

Estimação do tamanho efetivo da população com informação de pedigree e genómicas do rebanho Gir (*Bos indicus*)

Alejandra Maria Toro Ospina^{1*}, Ricardo António da Silva Faria^{1,2}, Matheus Henrique Vargas de Oliveira^{1,3}, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹, Larissa Yahagi Rodrigues^{1,4}, Pablo Dominguez Castaño^{1,3}, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva^{2,4}

Afiliações: 1 Pesquisador no Grupo de Genética Molecular e Melhoramento de Bovinos e Equinos – FMVZ/Unesp, SP, Brasil; 2 Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal; 3 Pós-graduando, Genética e Melhoramento Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.; 4 Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UNESP, Botucatu, SP, Brasil.

*Autor correspondente: torospina92@gmail.com

Introdução

O tamanho efetivo (N_e) é definido como a dimensão de uma população idealizada. O N_e ajuda a explicar a variação genética em uma população, prevendo a perda da deriva genética e a sobrevivência de populações.

Objetivos

Comparar dois métodos para estimar o N_e , com informações do pedigree e genómicas na raça de bovinos Gir.

Leiteiro

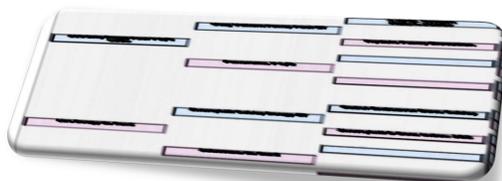


GIR

Material e métodos

Bovinos do Instituto de Zootecnia IZ - São Paulo - Brasil.

Informações do pedigree
3.826 animais

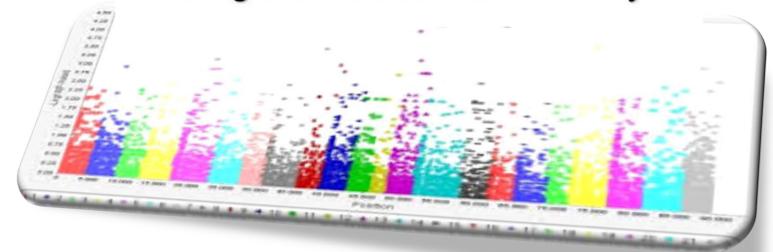


ENDOG v4.8

A Computer Program for Monitoring
Genetic Variability of Populations
Using Pedigree Information

Dados genómicos
150 animais

PLINK: a toolset for
whole genome association analysis



Resultados

$N_e = 44$ (Pedigree)

$N_e = 17$ (Genómico)

Discussão

As diferenças entre as duas abordagens, sugerem que:

- Informação de pedigree podem ter subestimados os valores.
- Dados genómicos é possível obter um valor real e acurado.

Os valores do N_e estão abaixo do valor mínimo (50) indicado pela FAO, sugerindo pressão de seleção, evidenciando possível endogamia alta e visível perda da variabilidade genética.

Conclusão

A população pequena, rebanho experimental, seleção intensiva e uso de poucos touros por estação de acasalamento são responsáveis pelo reduzido N_e . A introdução de novos animais reprodutores de origens distintas, deve ser uma prioridade na população de animais avaliados da raça Gir.



Estimação do tamanho efetivo da população com informação de pedigree e genômicas do rebanho Gir (*Bos indicus*)

Alejandra Maria Toro Ospina^{1*}, Ricardo António da Silva Faria^{1,2}, Matheus Henrique Vargas de Oliveira^{1,3}, Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹, Larissa Yahagi Rodrigues^{1,4}, Pablo Dominguez Castaño^{1,3}, Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva^{2,4}

Afiliações: 1 Pesquisador no Grupo de Genética Molecular e Melhoramento de Bovinos e Equinos – FMVZ/Unesp, SP, Brasil; 2 Escola Profissional Agrícola Quinta da Lageosa, Belmonte, Portugal; 3 Pós-graduando, Genética e Melhoramento Animal, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil.; 4 Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UNESP, Botucatu, SP, Brasil.*Autor correspondente: toroospina92@gmail.com

Keywords: *Bos indicus*, Desequilíbrio de ligação, Variabilidade genética.

O tamanho efetivo (N_e) é definido como a dimensão de uma população idealizada. O N_e ajuda a explicar a variação genética em uma população, prevendo a perda da deriva genética e a sobrevivência de populações. Duas abordagens para calcular o N_e , informações do pedigree e informações genômicas por meio do desequilíbrio de ligação (DL). O objetivo do estudo foi comparar dois métodos para estimar o N_e com informação do pedigree e genômicas da população de bovinos raça Gir. Os animais avaliados pertenciam ao rebanho fechado de bovinos Gir do Instituto de Zootecnia (IZ, São Paulo – Brasil), foram selecionados por mais de 30 anos, para crescimento ponderal aos 550 dias. As análises foram realizadas com 3.826 animais no pedigree e com os genótipos de 150 animais (*bovine 33kb – 27,236 SNPs*). O N_e foi calculado pelo programa *ENDOG* para avaliar os pedigrees e programa *PLINK* para informação genômica por meio do DL. Os resultados do N_e foram iguais a 44 e 17 animais para informações do pedigree e genômicas, respectivamente. Os valores evidenciaram diferenças entre as duas abordagens, com informação de pedigree os verdadeiros valores do N_e podem ser subestimados e com utilização genômica dos animais é possível obter um valor de N_e real e acurado para a população avaliada. Os valores do N_e estão abaixo do valor mínimo (50) indicado pela FAO, sugerindo que o N_e diminui na população pela pressão de seleção, evidenciando possível endogamia alta e visível perda da variabilidade genética. A população de Gir estudada era pequena e de um rebanho experimental, o menor valor do N_e observado, pode ser o resultado da seleção intensiva e uso de poucos touros por estação de acasalamento. A introdução de novos animais reprodutores de origens distintas, deve ser uma prioridade na população de animais avaliados da raça Gir.