

ESTRUTURA POPULACIONAL DE OVINOS SANTA INÊS NA REGIÃO SUL DO PIAUÍ

Lamarck Martins de Castro Rocha (bolsista do PIBIC/UFPI, José Lindenberg Rocha Sarmiento (orientador do PIBIC, Zootecnia-CPCE/UFPI), Aurino de Araújo Rego Neto (mestrando CCA/UFPI), Fabrício Fernandes Guimarães (bolsista do PIBIC/CNPq)

Introdução

Atualmente, a raça Santa Inês está sendo utilizada de forma desordenada pelos criadores, em cruzamentos com raças exóticas para obtenção de melhores índices produtivos no rebanho, o que está levando a uma redução significativa no efetivo podendo ocasionar erosão genética ou, até mesmo, a extinção da raça.

O conhecimento da diversidade genética de uma população é a base para programas de melhoramento e de conservação eficientes. O número efetivo, a taxa de consanguinidade, o número efetivo de fundadores, o coeficiente médio de parentesco, as estatísticas F de Wright e o intervalo de gerações são os principais parâmetros para se avaliar a situação de risco de uma raça. Sendo estes indispensáveis para estabelecer um plano de gestão apropriado visando a preservação e conservação da raça (RODRIGUES, 2009).

No Brasil, em especial na região Nordeste, os trabalhos de gestão genética e estrutura de populações em ovinos são raros. Assim, esse trabalho teve como objetivo caracterizar a estrutura genética da população de ovinos da raça Santa Inês no Sul estado do Piauí.

Metodologia

Os dados utilizados são compostos de registro dos animais do rebanho do Núcleo de Seleção e Conservação de ovinos da raça Santa Inês, implantado nas dependências do Campus Professora Cinobelina Elvas, e do rebanho experimental do Colégio Agrícola de Floriano, pertencentes à Universidade Federal do Piauí. O arquivo de dados foi gerado com informações referentes a cada animal como segue: pai, mãe, sexo, rebanho e data de nascimento.

A partir dos dados, foram calculados a consanguinidade (ΔF) o tamanho efetivo da população (N_e), o número efetivo de fundadores (f_e) e o número efetivo de ancestrais (f_a). O N_e é definido como o número de indivíduos que acasalando ao acaso e com a mesma chance de deixarem filhos gerassem a mesma taxa de consanguinidade observada na população em estudo; f_e representa o número de animais com igual contribuição, que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada; e o f_a representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética total da população estudada.

Para análise do pedigree e estimação dos parâmetros populacionais utilizou-se o software ENDOG v4.0 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Resultados e Discussão

Foi verificada que na população avaliada houve uma redução no tamanho efetivo (N_e) de 58,10 em 2003 para 12,54 em 2011, contribuindo assim para a perda da diversidade genética e aumento no coeficiente de endogamia da população, estando abaixo do mínimo recomendado pela FAO que é de 50.

Para o número efetivo de fundadores (f_e) e o número efetivo de ancestrais (f_a) verificou-se valores de 54,6 e 18 animais, respectivamente, (Tabela 1), demonstrando que menos de um terço do número efetivo de fundadores continuam contribuindo na população estudada, aumentando o chamado efeito “gargalo”, o que difere dos resultados encontrados por BARROS et al. (2011) em caprinos da raça Marota, os quais verificaram que o número de f_a encontrado foi igual ao f_e (48).

Tabela 1 – Resumo dos parâmetros populacionais de ovinos da raça Santa Inês dos rebanhos da Universidade Federal do Piauí criados no Sul do Estado

Tamanho da população analisada	310
Tamanho da população referencia	203
Número de ancestrais	90
Número efetivo de fundadores (f_e)	54,6
Número efetivo de ancestrais (f_a)	18
Número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética	8

Observaram-se baixos valores de f_e e f_a quando comparados com os números das populações base e referência, fazendo com que o rebanho se desenvolvesse a partir de estreita base genética, levando a um gargalo genético com perdas de genes de origem (Tabela 1).

O número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética da população concentra-se em somente 8 ancestrais, contribuindo para um grave afunilamento genético. Essa situação é reflexo dos baixos valores do f_e e f_a encontrados. Foi observada consanguinidade média da população de 0,16%, sendo esta explicada devido ao pequeno número de ancestrais conhecidos e pelo controle de acasalamento realizado no rebanho. Porém, a consanguinidade esperada foi de 0,96%, indicando que quanto maior for o número de ancestrais conhecidos, maior será a probabilidade de se obter elevadas taxas de consanguinidade, corroborando com os achados de BARROS et al. (2011).

No que diz respeito às estatísticas F de Wright, F_{it} , F_{is} e F_{st} , a situação do rebanho quanto à possível ocorrência de subdivisão foi avaliada e os valores obtidos para o (F_{is}), (F_{it}) e o (F_{st}) foram, respectivamente, -0,053, -0,015 e 0,036. Os valores de F_{it} e F_{is} indicam que os níveis de variabilidade genética do rebanho são altos, para o índice F_{ST} o valor calculado demonstra que há diferenciação entre as linhagens paternas com formação de subpopulações.

Apesar da redução do tamanho efetivo (N_e) ser indicativo de baixa diversidade genética, os níveis de variabilidade genética do rebanho segundo as estatísticas F de Wright permanecem altos, esse fato pode ser explicado devido ao controle de cobertura realizado no rebanho e o uso de diferentes reprodutores no manejo reprodutivo.

Conclusão

Observou-se efeito de gargalo genético devido ao baixo número de animais ancestrais que contribuíram para fundação do rebanho estudado.

O uso excessivo e desigual de alguns reprodutores poderá contribuir para aumento da consanguinidade na população nas gerações futuras.

Os valores das estatísticas F de Wright indicam que existe variabilidade genética na população e que existe subdivisão da população promovida pelo uso excessivo de alguns animais. Todavia essa variabilidade pode ser perdida se um plano de gestão mais eficiente não for implementado nos rebanhos estudados.

Apoio: Universidade Federal do Piauí e Banco do Nordeste do Brasil

Referências

BARROS, E.A. et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Arquivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.543-552, 2011.

FAO. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: **Management of Small Populations at Risk**. Roma, Itália, 1998. 215 p.

GUTIERREZ, J.P., GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122: 172-176. 2005.

RODRIGUES, D. S. **Estrutura Populacional de um Rebanho Morada Nova Variedade Branca no Estado do Ceará**. 2009. 45 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - CCA, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009.

WRIGHT, S. Evolution and the genetics of populations. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press. Chicago. USA, V. 4. 1978.

Palavras-chave: Estrutura Genética. Efeito Gargalo. Tamanho efetivo.