenha e Malta. Para as demais populações houve divisão de dois grandes grupos com acurácia de 83%. O primeiro deles composto pelas raças leiteiras Toggenbourg, Saanen, Alpina; pelas cabras naturalizadas Marota, Azul e Canindé e, pela raça sul-africana Boer. O segundo ramo foi formado pelas SRD do Ceará e Piauí, pelos três tipos locais marroquinos e pelas populações mediterrâneas (a exceção de Sardenha e Malta).

Sardenha e Malta se excluíram das demais devido à presença predominante da característica mocho. O tipo Nambi se isolou por apresentar orelhas reduzidas. Em outras palavras, a grande diferença em relação às demais populações daquelas de Sardenha e Malta no lóco ‘Ho’ e do tipo Nambi no lóco ‘EL’ contribuíram para isolá-las das demais. Na separação dos dois grandes ramos as frequências no lócos ‘Rn’ e ‘A’ foram as que mais contribuíram.

As populações Saanen e Marota uniram-se com bootstrap alto (88%) devido terem em comum as frequências dos alelos nos lócos ‘Rn’, ‘A’ e ‘B’. Esta similaridade pode ser ao acaso, mas o cruzamento de Saanen com Marota já foi documentado (Machado & Machado, 2000).

Uniram-se também, em 77% das árvores geradas, as populações Boer e Azul por terem frequências similares para os alelos dos lócos ‘Wa’, ‘Ho’, ‘Br’, ‘HL’, ‘Rn’ e ‘A’. A cabra Azul se caracteriza pela presença do alelo que proporciona a pelagem ruão, enquanto a raça Boer possui coloração branca devido à diluição da pigmentação dos pelos proporcionada pelo mesmo alelo. Uniram-se, em 70% das árvores, Saanen, Marota, Boer e Azul. Elas têm basicamente em comum a coloração branca, proporcionada pela alta frequência do alelo ruão. Com isto, a leitura do lóco ‘A’ se torna nula para elas.

Por último, em 59% das árvores, uniram-se as SRD do Ceará e Piauí, as cabras marroquinas Zagora e Rhâali, a Anglo-nubiana e a francesa de Haute Roya. Elas apresentam similaridade nas

frequências dos alelos no lócos 'EL', 'Wa' (à exceção de Haute Roya) e 'B' (à exceção de Anglo-nubiana).

À estes agrupamentos de populações as mais similares não se pode atribuir relações de parentesco devido à falta de história em comum entre maior parte delas. Atribui-se, então, tal similaridade (aparecimento de alelos comuns entre elas) à homoplasia, isto é, não relacionada a um ancestral em comum, mas ao acaso.

Para obtenção de maior confiabilidade nas relações entre populações, sugere-se, em estudos futuros, aumentar o número de caracteres examinados, tais como os lócos *Spotting e Frosting*. Pode-se, ainda, incluir caracteres de modo de herança desconhecida, como coloração da pelagem e tipo de cornos, seguida da análise binária para presença/ausência dos caracteres ao invés de frequências alélicas. Um estudo metodológico comparativo entre tais metodologias seria pertinente para este conjunto de dados.

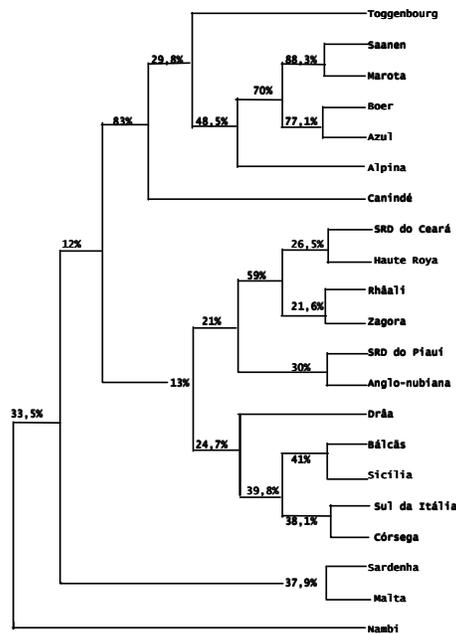


Figura 1 Árvore consensual projetada com base em oito loci de marcadores morfológicos e no método UPGMA com 21 populações caprinas. Os números nos nós são as porcentagens de 1000 repetições (*bootstraps*)

Conclusões

Os caracteres morfológicos permitiram agrupar as populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos. Preconiza-se a inclusão de um maior número de caracteres e de outras técnicas de análise dos dados, tendo em vista a facilidade de emprego dos marcadores fenotípicos.

Literatura citada

- FELSENSTEIN, J. P. **Phylogeny Inference Package**. Seattle: University of Washington, version 3.68, 2008.
- LAUVERGNE, J.J. **Populations traditionnelles et premières races standardisées d'Ovicaprinæ dans le Bassin Méditerranéen**. Paris: INRA, 1988. 298p. (Colloques de l'INRA, 47).
- MACHADO, T.M.M.; MACHADO, M.M.M. The geographic localization of Brazilian attempts to form synthetic goat breeds. In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., Brasília, 2000. **Proceedings...** Brasília: EMBRAPA and RBI Brazil, 2000. CDROM.
- MACHADO, T.M.M.; CHAKIR, M.; LAUVERGNE, J.J. Genetic distances and taxonomic trees between goats of Ceará state (Brazil) and goats of the Mediterranean region (Europe and Africa). **Genetics and Molecular Biology**, v.23, n.1, p.121-125, 2000.
- MACHADO, T.M.M. Marcadores genéticos na conservação e no melhoramento de caprinos. In: CONGRESSO PERNAMBUCANO DE MEDICINA VETERINÁRIA, 5 ; SEMINÁRIO NORDESTINO DE CAPRINOOCULTURA, 6. Recife, 2003. **Anais...** Recife: SPEMVE, 2003. 417p. p.226-231.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **The American Naturalist**, v. 106, p.283-292, 1972.