

VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal *São Carlos, SP, 10 e 11 de julho de 2008*

Análise de *pedigree* como auxílio às decisões de acasalamento em bubalinos: resultados preliminares¹

Cintia Righetti Marcondes², Pedro Alejandro Vozzi³, José Ribamar F. Marques², Brena Roberta Nascimento Cunha⁴, Raysildo Barbosa Lôbo⁵, Cláudio Vieira de Araújo⁶

¹Projeto Universal – CNPq, Processo: 470281/2007-3

²Zootecnistas, pesquisadores da Embrapa Amazônia Oriental, e-mail: cimarcon@cpatu.embrapa.br; marques@cpatu.embrapa.br

³Geneticista, aluno de Doutorado da FMRP-USP, e-mail: pavozzi@genbov.fmrp.usp.br

⁴Aluna de Zootecnia da UFRA, e-mail: brnc@oi.com.br

⁵Méd. Vet., Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores - ANCP, e-mail: raysildo@ancp.org.br

⁶Zootecnista, professor adjunto do Curso de Zootecnia da UFRA, e-mail: araujocv@bol.com.br

Resumo – Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene foram usados para descrever a variabilidade em uma população de búfalos da Embrapa Amazônia Oriental. A magnitude dos resultados foi de média a baixa (por volta de 20 animais), sugerindo que poucos fundadores contribuiriam para a formação da população, fato confirmado em estudos e relatórios da década de 60. Dentre os 20 ancestrais que mais aportam genes aos machos (representando ao todo 71% dos alelos), 39%, 26% e 5%, respectivamente, são as contribuições marginais das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiços. Para as fêmeas, onde os 20 ancestrais aportam 67,5% dos genes, 42% e 26%, respectivamente, são as contribuições marginais da raça Murrah e Mediterrâneo. Estudos posteriores considerarão os resultados destas análises iniciais, os quais indicaram quais ancestrais são os mais representativos, auxiliando a identificação de famílias ou linhagens, dentro de cada raça.

Palavras-chave: búfalos, contribuição marginal, estratégias de acasalamento, estrutura da população, rebanho-núcleo

Pedigree analyses as support for mating decisions in buffaloes: preliminary results

Abstract – Parameters based on the probability of gene origin were used to describe genetic variability in a buffalo's population from Embrapa Amazônia Oriental. The parameters generated medium to low values (close to 20 founders) and suggested low founder representativeness with confirmation from 60's studies. In 20 founders for males (with 71% of alleles), genetic contributions were 39%; 26% and 5%, respectively, for Murrah, Mediterrâneo and composites. For females, these values were 42% and 26% for Murrah and Mediterrâneo breeds. Future studies will consider this results and the indications about founders more representatives to identify important lineages or families, in each breed, for buffaloes.

Keywords: buffaloes, marginal contribution, mating strategies, nucleous herd, population structure.

Introdução

A Embrapa Amazônia Oriental (EAO) desenvolveu trabalhos e pesquisas nas áreas de produção e melhoramento genético dos bubalinos, entre as décadas de 60 e 90, como os estudos do comportamento produtivo desses animais na região e do cruzamento absorvente para a raça Murrah (Mu). Para isso, utilizou uma base de fêmeas das raças Mediterrâneo (Med), Jafarabadi e poucos exemplares da raça Mu, existentes nas estações experimentais de Belém e do Baixo Amazonas, no Estado do Pará. Posteriormente, foram realizadas pesquisas com sêmen importado da Bulgária e da Itália, na década de 90, sendo também disponibilizado aos criadores de vários Estados brasileiros, como um teste de progênie nacional. Com isso, a base genética do rebanho da EAO está estruturada, principalmente, por animais provenientes do cruzamento absorvente de fêmeas Med ou mestiças com machos Mu, sendo estes de origem nacional ou não. Vale ressaltar, ainda, seu papel ao longo dos anos como rebanho fornecedor de material genético para vários Estados brasileiros o que, conseqüentemente, permite estabelecer relações de parentesco entre rebanhos em diversos sistemas de produção. Com base nesta possibilidade, foi submetido ao Conselho Nacional de Pesquisa – CNPq um projeto Universal com foco nos estudos da estrutura genética dos rebanhos paraenses (incluindo-se o rebanho da EAO) para verificar a variabilidade genética existente e, assim, ter idéia exata de como ocorreu o fluxo gênico na população para, futuramente, verificar a existência ou não de famílias ou linhagens com aptidões específicas de produção. Em espécies domésticas e de diferentes raças, como bovinos (Honda et al., 2006; Vozzi et al., 2007) e eqüinos (Glazewska et al., 2004; Valera et al., 2005) têm sido desenvolvidos estudos sobre *pedigree*, no entanto, nota-se a ausência de trabalhos nesta área em bubalinos. Este resumo contém os resultados iniciais da análise de *pedigree* do rebanho da EAO.

Material e Métodos

Foram utilizados registros de 776 animais, nascidos entre 1957 e 2004, para o cálculo do Número de Fundadores (Nfun), Número Efetivo de Fundadores (Nf) e o Número de Genomas Remanescentes (Ng), além da quantificação da Contribuição Marginal dos principais fundadores (ou ancestrais) para determinar a contribuição genética de cada raça na população de animais cruzados. Utilizou-se o *software* PEDIG® (2002) e os resultados estão apresentados por sexo e raça.

Resultados e Discussão

A Tabela 1 apresenta a variabilidade genética, representada por Nfun, Nf, Ng, Tamanho da População-referência (com base nos animais nascidos entre 1998 e 2004), Contribuição marginal do(a) reprodutor(a) que aporta mais genes à população estudada e Contribuição marginal dos 20 ancestrais que mais contribuem com genes à população estudada, como resultado da análise de *pedigree*. Em linhas gerais, dos aproximadamente 80 fundadores detectados, 25 efetivamente aportaram genes à população e 20 fundadores contribuem com aproximadamente 70% dos genes.

Os valores encontrados e sumarizados na Tabela 1 podem ser considerados de baixa magnitude. Para o gado negro japonês, Honda et al. (2006) observaram 74 animais para Nf e somente cinco para Ng. Em cavalos Andaluz, Valera et al. (2005) encontraram Nf de 40 e somente seis ancestrais sendo responsáveis por 50% da variabilidade genética na raça.

Tabela 1- Número de Fundadores (Nfun), Número Efetivo de Fundadores (Nf), Número de Genomas Remanescentes (Ng), Tamanho da população-referência, Contribuição marginal (um ancestral) e Contribuição marginal (20 ancestrais) na população de bubalinos estudada (Média) e por sexo (Machos e Fêmeas).

	Média	Machos	Fêmeas
Nfun	82	83	81
Nf	24	22	26
Ng	21	20	23
População-referência	212	111	101
Contribuição marginal (1 ancestral), em %	9,4	9,5	9,4
Contribuição marginal (20 ancestrais), em %	69,1	70,8	67,5

Analisando-se os resultados dos 20 ancestrais mais importantes, para os machos da população em estudo, 10 são machos puros (seis Mu e quatro Med) e 10 são fêmeas (três Mu, três Med e quatro mestiças Mu x Med). Dentre aqueles fundadores com mais de dois por cento de contribuição marginal, nos machos, estão os quatro touros importados (dois Mu e dois Med) utilizados em teste de progênie, mostrando a fixação de seus alelos no rebanho da EAO. Outra questão a ser destacada é o fato dos touros ancestrais Mu apresentarem igual proporção de filhos puros e mestiços, enquanto que todos os touros Med tiveram filhos puros. Para as fêmeas, dos 20 ancestrais mais importantes, 12 são touros (oito da raça Mu e quatro da raça Med). Uma explicação para este fato pode ser a manutenção de filhas mestiças para o cruzamento absorvente, descendentes de touros Mu. A Tabela 2 mostra a contribuição de cada ancestral (codificado), acima de dois por cento, para machos e fêmeas. Dentre os 20 ancestrais que mais aportam genes aos machos (ao todo 71% dos alelos), 39%, 26% e 5%, respectivamente, são as contribuições marginais das raças Mu, Med e mestiços. Para as fêmeas, onde os 20 ancestrais aportam 67,5% dos genes, 42% e 26%, respectivamente, são as contribuições marginais da raça Mu e Med (Figura 1).

Tabela 2- Ancestral (codificado), sexo, raça (Mu = Murrah e Med = Mediterrâneo) e Contribuição Marginal (em %), para cada sexo.

Machos				Fêmeas			
Ancestral	Sexo	Raça	Contribuição marginal (%)	Ancestral	Sexo	Raça	Contribuição marginal (%)
A	M	Mu	9,5	C	M	Mu	9,4
B	M	Med	8,8	A	M	Mu	8,3
C	M	Mu	8,6	H	M	Med	7,4
D	M	Med	7,9	B	M	Med	7,2
E	M	Mu	7,0	I	M	Mu	7,2
F	M	Mu	6,9	F	M	Mu	4,7
G	M	Med	3,6	J	M	Mu	4,5
H	M	Med	2,5	E	M	Mu	4,0
				D	M	Med	3,2
				K	M	Mu	2,7
				L	M	Mu	2,5
				M	F	Mu	2,2

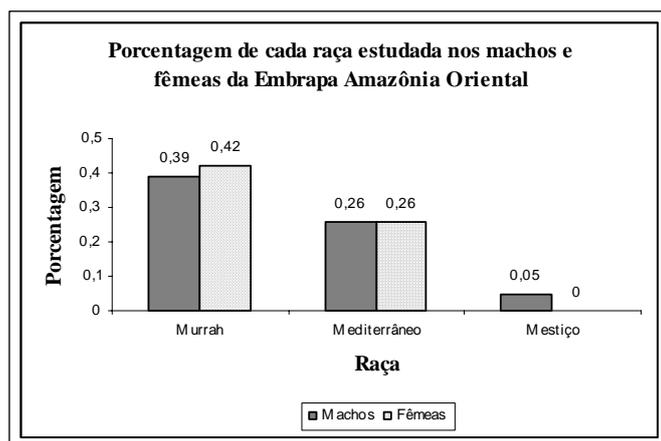


Figura 1- Porcentagem das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiço Murrah x Mediterrâneo nos machos e fêmeas da população de bubalinos da Embrapa Amazônia Oriental.

Conclusões

As raças Murrah e Mediterrâneo aportaram percentuais semelhantes de genes nos machos e fêmeas, no entanto, os machos receberam contribuições também das fêmeas mestiças, já que na população estudada foram realizados cruzamentos absorventes para a raça Murrah. Sabendo-se deste fato e, por iniciar um programa de melhoramento genético para bubalinos de dupla-aptidão, os resultados deste tipo de estudo permitem o gerenciamento da perda de variabilidade genética, por meio do controle dos níveis de endogamia e da manutenção de alelos fundadores desejáveis. Estudos posteriores considerarão os resultados destas análises, os quais indicam os ancestrais mais representativos, auxiliando a identificação de famílias ou linhagens, dentro de cada raça.

Literatura Citada

- GLAZEWSKA, I.; JEZIERSKI, T. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. **Livestock Production Science**, v.90, p.293-298, 2004.
- HONDA, T.; FUJII, T.; NOMURA, T.; MUKAI, F. Evaluation of genetic diversity in Japanese Brown cattle population by pedigree analysis. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v.123, n.3, p.123-129, 2006.
- PEDIG: A Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2002. Disponível em: <http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/rubrique.php3?id_rubrique=5>. Acesso em: 08 de abril de 2008.
- VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIERREZ, J.P.; GOMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v.95, p.57-66, 2005.
- VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R; BEZERRA, L.A.F; LÔBO, R.B. Pedigree analyses in the Breeding Program for Nellore Cattle. **Genetics and Molecular Research**, v.6, p.1044-1050, 2007.