



## Análise da estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação

[Population structure analysis in sheep without wool in the conservation nucleus]

C.R.S. Tino<sup>1</sup>, L. Cavani<sup>1\*</sup>, R. Fonseca<sup>1</sup>, K.M. Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista - Dracena, SP

<sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Sobral, CE

### RESUMO

Este estudo analisou a estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação do estado do Ceará, Brasil. Os parâmetros populacionais foram estimados com base nos dados genealógicos de indivíduos das raças Santa Inês (SI), Somalis (SO) e Morada Nova (MN), nascidos entre os anos de 2001 e 2014. Os parâmetros estimados foram: número de gerações completas equivalentes (GCE), intervalo entre gerações (IEG), número de fundadores (Nf), número efetivo de fundadores (fe), número efetivo de ancestrais (fa), coeficiente de endogamia (F) e índice de contribuição genética (ICG). O GCE médio foi de 1,82, 2,78 e 1,52 para SI, SO e MN, respectivamente. O IEG foi próximo entre as raças, 3,67 anos em média. O Nf para SI, SO e MN foi igual a 225, 194 e 153, respectivamente. As razões fe/fa foram distantes de 1 nas três populações, o que indica ocorrência de gargalo genético, principalmente para SO. Os coeficientes médios de endogamia foram de 1,81%, 0,78% e 0,78% para SI, SO e MN, respectivamente. O ICG foi de 3,32, 5,38 e 2,87 para SI, SO e MN, respectivamente. Os parâmetros populacionais estimados apontam que parte da genética original desses rebanhos foi perdida, principalmente na população da raça Somalis.

Palavras-chave: endogamia, fundadores, *pedigree*, Santa Inês

### ABSTRACT

*This study evaluated the population structure of sheep without wool from the conservation nucleus in Ceará State, Brazil. Population parameters were estimated on genealogical records of Santa Ines (SI), Somali (SO,) and Morada Nova (MN) breeds, that were born between 2001 and 2014. The following estimates were obtained: number of complete generation equivalents (GCE), generation intervals (IEG), number of founders (Nf), effective number of founders (fe), effective number of ancestors (fa), inbreeding coefficient (F), and genetic contribution index (ICG). Average GCE was 1.82, 2.78, and 1.52 for SI, SO, and MN respectively. Mean IEG was similar between breeds, 3.67 years. The Nf was 225, 194, and 153 for SI, SO, and MN respectively. The fe/fa ratios were different to 1, which is an indication of genetic bottleneck, mainly for SO. The average inbreeding coefficients were 1.81%, 0.78%, and 0.78% for SI, SO, and MN respectively. The ICG was 3.32, 5.38, and 2.87 for SI, SO, and MN respectively. Estimated population parameters indicate that part of the genetics of these breeds was lost, mainly in Somalis.*

Keywords: *inbreeding, founders, pedigree, Santa Inês*

### INTRODUÇÃO

O conhecimento da diversidade genética de uma população bem como seus parâmetros populacionais são fundamentais para evitar

perdas por depressão endogâmica, para estabelecer estratégias de seleção e acasalamento e para preservação de raças nativas. A região do Nordeste brasileiro possui raças de ovinos nativas que foram submetidas à seleção natural ao longo das gerações, desenvolvendo características específicas de adaptação ao

Recebido em 11 de janeiro de 2018

Aceito em 3 de julho de 2019

\*Autor para correspondência (*corresponding author*)

E-mail: [ligiacavani@hotmail.com](mailto:ligiacavani@hotmail.com)

ambiente (Egito *et al.*, 2002). Contudo, com a introdução de raças comerciais, cruzamentos sem controle e substituição por raças importadas de alta produção levaram à diminuição da população dos animais adaptados.

Em pequenas populações, como no caso de raças de ovinos nativas do Nordeste brasileiro, a consanguinidade aumenta a cada geração, uma vez que os reprodutores possuem ascendentes comuns. Taxas de consanguinidade superiores a 10% são consideradas perigosas, levando a população à situação de risco (Cardelino e Rovira, 1987). A variabilidade entre raças pode ser mantida por isolamento geográfico, o qual, em populações razoavelmente numerosas, não afeta a variação individual dentro da população (Carvalho, 2000). Por outro lado, a redução do tamanho da população conduz, por efeito de deriva genética e aumento da endogamia, a uma redução dessa variação.

O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificadas as circunstâncias que afetam o histórico genético das populações, bem como possibilita descrever a evolução do nível de endogamia, o relacionamento genético entre os indivíduos e o monitoramento da diversidade genética. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, de relevante contribuição genética na população.

Existem estudos referentes à estrutura populacional e à variabilidade genética utilizando dados de *pedigree* em ovinos no Brasil (Pedrosa *et al.*, 2010; Teixeira Neto *et al.*, 2013), porém, para raças nativas, esse conhecimento é limitado. Diante disso, este trabalho teve por objetivo analisar a estrutura populacional de ovinos das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova do Núcleo de Conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos.

## MATERIAL E MÉTODOS

O certificado de aprovação do Comitê de Ética no Uso de Animais não foi necessário para este estudo, pois as informações foram obtidas de uma base de dados já existente. Os dados utilizados referem-se à genealogia de animais do núcleo de conservação das raças Santa Inês (906 indivíduos), Somalis (1372 indivíduos) e Morada Nova (972 indivíduos), localizada na cidade de

Sobral, região do norte do estado do Ceará, controlados pelo Sistema de Gerenciamento de Rebanhos (SGR), dentro do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (Genecoc), no período de 2001 a 2014.

As informações genealógicas referentes a cada animal consistiram em: raça, identificação do animal, pai, mãe, data de nascimento, sexo e rebanho. As análises para consistência dos dados foram realizadas utilizando-se o *software* R, e os parâmetros populacionais estimados usando-se o *software* ENDOG v 4.5 (Gutiérrez e Goyache, 2005). A integralidade do *pedigree* foi analisada pelo número de gerações completas equivalentes (GCE), dado pela soma das proporções dos ancestrais conhecidos sobre todas as gerações rastreadas, ou seja, pela soma de  $(1/2)^n$ , em que  $n$  é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel *et al.*, 1996; Boichard *et al.*, 1997).

O intervalo entre gerações foi definido pela idade média dos pais ao nascimento de suas progênes. Quando o intervalo entre geração é reduzido pela metade, os possíveis ganhos genéticos por ano são duplicados (Malhado *et al.*, 2008). Em contrapartida, quando se têm grandes intervalos, o ganho genético é diminuído (Faria *et al.*, 2001). O intervalo médio entre gerações (IEG) foi estimado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha. O IEG médio foi calculado de acordo com a fórmula:

$$IEG = 1/4 (L_{PM} + L_{PF} + L_{MM} + L_{MF})$$

em que:

$L_{PM}$  = o intervalo médio entre pais e filhos;

$L_{PF}$  = o intervalo médio entre pais e filhas;

$L_{MM}$  = o intervalo médio entre mães e filhos;

$L_{MF}$  = o intervalo médio entre mães e filhas.

Além disso, foi estimado o número de fundadores ( $N_f$ ), em que fundadores são os animais com pais desconhecidos. O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), que representa o número de fundadores com igual contribuição e que produziria a mesma diversidade genética encontrada na população estudada, foi obtido de acordo com Lacy (1989):

$$f_e = 1 / (\sum_{k=1}^f q_k^2),$$

em que:  $q_k$  é a proporção esperada da contribuição genética do fundador  $k$ , calculado pelo parentesco médio entre o respectivo fundador e cada animal da população. O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), ou seja, o número mínimo de ancestrais, não necessariamente fundadores, que explicariam a diversidade genética completa da população atual, foi calculado de acordo com Lacy (1989):

$$f_a = 1 / (\sum_{j=1}^a q_j^k),$$

em que:  $q_j$  é a contribuição marginal de um ancestral e  $j$  é a contribuição genética dada por um ancestral que não é explicada por outro ancestral escolhido anteriormente.

Coefficiente de endogamia ( $F$ ) representa a probabilidade de dois alelos em um determinado *loci* serem idênticos por descendência (Wright, 1922; Falconer e Mackay, 1996). O algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992) foi utilizado para calcular os coeficientes de endogamia das populações. O índice de contribuição genética (ICG) foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores identificados, de acordo com a fórmula proposta por Alderson (1992):

$$ICG = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

em que:  $p_i$  é a proporção de genes do fundador  $i$  no *pedigree* de um animal.

Tabela 1. Intervalo entre gerações para as quatro passagens gaméticas e médias totais, em anos, para as populações de ovinos das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova

Passagem	Santa Inês	Somalis	Morada Nova
Pai - filho	2,82	3,01	3,22
Pai - filha	3,02	3,60	3,90
Mãe - filho	3,70	3,27	3,44
Mãe - filha	4,12	3,74	4,44
Média total	3,54	3,40	4,08

A idade média dos progenitores Santa Inês quando os filhos nasceram foi de 3,54 anos, sendo maior para as matrizes do que para os reprodutores. Para a população da raça Somalis, o IEG médio foi parecido com a raça Santa Inês, porém com pouca diferença entre matrizes e reprodutores. Progenitores da raça Morada Nova são mais velhos, em média (4,08 anos),

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

No *pedigree* dos rebanhos estudados, as informações de genealogia foram semelhantes para as linhas paternas e maternas em todas as raças. Contudo, houve perda de informações de paternidade nas gerações passadas. Dessa forma, foi possível identificar ancestrais até a quinta geração. As informações de registros genealógicos da raça Santa Inês indicaram um máximo de 4,28 de GCE e média de 1,82. Já o rebanho de Morada Nova obteve GCE máximo de 3,65 e média de 1,52. Por fim, o rebanho Somalis apresentou GCE máximo de 5,9 e média de 2,78, possuindo a maior integridade de *pedigree* em relação aos outros rebanhos. Foi observado o mesmo comportamento de aumento do GCE nas três populações estudadas através das gerações, demonstrando o aumento do controle das informações de *pedigree* ao longo dos anos.

As estimativas dos intervalos entre gerações para as quatro passagens gaméticas são apresentadas na Tab. 1. Em geral, os intervalos de gerações entre as passagens foram parecidos, não havendo diferenciação entre o IEG de machos e fêmeas, o que indica que a reposição de reprodutores e matrizes pode estar sendo realizada ao mesmo tempo no rebanho. Em rebanhos alvos de programas de conservação, o uso equilibrado de matrizes e reprodutores é importante, contanto que haja controle da consanguinidade.

comparados com as outras populações; além disso, as mães de fêmeas parecem permanecer mais tempo no rebanho.

Esses resultados de IEG demonstram que esses progenitores de regime de conservação permanecem em reprodução, em média, por períodos maiores. Isso é esperado em programas

de conservação, já que visam aumentar o intervalo de gerações, pois, segundo Leon *et al.* (2005), maiores intervalos aumentam as chances de os indivíduos fundadores contribuírem com seus genes, colaborando para o aumento da contribuição genética de diferentes genes nas populações.

Na Tab. 2, são apresentados os parâmetros relacionados à estrutura populacional dos rebanhos estudados. Foram determinados, a partir da população base, os indivíduos responsáveis pela variabilidade genética encontrada no rebanho, ou seja, o número de animais fundadores e ancestrais.

Tabela 2. Parâmetros populacionais dos rebanhos das raças ovinas Santa Inês, Somalis e Morada Nova

Parâmetros <sup>(1)</sup>	Santa Inês	Somalis	Morada Nova
N	904	1372	972
PR	679	1178	819
Nf	225	194	153
fe	29,54	38,60	29,43
fa	17	13	19
fe/fa	1,74	2,97	1,55
Na 50%	7	5	10
F (%)	1,81	0,78	0,78
ICG	3,32	5,38	2,87

<sup>(1)</sup> N, número total de animais do *pedigree*; PR, tamanho da população referência (animais com pais conhecidos); Nf, número de fundadores (animais com os dois pais desconhecidos); fe, número efetivo de fundadores; fa, número efetivo de ancestrais; Na 50%, número de ancestrais que explicam 50% da diversidade genética; F, coeficiente de endogamia; ICG, índice de contribuição genética.

Mesmo com o uso intenso de determinados reprodutores, os valores médios de consanguinidade (F) (Tab. 2) encontrados nos rebanhos ao longo dos anos foram baixos, não atingindo o valor de F superior a 10%. Segundo Santana *et al.* (2010), valores acima desse patamar representam risco elevado para ocorrência de depressão endogâmica. Porém, a quase inexistência de consanguinidade individual não se deve apenas ao fato de não haver animais consanguíneos dentro do rebanho, mas também à dificuldade de estimar esse parâmetro, uma vez que, durante os primeiros anos de registro, a quantidade de informações perdidas no *pedigree* foi maior.

A grande diferença entre número de fundadores efetivos (fe) e fundadores (Nf) em todas as populações (Tab. 2) demonstra que poucos fundadores contribuíram para a diversidade genética das populações estudadas. Esses resultados podem ser um indicativo da perda da diversidade genética, pois os fundadores contribuíram de maneira distinta, provavelmente devido ao uso de poucas linhagens paternas (Texeira Neto *et al.*, 2013).

Em todas as populações, fe foi maior do que fa, pois o parâmetro fe considera somente a contribuição dos fundadores para a diversidade

genética da população e pode ser superestimado quando existem informações perdidas no *pedigree*. Por outro lado, o fa considera o número de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética total da população em estudo (Boichard *et al.*, 1997).

A razão fe/fa é um indicativo de ocorrência de gargalo genético: quanto maior o fe, maior é esse processo, ou seja, em algum momento somente alguns fundadores foram escolhidos para serem os pais da próxima geração. Nas três populações deste estudo, houve indicativo de ocorrência de gargalo genético, sendo maior na raça Somalis. Outro indicativo da utilização desequilibrada de reprodutores nas três raças são os baixos índices de contribuição genética (ICG) (Tab. 2). Baseado na proporção dos genes dos fundadores encontrados nos indivíduos do *pedigree*, o ICG foi menor para a raça Morada Nova, população com menor Nf.

## CONCLUSÕES

Os parâmetros populacionais estimados para as raças ovinas Santa Inês, Somalis e Morada Nova do núcleo de conservação do estado do Ceará, Brasil, apontam que parte da genética original

desses rebanhos foi perdida, principalmente na população da raça Somalis.

### AGRADECIMENTOS

Ao Sistema de Gerenciamento de Rebanhos do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte, pelo banco de dados cedido.

### REFERÊNCIAS

ALDERSON, L.A. system to maximize the maintenance of genetic variability in small population. In: ALDERSON, L.J.; BODÓ, I. (Eds.). *Genetic conservation of domestic livestock*. Wallingford: CAB International, 1992. p.18-29.

BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic selection evolution*. v.29, p.5-23, 1997.

CARDELINO, R.; ROVIRA, J. (Eds.). *Mejoramiento genético animal*. Montevideo: Hemisferio Sur, 1987. 253p.

CARVALHO, J.H. Conservação de recursos genéticos de animais domésticos do Nordeste. In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, 2., 2000, Teresina. *Anais...* Teresina: [s.n], 2000. p.65. (Resumo).

EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. *Archivos de Zootecnia*, v.51, n.4, p.39-52, 2002.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. (Eds.). *Introduction to quantitative genetics*. New York: Longman Group, 1996. 371p.

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. *Rev. Bras. Zootec.*, v.30, p.1984-1988, 2001.

GUTIERREZ, J.P.; GOYACHE, F.A. Note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, v.122, p.172-176, 2005

LACY, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.*, v.8, p.111-123, 1989.

LEÓN, J.M.; LOZANO, J.M.; MARTÍNEZ, E. et al. Análisis demográfico de la cabra granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. *Arch. Zootec.*, v.54, p.311-315, 2005.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull. Bull*, v.14, p.49-54, 1996.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. *Pesqu. Agropecu. Bras.*, v.43, p.215- 220, 2008.

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Select. Evol.*, v.24, p.305-313, 1992.

PEDROSA, V.B.; SANTANA JUNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Ruminant Res.*, v.93, p.135-139, 2010.

SANTANA, M.L.; OLIVEIRA JR., P.S.; ELER, J.P. et al. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. *J. Anim. Sci.*, v.90, p.99-108, 2010.

TEIXEIRA NETO, M.R.; CRUZ, J.F.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. *Pesqu. Agropecu. Bras.*, v.48, p.1589-1595, 2013.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. *Am. Naturalist*, v.56, p.330-338, 1922.