



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



Diversidade genética de ovinos Morada Nova no estado do Ceará, Brasil¹

Regina Cely Benício da Silva², Edgard Cavalcanti Pimenta Filho³, Maria Norma Ribeiro⁴, Elizabete Cristina da Silva⁵, Olivardo Facó⁶, Samuel Rezende Paiva⁷

¹Parte da tese de doutorado do primeiro autor

²Doutoranda do Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia – PDIZ/UFPB/Areia, PB. Bolsista do CNPq. e-mail: reginaufpe@hotmail.com

³Setor de Zootecnia – PDIZ/UFPB/Areia, PB. e-mail: edgardpimenta@hotmail.com

⁴Setor de Zootecnia – UFRPE/Recife, PE. e-mail: mn.ribeiro@uol.com.br

⁵Doutoranda do Curso de Ciências Animais da UnB/Brasília, DF. e-mail: bete_zootec@hotmail.com

⁶Pesquisador da Embrapa Caprinos e Ovinos/Sobral, CE. e-mail: faco@cnpc.embrapa.br

⁷Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia/Brasília, DF. Bolsista de Produtividade CNPq. e-mail: samuel@cenargen.embrapa.br

Resumo: O objetivo deste trabalho foi determinar a diversidade genética de treze populações da raça Morada Nova no estado do Ceará (N=183), utilizando 17 locos de microssatélites. A heterozigosidade média observada foi de 0,52 e o conteúdo de informação polimórfica de 0,47. A endogamia média obtida (F_{IS}) foi de 0,014 e o índice de fixação entre populações (F_{ST}) foi de 0,064 ($p < 0,00001$). Os resultados obtidos sugerem que a raça Morada Nova no estado do Ceará apresenta um coeficiente de endogamia relativamente baixo e que a diversidade genética existente pode estar subestruturada. Tais resultados fornecerão subsídios para os atuais programas de Melhoramento e Conservação em execução no Estado do Ceará.

Palavras-chave: conservação genética, microssatélites, recursos genéticos animais, *Ovis aries*

Genetic diversity of Morada Nova sheep in Ceará - Brazil

Abstract: The objective of this work was to determine the genetic diversity of thirteen populations of Morada Nova in Ceará (N=183), using 17 microsatellite loci. The observed mean heterozygosity was 0.52 and the polymorphic information content was 0.47. The mean inbreeding (F_{IS}) was 0.014 and the fixation index between populations (F_{ST}) was 0.064 ($p < 0.00001$). The results suggest that Morada Nova in Ceará State has a relatively low inbreeding and there is evidence for genetic structure from the analyzed populations. These results will provide subsidy for current programs of Breeding and Conservation in Ceará State.

Keywords: conservation genetics, microsatellites, animal genetic resources

Introdução

A raça Morada Nova é uma das principais raças nativas de ovinos deslanados do Nordeste do Brasil. Porém, são poucos os trabalhos genéticos realizados com essa raça, conseqüentemente existem poucas informações sobre a sua diversidade genética (Paiva, 2005).

O estudo da diversidade genética é importante para quantificar a variabilidade dos animais, auxiliando tanto os programas de conservação quanto de melhoramento animal (Paiva, 2005). Dentre os marcadores moleculares destacam-se os microssatélites que são úteis e valiosos para o estudo de populações, uma vez que as informações geradas permitem estudar com maior exatidão a caracterização genética e molecular de populações e/ou raças (Aranguren-Méndez et al., 2005).

O objetivo deste trabalho foi quantificar a diversidade genética de treze populações da raça Morada Nova no estado do Ceará, utilizando 17 marcadores de microssatélites para fornecer subsídios aos programas de Melhoramento e Conservação existentes.

Material e Métodos



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



Foram coletadas amostras de pêlos de ovinos Morada Nova de treze populações no estado do Ceará, totalizando 183 animais. O DNA foi extraído de 30 a 50 pêlos selecionados por animal, segundo a metodologia de Boyce et al. (1989), com algumas adaptações. Foram analisados 17 microssatélites (SRCRSP9, OarJMP29, OarFCB193, MAF70, OarAE129, BM8125, SRCRSP5, BM1824, OarCP34, SRCRSP1, OarFCB128, OarJMP58, HUI616, MCM527, ILSTS11, ILSTS28 e MAF214) recomendados pela FAO (*Food and Agriculture Organization*)/ISAG (*International Society of Animal Genetics*) para o estudo de diversidade genética em ovinos. Os microssatélites foram amplificados pela técnica de PCR-*multiplex* utilizando de 0,1 a 0,4 μ M de *primers* marcados com diferentes fluorescências (6' FAM, HEX e NED) a partir do kit *Qiagen Master Mix*, segundo as especificações do fabricante. Para cada reação *multiplex* foram usados 4,5 ng de DNA. Os produtos da PCR foram submetidos a eletroforese capilar em seqüenciador automático modelo ABI Prism 3730 (*Applied Biosystems*) e os resultados das análises de fragmentos e a declaração alélica foram realizados mediante o *Software GeneMapper v. 4.1 (Applied Biosystems)*.

Os principais índices de diversidade genética (intra e inter populacional) bem como a análise de componentes principais, foram calculados com os programas GenAlex v. 6.3 (Peakall; Smouse, 2006) e MS Tools (Park, 2001). A análise de variância molecular (AMOVA) foi realizada através do programa Arlequin v. 3.5 (Excoffier; Lischer, 2010).

Resultados e Discussão

Foram encontrados 89 alelos com os 17 locos analisados. O número médio de alelos nas populações foi de 3,28 alelos e número efetivo de alelos 2,34 (Tabela 1).

Tabela 1- Número de animais por população (N), número médio de alelos (N_{AM}), número efetivo de alelos (N_{AE}), heterozigosidades esperada (H_e) e observada (H_o), conteúdo de informação polimórfica (PIC), índice de consanguinidade (F_{IS}) e equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) em função das populações analisados.

Populações (Fazendas)	N	N_{AM}	N_{AE}	H_e	H_o	PIC	F_{IS}	EHW
1	15	3,53	2,23	0,51	0,49	0,45	0,032***	1
2	15	3,53	2,33	0,53	0,52	0,48	0,017*	3
3	14	3,71	2,29	0,51	0,52	0,46	0,005**	1
4	14	3,94	2,58	0,58	0,51	0,52	0,115*	1
5	14	3,65	2,39	0,52	0,52	0,47	0,022*	3
6	14	3,76	2,53	0,56	0,54	0,51	0,039**	1
7	14	3,47	2,42	0,54	0,59	0,48	-0,079*	5
8	14	3,18	2,26	0,52	0,45	0,45	0,114***	1
9	13	3,29	2,16	0,49	0,47	0,44	0,025**	2
10	14	3,35	2,32	0,54	0,59	0,47	-0,104*	3
11	14	3,59	2,36	0,53	0,56	0,47	-0,037**	1
12	14	3,23	2,31	0,51	0,53	0,45	-0,019**	2
13	14	3,47	2,24	0,52	0,49	0,46	0,055	0
Média	14,8	3,28	2,34	0,53	0,52	0,47	0,014	

*($P < 0,05$); **($P < 0,01$); ***($P < 0,001$); EHW= número de locos que desviaram do equilíbrio de Hardy-Weinberg

Os valores de heterozigosidade média observada por população revelaram que existe uma variabilidade genética razoável na maioria das populações, com valores superiores a 0,5 em mais de 69% das populações. A heterozigosidade média esperada foi um pouco maior que a heterozigosidade média observada nas populações 1, 2, 4, 6, 8, 9 e 13, o que sugere que as mesmas estejam em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Em geral 85% dos locos estudados apresentaram um valor de PIC inferior a 50%,



sendo considerados medianamente informativos. Paiva (2005) encontrou em raças ovinas maiores valores estimados para os índices de diversidade citados neste presente trabalho.

Os valores de consangüinidade dentro das populações (F_{IS}) foram abaixo de 0,10, ou seja, abaixo de valores considerados muito crítico, com exceção da população 8 que apresentou 0,114, esse fato deve-se provavelmente aos acasalamentos entre indivíduos parentes que ocorrem em pequenas populações.

O F_{ST} variou de 0,059 (população 8) a 0,069 (população 4) e o valor médio foi de 0,064 ($p < 0,00001$), significando que 6,4% do total da variação genética foi explicada pela diferença entre populações. Estes valores são relativamente altos considerando rebanhos de uma mesma raça de forma que sugerem que provavelmente existe uma subestruturação dentro das populações observadas.

Na análise de componentes principais (CPA) os dois primeiros componentes foram responsáveis por quase 50% de toda variação observada entre as populações. Foi observado um grande agrupamento entre as populações 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12 e 13, apresentando alta similaridade genética entre essas populações, provavelmente por o rebanho fundador dessas populações terem a mesma origem, que é a cidade de Morada Nova, CE. A separação das populações no gráfico sugere que existe certa particularidade genética entre elas.

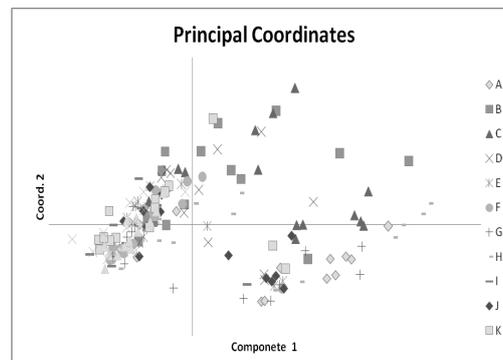


Figura 1 – Representação da análise de componentes principais (CP) das 13 populações obtidos a partir da distância genética padrão de Nei (1972). O primeiro CP explicou 29,15% e o segundo CP 20,19%.

Conclusões

Os resultados obtidos sugerem que a raça Morada Nova no estado do Ceará apresenta uma baixa taxa de endogamia pelos marcadores moleculares bem como sugerem a existência de uma possível subestruturação dos rebanhos. Novos marcadores bem como metodologias adicionais serão utilizadas para testar essa hipótese. Adicionalmente estas informações serão repassadas para os programas de Conservação e Melhoramento da raça de forma a otimizar as atividades em andamento.

Literatura citada

- ARANGUREN-MENDEZ, J. A.; ROMAN-BRAVO, R.; ISEA, W. et al. Los microsatelites (STR's) marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservacion: una revision. **Archivos Latinoamericano Producción Animal**. v13, n1, p. 30-42, 2005.
- BOYCE, T.M.; ZWICK, M.E.; AQUADRO, C.F. Mitochondrial DNA in bark weevils: size, structure, and heteroplasmy. *Genetics*, v. 123, p. 825–836. 1989.
- EXCOFFIER, L.; H.E.L. LISCHER. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**. In press. 2010.
- PARK, S. D. E. **Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection**. 2001, University of Dublin [Ph.D. thesis (in prep.)].



**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



PEAKALL, R. O. D.; SMOUSE, P. E. genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. **Molecular Ecology**, Notes, v. 6, n.1, p. 288-295, 2006.

PAIVA, S. R. Caracterização da diversidade genética de ovinos com quatro técnicas moleculares. 108 p., 2005 (**Tese de Doutorado**). Universidade Federal de Vicosa, Vicosa, MG.