

VANESSA DOS SANTOS NERI

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO  
SUSTENTÁVEL DE CAPRINOS NATURALIZADOS**

**TERESINA, PIAUÍ**

**2017**

VANESSA DOS SANTOS NERI

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO  
SUSTENTÁVEL DE CAPRINOS NATURALIZADOS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal da Universidade Federal do Piauí, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestra em Ciência Animal, Área de Concentração: Produção Animal.

Orientador: José Lindenberg Rocha Sarmiento

**TERESINA, PIAUÍ**

**2017**

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias  
Serviço de Processamento Técnico

**N445c** Neri, Vanessa dos Santos

Caracterização fenotípica e genética para conservação sustentável de caprinos naturalizados / Vanessa dos Santos Neri - 2017.

85 f.: il.

Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2017.

Orientação: Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmento

1. Avaliação de carcaça 2. Distância de Nei 3. Morfometria 4. Microssatélites I. Título

**CDD 636.390821**

**CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO  
SUSTENTÁVEL DE CAPRINOS NATURALIZADOS**

**VANESSA DOS SANTOS NERI**

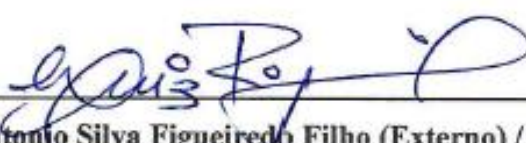
**Dissertação aprovada em: 06/03/2017**

**Banca examinadora:**

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmento (Presidente) /DZO/CCA/UFPI**

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. Antonio de Sousa Junior (Interno) / CTT/UFPI**

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. Fábio Barros Britto (Interno) / CCN/UFPI**

  
\_\_\_\_\_  
**Prof. Dr. Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho (Externo) / IFMA**

## **Agradecimentos**

Deus é maravilhoso! A Ele toda a honra e glória por ser minha força, meu refúgio, minha redenção, minha verdade e minha vida.

Meus pais Otávio e Neide e minhas irmãs Elizandra e Valéria que são minha fortaleza. Obrigada por confiarem em mim, por terem me dado à oportunidade de estudar e mesmo diante das dificuldades de estar distante, sempre estiveram perto. Obrigada!

Ao meu namorado Ricardo Henrique, obrigada por ter caminhado ao meu lado, pela sua paciência, compreensão e ajuda prestada, especialmente por apresentar sempre um sorriso, quando sacrificava os dias, as noites, os fins de semana e os feriados com a minha ausência em prol da realização deste trabalho.

Agradeço a Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós Graduação em Ciência Animal, por nos proporcionar um ensino de qualidade e ótimos professores.

À CAPES, pela bolsa concedida durante todo o curso.

Ao meu orientador Prof. Dr. José Lindenberg Rocha Sarmiento pela sua dedicação como pesquisador, pelo apoio que me foi dado, pela paciência, conselhos, incentivo e por ser minha inspiração como profissional. Essas rápidas palavras jamais poderão expressar todo o meu carinho, respeito e o meu agradecimento.

Ao Prof. Dr. Antonio de Sousa Junior que sempre se mostrou disponível em ajudar. Aprendi bastante com suas experiências na pesquisa, experiências de vida e com as suas “estórias”. Muito obrigada!

Ao Prof. Dr. Fabio Barros Britto agradeço pelas suas contribuições e por ter me mostrado o caminho por onde ir e para não desistir. Os seus ensinamentos foram fundamentais.

Ao Prof. Dr. Luiz Antonio Silva Figueiredo Filho, agradeço pela ajuda nas coletas de dados e pelo conhecimento transmitido que contribuiu para o meu aprimoramento intelectual e profissional.

Ao Prof. Max Brandão, um grande amigo, sempre disposto a nos ajudar e ensinar. Muito obrigada Max por tudo!

Muito obrigada Luciano Silva, Tatiana Saraiva, Leandra Polliny, Laylson Borges e João Paulo por terem me auxiliado na primeira ida a Fazenda Faveira para a coleta de dados e por sempre estarem dispostos durante toda a execução do trabalho.

À minha querida amiga Eliene Pereira, compartilhamos muitas alegrias e tristezas, desespero, ansiedade, vitórias e derrotas. Cada dia de laboratório era um desafio, era uma constante luta para que as análises pudessem dar certo. Erramos muito e aprendemos ainda mais com estes erros. A minha gratidão por estarmos sempre juntas em busca do mesmo objetivo, o de conseguir. Muito obrigada pela sua amizade e confiança!

À Soraya, Abigail, Débora e Bruna que também foram peças fundamentais para a execução deste trabalho. Obrigada pela amizade, pelas horas de lazer que tivemos, pela ajuda, pelas conversas e pela troca de experiências.

Agradeço aos queridos Dr. Aurino Araujo Rêgo Neto e Dra. Maria Ivamara Soares por terem me auxiliado nas análises genéticas laboratoriais e por terem esclarecido minhas dúvidas sempre que possível.

Ao Diretor do Centro de Ciência Agrárias, Prof. Willams, pela ajuda com a viabilização de transporte para coleta de dados na fazenda.

Ao Sr. José Dantas, proprietário da Fazenda Faveira pela autorização para utilizar os seus animais para a pesquisa, Dona Carminda, Zuzu e demais funcionários da fazenda, obrigada!

A todos os colegas do Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento, o GEMA, que sempre estiveram de prontidão para contribuir com esta e outras pesquisas do grupo.

A amiga Mirian pela amizade sincera e por toda ajuda prestada principalmente nos momentos mais “difíceis” ao longo do curso.

Ao colega Fernando Yuri, por ser minha companhia nos trabalhos de laboratório, mesmo trabalhando em laboratórios diferentes, obrigada!

Aos animais, sim, aos animais, que se doam sem constrangimento, se deixam domesticar sem que precisem disso para viver e, humildemente, sem pedir muito em troca, produzem vida e alimento para nos nutrir, os meus sinceros agradecimentos.

Enfim, quero demonstrar o meu agradecimento, a todos aqueles que, de um modo ou de outro, tornaram possível a realização do presente trabalho. Perdoe-me se esqueci de alguém e o meu sincero e profundo muito obrigada!

Não contavam com minha astúcia.  
(Roberto Gómez Bolaños)

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 Caprino Moxotó. ....	19
Figura 2 Caprino Canindé.....	20
Figura 3 Caprino Repartida .....	20
Figura 4 Caprinos Marota.....	21
Figura 5 Caprino Azul. ....	21
Figura 6 Caprino Graúna. ....	22
Figura 7 Caprino da raça Alpina.....	23
Figura 8 Caprino da raça Boer.....	23
Figura 9 Caprino da raça Anglo Nubiana.....	24

## CAPÍTULO I

Figura 1 Dendrogramas baseados na Distancia Euclidiana Média entre as raças de caprinos Boer (BO), Anglo Nubiana (AN), Alpina (AL) , Marota (MR), Graúna (GR), Repartida (REP), Moxotó (MX), Azul (AZ) e Canindé (CA). Método da ligação simples (a), UPGMA (b) e ligação completa (c) para as medidas morfométricas de altura de cernelha (AC), altura de garupa (AG), comprimento do corpo (CC), circunferencia torácica (CT), altura da pata (AP) e comprimento de orelha (CO).....	63
--	----

Figura 2 Dendrogramas baseados na Distancia Euclidiana Média entre as raças de caprinos Boer (BO), Anglo Nubiana (AN), Alpina (AL), Marota (MR), Graúna (GR), Repartida (REP), Moxotó (MX), Azul (AZ) e Canindé (CA). Método da ligação simples (a), UPGMA (b) e ligação completa (c) baseado nas medidas de AOL,POL,EGE, ECC e peso.....	64
---	----

## CAPÍTULO II

Figura 1 Figura 1 Estrutura populacional de 197 caprinos dos grupos genéticos 1 – Azul, 2 – Canindé, 3 – Moxotó, 4 – Anglo Nubiana, 5 – Boer, 6 – Graúna, 7 – Repartida, 8 – Marota e 9 – Alpina.....	80
---	----



## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO I

Tabela 1 Média da altura na cernelha (AC) e na garupa (AG), altura da pata (AP), circunferencia torácica (CT) e comprimento do corpo (CC), comprimento da orelha (CO) de caprinos crioulos Canindé (CAN), Moxotó (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e Marota (MR) e exóticos Anglo Nubiana (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).....58

Tabela 2 Médias para área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL), espessura de gordura esternal (POL.), escore da condição corporal (ECC) e peso de caprinos crioulos Canindé (CAN), Moxotó (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e Marota (MR) e exóticos Anglo Nubiana (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).....59

Tabela 3 Médias para OPG e FAMACHA<sup>®</sup> de caprinos crioulos Canindé (CAN), Moxotó (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e Marota (MR) e exóticos Anglo Nubiana (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).....60

Tabela 4 Correlação de Pearson entre o grau FAMACHA<sup>®</sup>, OPG, ECC e peso de caprinos entre caprinos exóticos e crioulos.....61

Tabela 5 Correlação de Pearson entre as características de área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL), espessura de gordura esternal (EGE), escore da condição corporal (ECC) e peso de exóticos e crioulos.....62

### CAPÍTULO II

Tabela 1 Marcadores microssatélites com a localização cromossômica, sequencia direta e reversa, variação em tamanho (pb), temperatura de anelamento, concentração de MgCl<sub>2</sub> utilizado na reação de PCR e referência.....70

Tabela 2 Equilíbrio de Hardy-Weinberg nas populações estudadas.....73

Tabela 3 Quantidade de alelos em cada <i>locus</i> por população.....	75
Tabela 4 Heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) e Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC), em função dos <i>loci</i> analisados.....	76
Tabela 5 Valores de $F_{IS}$ , $F_{IT}$ , $F_{ST}$ e fluxo gênico ( $Nm$ ) para cada <i>locus</i> em todas as raças.....	77
Tabela 6 Distancia de Nei entre as nove populações estudadas com base em sete marcadores microssatélites.....	78

NERI, V. S. **Caracterização fenotípica e genética para conservação sustentável de caprinos naturalizados**. 2017. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2017.

**RESUMO:** O objetivo com essa pesquisa foi de caracterizar fenotípica e geneticamente raças de caprinos naturalizados criadas em fazenda no município de Elesbão Veloso, Piauí, a fim de auxiliar na manutenção da máxima variabilidade possível dentro de suas populações e a disponibilização de recursos genéticos de caprinos visando à conservação. Na caracterização fenotípica foram utilizados ao todo 308 caprinos naturalizados das raças Canindé, Moxotó, Azul, Graúna, Repartida, Marota e das raças exóticas Anglo Nubiana, Boer e Alpina. Para a caracterização genética, 197 animais destes mesmos grupos. Na caracterização fenotípica utilizou-se medidas morfométricas, contagem de OPG, grau FAMACHA<sup>®</sup>, medidas carcaça, ECC e peso a idade adulta. Para caracterização genética foram coletados amostras de sangue para extração de DNA e uso na reação de PCR com um painel de sete marcadores microssatélites. Os caprinos Repartida apresentaram a maior média de AC (61,55 cm) e AG (62,16 cm), os caprinos Moxotó com o maior CO (13,45 cm). A raça Moxotó obteve as maiores médias de AOL, POL, ECC e peso. O menor peso médio foi dos caprinos Azul (24,35 kg). O menor valor máximo de OPG foi dos caprinos Repartida (200). O FAMACHA<sup>®</sup> obteve média de 2,77. O UPGMA foi o que melhor resumiu a informação dos dados morfométricos e de carcaça. A caracterização fenotípica a partir das medidas morfométricas foi eficiente na observação do grau de relacionamento entre os indivíduos. Foi possível identificar a raça Moxotó como o grupo de animais com os melhores resultados para características de carcaça que poderá ser indicada para futuros programas de melhoramento genético. No ambiente onde estão sendo criados, todos os caprinos crioulos apresentaram-se resistentes aos endoparasitas. Não foi evidenciado presença de alelos nulos para nenhum dos sete *loci* utilizados. Verificou-se que todos os sete *loci* não estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg. A população que apresentou o maior número de alelos por *locus* foi a Canindé (28,57). O número médio de alelos por *locus* foi de 18 no INRA63, 21 no OARFCB304, 28 no MM12 e BM1329, 32 no ILSTS019, 40 no INRA23 e 41 no INRA006. A média geral para  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  e  $F_{ST}$  foram, respectivamente, -0,089, -0,0209 e 0,054. O número de migrantes ( $N_m$ ) mostrou a presença de fluxo gênico entre as populações, com valores entre 3,45 e 8,02. A menor

distancia genética de Nei foi de 0,509 entre as raças Alpina e Moxotó, e a maior foi de 1,049 entre Boer e Graúna. Foi escolhido o K sendo igual a 9, indicando uma tendência a existir nove grupos genéticos. A maioria dos animais criados na Fazenda Faveira apresentam sua estrutura genética preservada e poderão ser indicados para reprodução e uso em programas de conservação e melhoramento genético de caprinos naturalizados visando à manutenção da máxima variabilidade genética. Os indivíduos da raça Moxotó e os do grupo genético Marota foram os mais representativos.

**Palavras-chave:** Avaliação de carcaça. Distancia de Nei. Morfometria. Microssatélites.

NERI, V. S. **Phenotypic and genetic characterization for sustainable conservation of naturalized goats**. 2017. Dissertation (Master Degree in Animal Science) – Federal University of Piauí, Teresina, 2017.

**Abstract:** The objective of this research was to phenotypically and genetically characterize naturalized goat breeds raised on a farm in the municipality of Elesbão Veloso, state of Piauí, Brazil, in order to help to maintain as much variability as possible within the populations raised on this farm, and make these genetic resources available for sustainable conservation. A total of 308 animals from Canindé, Moxotó, Blue Goat, Graúna, Repartida, Marota, Anglo-Nubian, Boer, and Alpine breeds were used for phenotypic characterization. Morphometric measurements, faecal eggs count (FEC), FAMACHA<sup>®</sup> score, carcass measurements, body condition score, and adult body weight were collected in order to phenotypically characterize the animals in study. Blood samples were collected for DNA extraction and PCR reaction with a panel of seven microsatellite markers, in order to perform the genetic characterization. Repartida goats showed the highest mean values for withers height (61.55 cm) and croup height (62.16 cm). Goats from Moxotó breed had the highest averages for ear length (13.45 cm), loin eye area, loin eye depth, body condition score, and body weight. The lowest average body weight was observed in Blue Goats (23.45 kg). Repartida goats had the lowest maximum value of FEC (200 eggs per gram). An average of 2.77 points was obtained for FAMACHA<sup>®</sup> score. In PCOA, the first two principal components explained more than 71.6% of the total variation of morphometric and carcass measurements. UPGMA was the method which better summarized the information of morphometry and carcass data. The phenotypic characterization based on morphometric measurements was efficient in observing the degree of relationship between individuals. Moxotó breed was identified as the group of animals with the best results for carcass traits which could be recommended for future breeding programs. In the environment where they are currently raised, all the naturalized goats used in study were resistant to endoparasites. No presence of null alleles was found for any of the seven loci used in this study. It was found that the seven loci are not in Hardy-Weinberg equilibrium. The population of goats from Canindé breed had the highest number of alleles per locus (28.57). The average number of alleles per locus was 18 in INRA63, 21 in OARFCB304, 28 in MM12 and BM1329, 32 in ILSTS019, 40 in INRA23, and 41 in INRA006 loci. The overall means for  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  and  $F_{ST}$  were, -0.089, -0.0209 and 0.054, respectively. The number of migrants ( $N_m$ ) showed the presence of gene flow between populations, with values ranging from 3.45 to 8.02. The lowest genetic distance of Nei was 0.509 (between Alpina and Moxotó breeds), and the highest one was 1.049 (between Boer and Graúna breeds).  $K=9$  was chosen, and this indicated a tendency to existence of nine genetic groups. Most of the animals raised on the Faveira Farm have their genetic structure preserved, so that they can be recommended for reproduction, and conservation and breeding programs of naturalized goats in order to maintain the

maximum genetic variability. Animals from Moxotó and Marota breeds were the most representative.

**Keywords:** Carcass evaluation. Genetic distance of Nei. Microsatellite. Morphometry.

## SUMÁRIO

2. REVISÃO DE LITERATURA .....	19
2.1 Caprinos naturalizados e exóticos .....	19
2.2 Avaliação de carcaça <i>in vivo</i> em caprinos .....	24
2.3 Estratégias para o controle de verminose em caprinos.....	25
2.4 Conservação de recursos genéticos .....	26
2.5 Utilização da genética molecular na conservação de recursos genéticos.....	28
2.6 Medidas de diversidade entre e dentro de populações .....	30
2.7 Métodos de Análise Multivariada .....	32
2.7.1 Análise de componentes principais .....	32
2.7.2. Análise de Agrupamento .....	33
2.7.3 Distância Euclidiana Média.....	35
2.8 Análise de dados populacionais via programa <i>STRUCTURE</i> .....	35
3.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	37
4. CAPÍTULO I.....	44
Caracterização da diversidade fenotípica de caprinos crioulos para uso sustentável.....	44
Caracterização da diversidade fenotípica de caprinos crioulos para uso sustentável.....	45
Introdução.....	46
Resultados e discussão .....	49
Referências .....	56
5. CAPÍTULO II.....	65
Caracterização genética de caprinos naturalizados .....	66
5.1 INTRODUÇÃO.....	68
5.2 MATERIAL E MÉTODOS.....	69
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	72
5.4 CONCLUSÃO.....	82
	15

5.5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	83
6. CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	86



## 1. INTRODUÇÃO

A criação de caprinos no Brasil teve início com animais originários da África no período colonial, provavelmente a partir das Ilhas de Cabo Verde que foram inicialmente povoadas por animais oriundos de Portugal e, até os anos 70, o rebanho nacional era constituído, principalmente, por animais sem raça definida e grupos de caprinos naturalizados (MACHADO, 2011a). Durante vários séculos esses animais sofreram processos de evolução e tornaram-se altamente adaptados, principalmente, ao semiárido da região Nordeste. Entretanto, a introdução indiscriminada de raças exóticas tem contribuído para a diluição do patrimônio genético que os caprinos naturalizados representam.

Além da importância social e econômica, a caprinocultura é considerada uma das atividades agropecuárias mais viáveis para as condições edafoclimáticas do Nordeste brasileiro, em que os índices pluviométricos são baixos e a distribuição da chuva é muito concentrada e irregular com longos períodos de estiagem. A adaptação ao semiárido por parte dos caprinos é o grande diferencial que a atividade apresenta diante das outras atividades pecuárias, sendo fundamental para o seu estabelecimento nessas regiões (GUIMARÃES et al., 2009).

A limitação da produção está relacionada principalmente ao manejo nutricional, sanitário e a genética. Devido à má distribuição de chuvas no Nordeste, o manejo nutricional dos animais é comprometido por conta da reduzida quantidade de alimento, onde em algumas regiões, os animais se alimentam principalmente da pastagem naturalizada. Quanto ao manejo sanitário, às infecções por endoparasitas interferem no desenvolvimento animal, afetando o crescimento e o ganho de peso, e consequentemente os custos de produção pela aquisição de medicamentos no controle das verminoses, além disso, os animais são selecionados apenas pelas características fenotípicas, o que ocasiona, muitas vezes, o descarte de animais com melhor potencial genético para determinada característica.

Além da sua importância como recurso biológico dotado de grande variabilidade genética e do seu valor histórico, os caprinos naturalizados desempenham um papel importante para a região semiárida do Nordeste do Brasil (ALMEIDA, 2007). A atividade destaca-se como opção de diversificação da produção, gerando oportunidades de emprego, renda e fixação do homem no campo, demonstrando importante papel no contexto da pecuária brasileira (CORREIA, 2008).

Uma das alternativas para a criação é formar um rebanho com raças naturalizadas, que são animais de alta resistência ao meio ambiente. No Semiárido, as raças naturalizadas são muito importantes para os programas de melhoramento genético seja para a produção de pele, carne ou leite em regime extensivo ou semi-intensivo.

A degradação do ambiente natural, notadamente a Caatinga, e a utilização desordenada em cruzamentos com raças exóticas têm levado os caprinos naturalizados a um processo de degeneração genética. Estudos de caracterização fenotípica e genética com caprinos permitem conhecer a situação de risco de raças naturalizadas, como por exemplo, os feitos por Oliveira et al. (2010), Ribeiro et al. (2012) e Conrado et al. (2015).

A caracterização fenotípica associada ao estudo genético utilizando-se marcadores microssatélites possibilita definir a diversidade genética entre animais e raças, proporcionando maior eficiência dos programas de acasalamentos por meio do estudo da genealogia dos animais, otimizando o sistema de criação destes e auxiliando os criadores na escolha de métodos mais adequados ao sistema de produção em que estes animais estão inseridos (CRISPIM, 2013).

Diante disso, o objetivo com esta pesquisa foi caracterizar fenotípica e geneticamente raças de caprinos naturalizados criadas no município de Elesbão Veloso, Piauí, a fim de auxiliar na manutenção da máxima variabilidade possível dentro de suas populações e a disponibilização de informações para orientar os acasalamentos destes recursos genéticos visando à conservação.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Caprinos naturalizados e exóticos

Os caprinos naturalizados apresentam normalmente características de rusticidade, típicas de animais que foram submetidos ao processo de seleção natural, ao longo do tempo (MACHADO, 2011b). Estes animais estão ameaçados de extinção devido ao desconhecimento do potencial futuro, sendo a criação restrita a poucos rebanhos de conservação. Moxotó, Marota, Canindé, Gurguéia e Repartida são exemplos de grupos genéticos encontrados no Estado do Piauí (MACHADO; CHAKIR e LAUVERGNE, 2000), além destes animais, os tipos Nambi, Azul, Graúna e os caprinos SPRD (Sem Padrão Racial Definido), também compõe o rebanho de caprinos do Estado.

Os caprinos da raça Moxotó (Figura 1) são originários do vale do Moxotó em Pernambuco, contudo há controvérsia a respeito de sua origem verdadeira, alguns pesquisadores citam que é o resultado de cruzamento da raça Alpina Francesa com cabras brancas nativas, outros citam que é a mesma raça criada em Portugal com o nome de Serpentina (SOUSA; BENICIO e BENICIO, 2015). A cabra Moxotó apresenta pelagem de cor baía ou mais clara, pelos lisos, curtos e brilhantes, apresentando uma lista negra que parte do pescoço até a base da cauda e outras duas listras escuras circundando as cavidades orbitais, descendo lateralmente até a ponta do focinho (MCMANUS; PAIVA e LOUVANDINI, 2010). Esta raça é o tipo local mais prontamente identificável justamente por seus padrões de pelagem bem característicos.



Figura 1 Caprino Moxotó. Fonte: arquivo pessoal

Os animais da raça Canindé (Figura 2) foram descritos no Piauí por Castro (1984). Possuem pelagem negra sobre o dorso e avermelhada ou clara no ventre, em partes dos membros e em duas linhas descendo pela face. De acordo com Machado (2011b), ela produz de 400 a 800 ml de leite/dia.



Figura 2 Caprino Canindé. Fonte: arquivo pessoal

Os caprinos Repartida (Figura 3) têm pelagem negra na parte anterior e vermelha na posterior do corpo. De acordo com a descrição feita por Pires (2009), foram considerados do grupo Repartida os animais com fenótipo de coloração invertida, avermelhada na parte anterior e pelagem negra na parte posterior.



Figura 3 Caprino Repartida. Fonte: arquivo pessoal

A raça Marota (Figura 4), também denominada Curaçá, é descendente dos tipos raciais trazidos pelos colonizadores, e não se tem dados concretos sobre sua origem (BARROS et al., 2011). Apresenta padrão fenotípico definido com estatura média, cabeça mediana, perfil reto, chifres de tamanho medianos voltados levemente para trás e para fora, pescoço fino, garupa inclinada, membros alongados, forte e bem aprumados sobre os cascos de cor clara.



Figura 4 Caprinos Marota. Fonte: arquivo pessoal

A cabra Azul (Figura 5) caracteriza-se pela mistura de pelos brancos, preto e às vezes vermelho. Azul designa caprinos sobre um padrão pigmentar eumelânico, que a torna acinzentada ou azulada (MENEZES, 2005)



Figura 5 Caprino Azul. Fonte: arquivo pessoal

Os caprinos Graúna, também conhecida por Preta Graúna ou Preta de Corda (SOUSA; BENICIO e BENICIO, 2015). Sua origem é o nordeste brasileiro, mas sua ascendência remete, provavelmente, à raça Murciana, trazida da zona árida da região sul da Espanha (MCMANUS; PAIVA e LOUVANDINI, 2010). São animais que apresentam pelagem predominantemente preta e com grande potencial para a produção de leite, carne e pele.



Figura 6 Caprino Graúna. Fonte: arquivo pessoal

Atualmente, não se sabe o tamanho efetivo das populações de caprinos naturalizadas do Nordeste, havendo zonas onde não existem mais populações desses animais em seu estado de pureza. Existem atualmente no semiárido nordestino apenas alguns rebanhos de raças naturalizadas, frutos de alguns criadores e empresas estaduais de pesquisa, a exemplo no Estado do Piauí, a Fazenda Faveira localizada no município de Elesbão Veloso, na qual existem exemplares de praticamente todas os grupos genéticos e/ou tipos naturalizados caprinos. De acordo com Biagiotti et al. (2014), a manutenção da diversidade genética intrapopulação é importante para a sobrevivência dos animais, e em programas de melhoramento genético, a garantia da pressão de seleção e aumento de produção.

Dentre as raças de caprinos exóticos a raça Alpina, é considerada uma raça leiteira, apresenta pelagem vermelha e com patas e chanfros riscados de negro, com variações de pelagem (Figura 7). Segundo Machado (1996), Alpina é um grupo que corresponde as raças Alpina Francesa, Alpina Italiana, Alpina Espanhola, Alpina Suíça, e Oberhasli.



Figura 7 Caprino da raça Alpina. Fonte:  
<http://caprivama.com.br>

Os animais da raça Boer (Figura 8), são considerados um dos mais resistentes animais de criação do mundo (MALAN, 2000). Apresenta a capacidade de adaptação em vários climas e sistemas de criação. É uma raça de corte, apresenta tamanho mediano, orelhas pendentes, pelagem corporal branca com cabeça, orelhas e pescoço vermelhos.



Figura 8 Caprino da raça Boer. Fonte: Tatiana Saraiva

A raça Anglo Nubiana (Figura 9) é caracterizada por animais de dupla aptidão (produção de leite e carne), não apresenta pelagem padronizada, podendo ser negra, castanho escuro, cinza e apresentar ou não manchas pretas ou castanhas . A Anglo-Nubiana foi formada na Inglaterra, no século XIX, a partir de cabras orientais de orelhas pendentes e cabras inglesas comuns (MASON, 1988).



Figura 9 Caprino da raça Anglo Nubiana. Fonte: Tatiana Saraiva

## 2.2 Avaliação de carcaça *in vivo* em caprinos

A avaliação de carcaça deve ser pautada em dois objetivos básicos que são os de estimar a quantidade de porção comestível (carne) na carcaça e predizer a qualidade dessa porção comestível (SOUSA;FONTES, 2010). Ainda de acordo com estes autores, existe uma diversidade de métodos e possibilidade de combinações entre os mesmos, sendo quase impossível indicar qual o mais adequado a determinadas situações experimentais.

Os métodos de avaliação de carcaça após o abate do animal são desvantajosos devido ao alto custo e a limitação no número de animais que serão testados, logo, a utilização de técnicas *in vivo* é mais vantajosa, pois permitem o acesso a informações de carcaça e desempenho na produção de carne justamente sem a necessidade de abater o animal (FIGUEIREDO FILHO et al., 2012).



Em relação às estimativas de predição da carcaça e dos cortes, a área de olho-de-lombo é considerada a melhor medida que representa a quantidade e distribuição das massas musculares, assim como da qualidade da carcaça. Os músculos de maturidade tardia são indicados para representar o índice mais confiável do desenvolvimento e tamanho do tecido muscular; assim, o *Longissimus dorsi* é o mais indicado, pois, além do amadurecimento tardio, é de fácil mensuração (HASHIMOTO et al., 2012) com o auxílio da ultrassonografia.

As informações de peso vivo são importantes, pois, os animais de pouca idade apresentam geralmente carcaças de baixo peso e caracterizam-se por apresentar reduzidos níveis de carnosidade, comprovada pela relação entre o músculo, a gordura e o osso. Com animais com idade mais avançada ao abate, o resultado é a melhoria substancial da carnosidade (SOUSA; FONTES, 2010).

O escore da condição corporal (ECC) também é um dos métodos para avaliação de carcaça. Segundo Ribeiro (1998) a condição corporal é realizada através da palpação de determinadas regiões corporais como, a região lombar, sendo atribuídos índices de 1 a 5, sendo 1 - Excessivamente magra; 2 - Magra; 3 - Normal; 4 - Gorda e 5 - Excessivamente gorda. O ECC é influenciado por diversos fatores, tais como: raça, sexo, nutrição, idade e estado fisiológico. Há relatos de que o ECC esteja associado ao peso vivo (DRENNAN; BERRY, 2006).

### **2.3 Estratégias para o controle de verminose em caprinos**

O controle de endoparasitas de caprinos é realizado no mundo inteiro quase que exclusivamente com o uso de anti-helmínticos, pertencentes a diferentes grupos químicos, muitas vezes, sem levar em consideração a dinâmica populacional das espécies prevalentes na região nas diferentes épocas do ano (VIEIRA et al., 2010).

A infecção por *Haemonchus contortus* é a principal doença parasitária, causando prejuízos devido a anorexia, apatia, aumento da conversão alimentar, diminuição da produção e perda de peso em animais infectados (NERY et al., 2010). A verminose constitui-se num sério problema para os pequenos ruminantes, tornando um prejuízo econômico ao produtor. A consequência do uso indiscriminado de vermífugos ao longo dos anos com alternância de grupos químicos sem orientação tem resultado no aumento dos custos de produção.

O método FAMACHA<sup>®</sup> surgiu para dar um novo enfoque ao controle da verminose (VILELA et al., 2008). Baseia-se no princípio da relação existente entre a coloração da mucosa conjuntiva ocular e os valores do hematócrito (grau de anemia), permitindo identificar os animais capazes de suportar uma infecção por *Haemonchus contortus* (SOTOMAIOR et al., 2007).

Segundo MOLENTO et al. (2004), no cartão FAMACHA<sup>®</sup> estão presentes 5 categorias, variando da 1 (coloração vermelho brilhante) até a 5 (coloração pálida, quase branca). Essa divisão representa diferentes médias de valores de hematócritos, sendo 35, 25, 20, 15 e 10 respectivamente para os grupos de 1 a 5. Baseado nesta comparação, seriam desverminados somente os animais que apresentassem coloração de mucosa compatível com os grupos 4 e 5 e, em alguns casos, com o grupo 3.

No Brasil, os primeiros ensaios de validação do método em propriedades comerciais ocorreram no sul do país, realizados por Sotomaior et al. (2003) e Molento et al. (2004). Para definir um critério de tratamento mais seletivo, Abrão et al. (2010) e Oliveira, Moura e Barbosa (2011) sugeriram o uso da contagem de OPG (Ovos por grama de fezes) juntamente com o FAMACHA<sup>®</sup>. O método apesar de ser bastante utilizado em caprinos, é aplicável para ovinos, entretanto, carecem estudos que comprovem a eficácia de associação do método para as duas espécies.

Sotomaior et al. (2009) afirmam que o OPG de cada indivíduo do rebanho poderia ser um critério para identificar os animais que necessitam tratamento. No entanto, esta metodologia se tornaria inviável para grandes rebanhos, cujos animais teriam de ter suas fezes amostradas e analisadas em laboratório periodicamente.

De acordo com Besier (2012) o método FAMACHA<sup>®</sup> encontra-se entre os melhores indicadores de tratamento seletivo para rebanhos infectados pelo parasita *Haemonchus contortus*, pois, além de ser um método que não prejudica os animais e o ambiente, possibilita o tratamento imediato ao momento da avaliação do animal

#### **2.4 Conservação de recursos genéticos**

Os recursos genéticos animais contribuem de muitas maneiras para a sobrevivência do homem. Segundo dados da FAO (2007), cerca de 30% do total dos requerimentos da espécie humana para alimentação e agricultura advém dos animais de criação com uma perspectiva de atingir 39% em 2030. No intuito de procurar inverter a tendência do desaparecimento de raças naturalizadas trocadas ou absorvidas por outras

com maiores produções, se faz necessário perceber que os recursos genéticos de um país, ou região, constituem um patrimônio cultural e biológico único.

Todavia, durante muito tempo, a atividade de melhoramento genético de caprinos no Brasil apoiou-se, quase que exclusivamente, na importação de raças exóticas melhoradas em países de clima temperado para serem exploradas como raça pura ou utilizadas em esquemas de cruzamentos com as raças naturalizadas, visando o aumento imediato nos índices produtivos. Porém, a seleção praticada em outros países e/ou regiões pode não atender as necessidades dos produtores brasileiros. Por outro lado, a participação dessas raças em esquemas de cruzamentos desordenados contribuiu, significativamente, para diluição do patrimônio genético inerente aos caprinos localmente adaptados. Desta forma, o melhoramento genético, por meio de seleção, para a melhoria dos índices produtivos de um sistema de produção de carne de caprinos naturalizados, é o caminho mais viável para preservar esse patrimônio genético, que segundo Gama (2006) pode ser denominado de “conservação sustentável”.

O patrimônio genético de raças de caprino naturalizadas está desaparecendo gradativamente. Segundo Lima et al. (2007), a atual situação é reflexo de um manejo reprodutivo inadequado, dentre eles, inadequada relação macho:fêmea e acasalamentos desordenados, que contribui para diminuição do número efetivo e aumento da consanguinidade.

O uso e a preservação dos recursos genéticos são inseparáveis (EGITO; MARIANTE e ALBUQUERQUE, 2002). A FAO em 1991 iniciou um levantamento a nível mundial sobre a situação das principais espécies de animais domésticos. Desde então, programas mundiais de conservação têm sido desenvolvidos devido à preocupação com a perda da diversidade genética causada pela extinção de raças e populações.

O principal objetivo da conservação é recuperar a variabilidade genética das populações, e essa, por sua vez é uma das principais premissas para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético, o que torna a conservação uma importante ferramenta de auxílio ao melhoramento genético animal. A conservação vem sendo realizada através de Núcleos de Conservação, mantidos no habitat onde os animais se desenvolveram e foram submetidos à seleção natural, chamada de conservação *in situ*, e mediante o armazenamento de sêmen e embriões, conservação *ex situ* (EGITO;MARIANTE e ALBUQUERQUE, 2002). Moura et al. (2015) relatam que

a conservação e o melhoramento genético de animais dependem da diversidade da espécie considerada, sendo que a diversidade é resultado da variabilidade entre raças (interracial) e dentro de raças (intrarracial).

## **2.5 Utilização da genética molecular na conservação de recursos genéticos**

Desde o início da década de 1990, os dados moleculares têm se tornado cada vez mais relevante para a caracterização da diversidade genética e o emprego de marcadores moleculares no processo de caracterização genética tem sido amplamente realizado devido a diversas características desejáveis relacionadas ao bom desempenho produtivo dos animais (GROENEVELD et al., 2010). Além disso, sua associação a técnicas tradicionais como a seleção fenotípica, auxiliam no melhoramento genético animal (DONATONI, 2012).

Faleiro (2007) afirma que existem várias tecnologias de genética molecular que podem ser utilizadas para fornecer informações úteis aos programas de conservação e uso de recursos genéticos. Tais como, a utilização de isoenzimas que é um grupo de múltiplas formas moleculares de uma enzima resultante de variações alélicas de genes codificadores, marcadores moleculares RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) e Microssatélites que são fragmentos de DNA amplificados pela reação em cadeia da Polimerase (PCR), os Minissatélites e os AFLP (*Amplified Fragmente Lenght Polymorphism*) e o SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) que são marcadores do DNA utilizados para identificar mutações e polimorfismos baseados em um único nucleotídeo. Ainda de acordo com este autor, cada tecnologia apresenta vantagens e desvantagens e o uso de uma ou outra vai depender, entre outros fatores, do objetivo do estudo, da infraestrutura disponível, dos recursos financeiros para o investimento, da disponibilidade de recursos humanos com treinamento apropriado e do nível de conhecimento da genética molecular da espécie a ser estudada.

A maioria das características de interesse econômico apresenta o padrão de herança poligênica, sendo determinadas por inúmeros genes de grande e/ou de pequeno efeito individuais e sob forte influência de fatores ambientais (COUTINHO; ROSÁRIO, 2010). O emprego de marcadores moleculares no processo de caracterização genética tem sido amplamente realizado devido a diversas características de produção desejáveis.

O uso de marcadores moleculares pode fornecer informações sobre a diversidade dentro e entre populações (SILVESTRE et al., 2015). É uma ferramenta útil a análise da

estrutura genética e da divergência genética entre populações fornecendo informações fundamentais para a preservação de raças (OLIVEIRA et al., 2007). É importante salientar que o sucesso de programas de melhoramento genético é extremamente dependente do conhecimento dos vários fatores que podem interferir na seleção, como tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética (MALHADO et al., 2008).

Os primeiros estudos usando marcadores moleculares, inicialmente com metodologias trabalhosas e limitadas, eram considerados inovadores, uma vez que as alternaturalizadas disponíveis resumiam-se a estudos com grupos sanguíneos e as isoenzimas. Tipicamente, para produzir uma informação molecular (um genótipo) eram necessários em média cinco dias de trabalho, utilizando radioisótopos e enfrentando várias questões técnicas fundamentais (CAETANO, 2009), o que mudou rapidamente com os avanços tecnológicos.

Segundo Polido et al. (2012), os marcadores podem ser classificados de acordo com a metodologia para identificá-los, sendo elas a hibridização ou amplificação de DNA. Os marcadores moleculares RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e os *locus* VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*) ou minissatélites são identificados por hibridização, enquanto os marcadores do tipo RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), SCAR (*Sequence Characterized Amplified Regions*), STS (*Sequence Tagged Sites*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) e microssatélites são identificados por amplificação e foram desenvolvidos após a descoberta da reação da cadeia da polimerase - PCR, que por sua vez, permitiu a amplificação de DNA *in vitro*.

Os marcadores que apresentam mais vantagens em relação aos citados são os microssatélites devido ao elevado grau de polimorfismo, serem codominantes, apresentarem herança mendeliana e facilidade na identificação, ou seja, proporcionam ao pesquisador facilidade para detectar diferenças entre indivíduos (FALEIRO, 2007; MENEZES et al. 2006; CAIXETA et al. 2013).

Em estudos realizados por Menezes et al. (2006), 27 microssatélites foram utilizados para avaliar possibilidade de utilização dos mesmos na caracterização genética das raças caprinas brasileiras. Estes autores afirmaram que os microssatélites analisados são polimórficos e com alta capacidade para identificar a variabilidade e a diversidade genética em caprinos. Araújo (2004) utilizou onze microssatélites e

concluiu que para o estudo de diversidade genética de caprinos no Brasil, estes *loci* foram informativos. Yang et al. (1999) analisaram 6 microssatélites, sendo 5 de ovinos e 1 microssatélites de bovino, em 4 raças de caprinos da China, demonstraram que os microssatélites de ovinos e de bovino são efetivos para detectar polimorfismo em raças caprinas. Enquanto, Ouafi et al. (2002) estudando diversidade genética e relações filogenéticas em raças caprinas marroquinas e francesas, usaram apenas 5 microssatélites. Lopes (2012) usou 11 *loci* e afirmou que apresentaram um grande potencial informativo para a quantificação da variabilidade genética. Silvestre et al. (2015), utilizaram um painel com 7 microssatélites e constataram que os critérios de qualidade dos marcadores que foram utilizados indicaram que, embora o número de alelos obtidos representasse apenas o mínimo recomendado, eles foram informativos para estudos sobre diversidade genética.

## **2.6 Medidas de diversidade entre e dentro de populações**

A genética de populações descreve e analisa a variação genética dentro e entre populações a partir das frequências alélicas e genotípicas. A interpretação desta variação nos organismos tem como princípio o Equilíbrio de Hardy-Weinberg, o qual estabelece que em populações grandes com frequência alélica permanecendo a mesma de geração para geração, o que permite prever as frequências genotípicas a partir das alélicas, assumindo que não há mutação, migração gênica, seleção ou deriva genética, significando afirmar que a população está em equilíbrio (MCMANUS et al., 2011).

As metodologias de análises genéticas foram desenvolvidas para que melhoristas e geneticistas possam inferir sobre a genética de populações, sendo comum a utilização de estatística descritiva nos estudos de populações para a obtenção de informações do polimorfismo genético de uma população (BARRERA SÁNCHEZ, 2008). Os descritores que ajudam a caracterizar uma população são: número de alelos por loco ou total, conteúdo de informação polimórfica (PIC), heterozigosidade observada ( $H_o$ ), heterozigosidade esperada ( $H_e$ ) e coeficiente de endogamia ( $F$ ).

Estudando a variância de amostragem de heterozigosidade e distância genética, Nei e Roychoudhury (1974) concluíram que para estimar a heterozigosidade média e a distância genética, um grande número de *loci* em vez de um grande número de indivíduos por *locus* deve ser usado quando o número total de genes a ser examinado é fixo.

Ao construir-se um dendrograma a partir da estimativa da distancia genética de Nei (1978), a confiabilidade dos resultados depende das diferenças na distancia genética entre diferentes pares de indivíduos. Se essas diferenças são pequenas, as distancias genéticas devem ser estimadas com maior precisão, notadamente, um número de indivíduos deve ser examinado para cada *locus*. Por outro lado, se as diferenças são grandes, um único individuo pode ser suficiente para a obtenção correta dos resultados.

A distancia genética ( $\tilde{D}$ ) entre duas populações é estimada segundo Nei (1972):

$$\tilde{D} = 1/n\hat{I}$$

sendo  $\hat{I}$  o índice de identidade genética baseado em frequências alélicas de *locus* homólogos nas diferentes populações. A expressão é a seguinte:

$$\hat{I} = \frac{J_{xy}}{\sqrt{J_x - J_y}}$$

em que  $J_{xy}$  é igual a  $\sum x_i^2$  que é a probabilidade de dois genes escolhidos ao acaso na população x serem idênticos,  $J_x$  é igual a  $\sum y_i^2$  que é a probabilidade de dois genes escolhidos ao acaso na população y serem idênticos e  $J_y$  igual a  $\sum x_i y_i$  sendo a probabilidade de identidade de um gene da população x e um gene da população y serem idênticos.

A heterozigosidade é uma medida de variabilidade genética que considera um loco polimórfico quando o alelo mais comum tem frequência inferior a 0,9 (MCMANUS et al., 2011). Ainda de acordo com este autores, a heterozigosidade de um marcador é a probabilidade de um individuo ser heterozigoto no loco do marcador e depende do numero de alelos e sua frequência na população. A heterozigosidade observada é a proporção de indivíduos heterozigotos nas amostras da população e a heterozigosidade esperada é equivalente a heterozigosidade observada, considerando apenas as populações em equilíbrio.

Com base em Nei (1978), a heterozigosidade esperada é estimada por:

$$\tilde{H}_c = 1 - \sum P_i^2$$

sendo  $P_i$  a frequência estimada do alelo i.

Já a quantidade de heterozigose observada segue os procedimentos de Brown e Weir (1983):

$$\tilde{H}_o = 1 - \sum P_{ii}$$

onde  $P_{ii}$  é a frequência observada dos genótipos homocigotos do alelo  $i$ .

O erro padrão de distancia genética é grande quando a heterocigosidade média é alta, ou seja, superior a 0,9. Assim, um numero relativamente grande de indivíduos deve ser examinado para construir um dendrograma confiável (Nei, 1978).

De acordo com Abad et al. (2014), toda característica herdável presente no DNA e que diferencia dois ou mais indivíduos é conhecida por marcadores moleculares. Estas marcas são alterações na sequência de nucleotídeos na molécula de DNA denominadas de polimorfismos. O valor do conteúdo de informação polimórfica fornece uma estimativa do poder discriminatório do marcador molecular por considerar não somente o numero de alelos por loco, mas também a frequência relativa desses alelos, sendo este valor, inferior aos obtidos para a heterocigosidade.

A análise da estrutura genética das populações tem sido baseada em princípios subjacentes à estatística F de Wright (Wright, 1965), da seguinte forma:

$$\hat{F}_{IT} = \hat{F}_{ST} + (1 - \hat{F}_{ST}) \cdot \hat{F}_{IS}$$

sendo  $\hat{F}_{IT}$  o índice de fixação para a população, ou seja, a probabilidade total de identidade num determinado indivíduo I,  $\hat{F}_{IS}$  é o índice de fixação que ocorre dentro de população, ou seja, é a probabilidade de que dois genes sejam homólogos no individuo I derivado do mesmo gene de um ancestral comum dentro da população, e o  $\hat{F}_{ST}$ , é o índice de fixação para alelos por *locus*, ou seja, a probabilidade de que dois genes sejam homólogos, combinados ao acaso na população, ambos originários de um gene na população.

O coeficiente de endogamia é estimado por meio de:

$$F = 1 - \frac{H_e}{H_o}$$

o  $H_o$  é a frequência de heterocigotos numa população supostamente em equilíbrio de Hardy-Weinberg, e o  $H_e$  é a frequência de heterocigotos numa população sujeita a acasalamento entre aparentados.

## 2.7 Métodos de Análise Multivariada

### 2.7.1 Análise de componentes principais

A Análise de Componentes Principais, ou PCA (Principal Components Analysis), é uma técnica utilizada para redução da dimensionalidade de dados



multivariados, de modo a obter novos eixos ortogonais de coordenadas com apenas as dimensões mais significativas, transformando linearmente as variáveis correlacionadas em variáveis com novos valores em novos eixos cartesianos (VARMUZA; FILZMOSER, 2008). A utilização dos componentes principais em estudos de divergência genética depende da possibilidade de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes tendo uma boa aproximação dos indivíduos oriundos de um espaço bi ou tridimensional (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Costa et al. (2016) afirma que o principal objetivo da análise de componentes principais é revelar as tendências na variação dos genótipos dentro de todo o conjunto de dados analisados.

A análise de componentes principais é um método multivariado que consiste em transformar um conjunto de  $p$  variáveis originais  $X_1, X_2, \dots, X_p$ , pertencentes a  $n$  indivíduos ou populações, em um novo conjunto de variáveis,  $Y_1, Y_2, \dots, Y_p$ , de dimensão equivalente, chamados componentes principais. Cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais, construído de maneira a explicar o máximo da variabilidade total dessas variáveis originais e não correlacionadas entre si (STRAPASSON; VENCOSKY e BATISTA, 2000).

Morrison (1976) define o primeiro componente principal ( $Y_1$ ) de um conjunto de  $p$  variáveis,  $X_1, X_2, \dots, X_p$ , contidas no vetor  $X' = (X_1, X_2, \dots, X_p)$  como a combinação linear:

$$Y_1 = b_{11}X_1 + b_{21}X_2 + \dots + b_{p1}X_p = b'_1X$$

cujos coeficientes  $b_{i1}$  são elementos do vetor característico  $b_1$ , associado à maior raiz característica ( $\lambda_1$ ) da matriz de covariância amostral,  $S$ , das variáveis  $X_i$ 's. O segundo componente principal ( $Y_2$ ) estará associado à segunda maior raiz característica ( $\lambda_2$ ) e, assim sucessivamente, até que toda a variância tenha sido explicada. Os autovalores (ou raízes características) ordenados, ou seja,  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \geq \dots \geq \lambda_p \geq 0$ , são as variâncias amostrais dos componentes principais. O primeiro componente também é definido como o de maior importância, uma vez que retém a maior parte da variação total encontrada nos dados originais.

### **2.7.2. Análise de Agrupamento**

A análise de agrupamento tem por finalidade reunir objetos semelhantes segundo suas características (variáveis), de acordo com algum critério de similaridade

ou dissimilaridade, de tal forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. O segundo passo, o processo de agrupamento, consiste na escolha do método de agrupamento que será empregado (CARNEIRO et al., 2006).

No método de agrupamento da ligação média ou UPGMA a distância entre um animal e um grupo de animais é dada pela média da distância entre os pares de indivíduos, e sua descrição numérica desse algoritmo pode ser encontrada em Ferreira (2011).

O método UPGMA é muito utilizado em diversidade quando se trabalha com populações de animais e tendo como vantagem sobre os demais métodos por considerar médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre indivíduos considerados (CRUZ;CARNEIRO, 2006). É um método de agrupamento sequencial, aglomerativo, hierárquico, sem superposição e com base na média aritmética.

Dentre os métodos de agrupamento, há o método de otimização proposto por Tocher (RAO,1952), que de acordo com Cruz e Regazzi (1994) é o mais comumente usado nas pesquisas genéticas. Esse método requer a obtenção de matriz de dissimilaridade, sobre a qual será identificado o par de indivíduos mais similares. Estes indivíduos formarão um grupo inicial e a partir daí, avalia-se a possibilidade de inclusão de novos indivíduos ao grupo, adotando o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo seja menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (MEYER, 2002), ou seja, a distância média intragrupos é sempre inferior a qualquer distância intergrupos (RAO, 1952).

As técnicas de análise de agrupamento exigem de seus usuários a tomada de uma série de decisões independentes, que requerem o conhecimento das propriedades dos diversos algoritmos à disposição e que podem representar diferentes agrupamentos. Além disso, o resultado dos agrupamentos pode ser influenciado pela escolha da medida de dissimilaridade, bem como pela definição do número de grupos (GOWER ;LEGENDRE, 1986, JACKSON et al., 1989, DUARTE et al., 1999).

A análise de agrupamentos tem algumas suposições com respeito a amostra. Segundo Hair Jr et al. (2009), raramente o pesquisador tem toda a população para realizar seu estudo. Uma importante suposição é a representatividade da amostra, observações atípicas devem ser analisadas previamente para não introduzir um viés na estimação da estrutura de agrupamento dos dados. Portanto, conforme concluem os

autores, todos os esforços devem ser feitos para garantir a representatividade da amostra e que os resultados possam ser generalizáveis para a população de interesse.

Os métodos de agrupamento diferem dos demais métodos de análise multivariada, em razão de dependerem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade estimadas previamente, como a distância Euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), dentre outras.

### 2.7.3 Distância Euclidiana Média

Considerada como uma medida de dissimilaridade, a distância Euclidiana é interpretada como a distância entre dois indivíduos, cujas posições são determinadas em relação às suas coordenadas, definidas com referência a um grupo de eixos cartesianos os quais possuem ângulos retos entre si (MEYER, 2002).

De acordo com Cruz et al. (2011), considerando  $Y_{ij}$  a observação do genótipo  $i$  para a característica  $j$  e  $v$ , o número de características estudadas, define-se a distância euclidiana entre o par de genótipos  $i$  e  $i'$  por meio da expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (Y_{ij} - Y_{i'j})^2}$$

A distância euclidiana sempre aumenta com o acréscimo do número de características consideradas na análise. Ressalta-se que a distância euclidiana foi originalmente proposta para variáveis quantitativas. Portanto, trata-se de uma medida sensível à correlação entre as variáveis e, assim, de utilidade restrita a variáveis independentes (DIAS, 1998).

Segundo Regazzi (2001), embora a distância euclidiana seja uma medida de dissimilaridade, às vezes ela é referida como uma medida de semelhança, pois quanto maior seu valor, menos parecidos são os indivíduos ou unidades amostrais.

## 2.8 Análise de dados populacionais via programa *STRUCTURE*

O *STRUCTURE* é um programa disponível gratuitamente para a análise de dados populacionais desenvolvido por Pritchard et al. (2000). Analisa as diferenças na distribuição de variáveis genéticas entre populações com um algoritmo iterativo Bayesiano, colocando as amostras em grupos cujos membros compartilham padrões semelhantes de variação.

A teoria Bayesiana teve sua fundamentação nos trabalhos desenvolvidos por Thomas Bayes em 1761, que só foram publicados dois anos após sua morte, em 1763.

Os métodos e probabilidade inversa baseiam-se no Teorema de Bayes (GIANOLA; FERNANDO, 1986).

Os métodos de análise populacional através da estatística Bayesiana utilizam frequências alélicas que definem a população e as frequências encontradas em indivíduos identificados como originários dessa população. A matriz de dados é organizada em um único arquivo onde os indivíduos estão nas linhas e os *loci* nas colunas. Para informações com indivíduos diploides, cada um é representado com duas linhas consecutivas.

Segundo Pritchard e Wen (2004) para análise de estruturação populacional através de dados de microssatélites, usando o programa *STRUCTURE*, o número de grupos pode ser informado *a priori* sem perda de confiabilidade, pois é o conjunto de dados genéticos que definem o  $k$ , que é o número de agrupamentos populacionais.

Assume-se um modelo para  $k$  populações conhecidas ou não, onde cada um é caracterizado por um conjunto de frequências gênicas em cada *locus* e supondo que dentro das populações os *loci* estão em Equilíbrio de Hardy-Weinberg e equilíbrio de ligação. Deste modo, com base nas frequências alélicas de cada indivíduo, este é alocado em uma possível população, probabilisticamente avaliada através de um teste de alocação (*Assignment Test*) quando essas populações são misturadas.

O uso de um método bayesiano oferece várias vantagens, especialmente atribuindo indivíduos misturados a grupos de população, uma vez que é possível usar informações prévias para auxiliar o cálculo das proporções de ascendência para esses indivíduos. Portanto, as informações sobre os dados, os marcadores aplicados e o tipo de análise desejada são relevantes antes da seleção dos parâmetros de análise (PORRAS HURTADO et al., 2013).

### 3.0 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABAD, A. C. A.; LOPES, F. A.; PINHEIRO, J. W.; MOTA, R. A. Marcadores moleculares e suas aplicações nas pesquisas em bovinos. **Acta Vet. Bras.**, v.8, n.1, p.10-18, 2014.
- ABRÃO, D. C. et al. Utilização do método FAMACHA<sup>®</sup> no diagnóstico clínico individual de haemoncose em ovinos no Sudoeste do Estado de Minas Gerais. **Rev. Bras. Parasitol. Vet.**, Jaboticabal, v. 19, n. 1, p. 70-72, 2010.
- ALMEIDA, M. J. O. de. **Caracterização de caprinos da raça Marota no Brasil.** 2007. Tese (Doutorado em Zootecnia) - da Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2007.
- ARAÚJO, A.M. **Paternidade e diversidade genética em caprinos no Brasil por meio de microssatélites de DNA.** Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. 2004.
- BARRERA SÁNCHEZ, C.F. Diversidade entre e dentro de populações simuladas sob deriva genética. 2008. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 2008.
- BARROS, E.A. et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Arch. de Zoot.**, v.60, p.543-552, 2011.
- BESIER, R. B. Refugia-Based Strategies for Sustainable Worm Control: Factors Affecting the Acceptability to Sheep and Goat Owners. **Vet. Parasitol.**, [s. l.], v.186, p.2-9, 2012.
- BIAGIOTTI, D. et al. Uso de estatística multivariada para estudo de caracterização racial em ovinos. **Acta tecnologica**, v. 9. n. 1.2014.
- CAETANO, A. R. SNP : conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Rev. Bras. Zoot.** v. 3598, 2009.
- CAIXETA, E. T.; FERRÃO, L. F. V.; MACIEL-ZAMBOLIM, E. Marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, **Rev. Biotec.Aplic. ao Melh. de Plant.**. Viçosa, MG: UFV. p.25-42. 2013.
- CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; AZEVÊDO, D. M. M. R.; et al. Estudo de Populações de Ovinos Santa Inês utilizando técnicas de Análise Multivariada. **Rev. Cient. Prod. Anim.**, v. 8, n. 1, 2006.
- CASTRO, A. de. **A Cabra.** 3 ed. , Rio de Janeiro: Freitas Bastos, 1984. 372p.
- CONRADO, V. D. C.; ARANDAS, J. K. G.; RIBEIRO, M.N. Modelos de regressão para predição do peso da raça Canindé através de medidas morfométricas. **Arch. de Zoot.**, v.64, n.247, p.277- 280, 2015.

CORREIA, F.W.S. **Perfil setorial da caprinocultura no mundo, Brasil, Nordeste e Sergipe** - Sebrae. 2008. Disponível em: <<http://www.biblioteca.sebrae.com.br>>. Acesso em: 16 out. 2015.

COSTA, M. F. et al. Caracterização e Divergência Genética de Populações de *Casearia grandiflora* no Cerrado Piauiense. **Floresta e Ambiente**. 23(3): 387-396. 2016.

COUTINHO, L. L.; ROSÁRIO, M. F. Biotecnologia animal. **Estudos Avançados**, v. 24, n. 70, p. 123-147, 2010.

CRISPIM, B. A. do. **Diversidade genética em ovinos naturalizados do pantanal sul-mato-grossense**. 2013. Dissertação (Mestrado em Biologia Geral) - Universidade Federal da Grande Dourados, Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais. Dourados, MS, 2013.

CRUZ, C. D. et al. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**, Visconde do Rio Branco: Suprema, v1, 2011. 620p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2006. v. 2.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 390 p. 1994.

DIAS, L. A. S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A. C. (Ed.) **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins**. Viçosa – MG: Ed. UFV, 1998. P. 405-475.

DONATONI, F. A. B. **Prospecção de SNPs por eletroforese capilar e sua identificação em genes candidatos relacionados à resistência de caprinos a nematoides gastrointestinais**. 2012. Tese (Doutorado em Química Analítica) – Universidade de São Paulo, São Carlos, 2012.

DRENNAN, M. J.; BERRY, D. P. Factors affecting body condition score, live weight and reproductive performance in spring-calving suckler cows. **Iris. J. of Agric. and Food Res.**, v. 45, p. 25–38, 2006.

DUARTE, M. C.; SANTOS, J. B.; MELO, L. C. Comparison of similarity coefficients based on RAPD markers in the common bean. **Gen. and Mol. Bio.**, v.22, n.3, p.427-432, 1999.

EGITO, A. A.; MARIANTE, A. S.; ALBUQUERQUE, M. S. M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Arch. Zoot.**, Córdoba, v.51, p.39-52, 2002.

FALEIRO, F.G. **Marcadores genético moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, 107p, 2007.

FAO. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Rischkowsky e Dafydd Pilling. Rome. 2007. 511 p.

FERREIRA, D.F. **Estatística Multivariada**. 2 ed. rev. e amp. Lavras: UFLA, 2011. 676p.

FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. et al. Medidas de características da carcaça por meio de ultrassonografia em caprinos. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.13, n.3, p.804-814. 2012.

GAMA, L. T. Programas de seleção e conservação dos recursos genéticos animais: a experiência da Europa Mediterrânica. In: reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 43, 2006, Joao Pessoa. **Anais...** Joao Pessoa: SBZ, 2006. CD-ROM.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R. L. Bayesian methods in animal breeding theory. **J. of Anim. Sci.**, Champaign, v. 63, p. 217-244, 1986.

GOWER, J. C.; LEGENDRE, P. Metric and euclidean properties of dissimilarity coefficients, **J. of Class.**, v. 3, p. 5-48, 1986.

GROENEVELD L. F. et al. Genetic diversity in farm animals – a review. **Anim. Gen.** . 41(Suppl 1), 6–31, 2010.

GUIMARÃES, V. P. et al. Sistema de produção de leite de cabra no Semiárido Nordeste. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE CAPRINOS E OVINOS DE CORTE. 4., 2009. **Anais...** João Pessoa: SINCORTE, 2009.

HAIR JR., J.F. et al. Análise multivariada de dados. 6.ed. Porto Alegre: Bookman, 2009.

HASHIMOTO, J.H. et al. Qualidade de carcaça, desenvolvimento regional e tecidual de cordeiros terminados em três sistemas. **Rev. Bras. Zoot.**, Viçosa, MG. v.41, p.438-448, 2012.

JACKSON, A. A.; SOMERS, K. M.; HARVERY, H. H. Similarity coefficients: measures for co-occurrence and association or simply measures of occurrence. **Amer. Nat.**, v.133, p. 436-453, 1989.

LIMA, P. J. S. Gestão genética de raças caprinas naturalizadas no estado da Paraíba. **Arch. Zoot.**. 56 (Sup. 1): 623-626. 2007.

LOPES, D. D. **Variabilidade genética, estrutura populacional e relações evolutivas de cabras crespas com base em marcadores moleculares microssatélites e DNA mitocondrial**. 2012. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2012.

MACHADO, T. M. M. Origem dos animais de fazenda brasileiros no período colonial. In: CONGRESSO PANAMERICANO DE CIÊNCIAS VETERINÁRIAS, 15., Campo

Grande, 1996. **Abstracts...** Campo Grande: Associação Panamericana de Ciências Veterinárias, 1996. 458p. p369.

MACHADO, T. M. M. Raças raras de pequenos ruminantes. **Ver. Ação Amb.**, Viçosa, v. 3., n. 15., p. 19-23, 2011.(a)

MACHADO, T. M. M. História das raças caprinas no Brasil. In: Fonseca, J. et al. (ed.) **Produção de caprinos e ovinos de leite**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite; Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2011. 256p. p.27-74 (b).

MACHADO, T.M.M.; CHAKIR, M.; LAUVERGNE, J.J. Genetic distances and taxonomic trees between goats of Ceará State (Brazil) and goats of the Mediterranean regions (Europe and Africa). **Gen. and Mol. Bio.**, v.23, p.121-125, 2000.

MALAN, S. W. The improved Boer goat. **Sma. Rum. Res.**, v.36, n.2, p. 165 – 170, 2000.

MALHADO, C. H. M. et al.. Melhoramento e estrutura populacional de bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesq. Agro. Bras.** v.43, p.215- 220, 2008.

MASON, I. L. **A world dictionary of livestock breeds, types and varieties**. Wallingford: CAB Internacional, 1988. 348p.

MCMANUS et al. INCT: Informação Genético-Sanitária da pecuária Brasileira. **Série técnica: Estatística para descrever genética de populações. Caprinos no Brasil**. 2011.

MCMANUS, C.; PAIVA, S.; LOUVANDINI, H. INCT: Informação Genético-Sanitária da pecuária Brasileira. **Série técnica: Genética. Caprinos no Brasil**. 2010.

MENEZES, M. P. C. et al. Caracterização genética de raças caprinas naturalizadas brasileiras utilizando-se 27 marcadores microssatélites. **Rev. Bras. Zoot.**, v.35, n.4, p.1336-1341, 2006.

MENEZES, M. P. C. **Variabilidade e relações genéticas entre raças caprinas brasileiras, ibéricas e canárias**. 2005. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia) - Universidade Federal da Paraíba, PB. 2005.

MENEZES, M. P. C. Variabilidade e relações genéticas entre raças caprinas brasileiras, ibéricas e canárias. **Rev. Cient. de Prod. Ani.** v.7, n.1, 2005.

MEYER, A. S. **Comparação de coeficientes de similaridade usados em análise de agrupamento com dados de marcadores moleculares dominantes**. 2002. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 2002.

MOLENTO, M. B. et al. . Método FAMACHA<sup>®</sup> como parâmetro clínico individual de infecção por *Haemonchus contortus* em pequenos ruminantes. **Ciênc. Rur.** 34:1139-1145, 2004.



- MORRISON, D.F. Multivariate statistical methods. 2nd ed. Singapore: McGraw Hill. 415p. 1976.
- MOURA, J. O. et al. Diversidade genética em caprinos localmente adaptados no Brasil utilizando o beadchip 50k. **Actas Ibero-americanas de Cons. Anim.**- AICA. P. 92-97, 2015.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, Ottawa, v. 89, p.438-443, 1978.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **American Naturalist**, Chicago, v. 106. p. 283-292, 1972.
- NEI, M.; ROYCHOUDHURY, A. K. Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. **Genetics**. 76(2):379-90. 1974.
- NERY, P.S. et al. Effects of *Anacardium humile* leaf extracts on the development of gastrointestinal nematode larvae of sheep. **Vet. Parasit.**, v.171, p. 361-364, 2010.
- OLIVEIRA, J. C. V. et al. Genetic relationships between two homologous goat breeds from Portugal and Brazil assessed by microsatellite markers. **Sm. Rumi. Res.**, v.93, n.2-3, p.79-87, 2010.
- OLIVEIRA, J. C. V. et al. Avaliação morfoestutural de caprinos da raça Moxotó. **Arch. de Zoot.**, 56, 483-488. 2007.
- OLIVEIRA, M. V.; MOURA, M. S.; BARBOSA, F. C. Avaliação comparativa do método Famacha, volume globular e OPG em ovinos. **PUBVET**, Londrina, v. 5, n. 7, Ed. 154, Art. 1039, 2011.
- OUAFI, A. T. et al. Genetic diversity of the two main Moroccan goat breeds: phylogenetic relationships with four breeds reared in France. **Sm. Rum. Res.**, v. 45, n. 3, p. 225-233, 2002.
- PIRES, L.C. **Estudo da diversidade genética entre populações caprinas com base em marcadores morfométricos**. 2009. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, MG. 2009.
- POLIDO, P. B. et al. Marcadores moleculares aplicados no melhoramento genético de bovinos. **Arq. Ciênc. Vet. Zool.**, Umuarama, v. 15, n. 2, p. 161-169,. 2012.
- PORRAS-HURTADO L, et al. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings and supporting software. **Front. Genet.** 2013;4:1–13
- PRITCHARD, J. K.; WEN W. Documentation for structure software: Version 2.1. 2004.
- PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, 15:945–959, 2000.

- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley and Sons, 1952. 390 p.
- REGAZZI, A. J. INF 766 - **Análise multivariada**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Exatas e Tecnológicas. Departamento de Informática, 2001. 166p. Apostila de disciplina.
- RIBEIRO, M. N. et al. Drift across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. **J. of Anim. Breed. and Gen.**, v.129, n.1, p.79-87, 2012.
- RIBEIRO, S. D. DE A. **Caprinocultura: Criação racional de caprinos**. São Paulo: Nobel, 1998. p. 124.
- SILVESTRE, E. A. et al. A note on the distribution of genetic diversity of Anglo-Nubian goats in central-northern farms of Piauí, Brazil. **Rev. Bras. Zoot. Viçosa**, MG. v.44. no.4. 2015
- SOTOMAIOR, C. et al. Evaluation of FAMACHA<sup>®</sup> System: accuracy of anaemia estimation and use of the method on commercial sheep flocks. In: International seminar in animal parasitology, 5., 2003, Merida. **Proceedings...**, Merida: Senasica-inifap-infarvet-uady-fao-ampave, p. 61-66. 2003.
- SOTOMAIOR, C.S. et al. Identificação de ovinos e caprinos resistentes e susceptíveis aos helmintos gastrintestinais. **Rev. Acad.** v. 5, n. 4, p. 397-412, 2007.
- SOTOMAIOR, C. S. **Parasitoses gastrintestinais dos ovinos e caprinos:alternaturalizadas de controle**. Curitiba: Instituto EMATER, 36 p., 2009.
- SOUSA, B. B.; BENICIO, A. W. A.; BENICIO, T. M. A. Caprinos e ovinos adaptados aos trópicos. **J. Anim Behav Bio.** v.3, n.2, p.42-50. 2015.
- SOUSA W. H.; FONTES, M. C. Proposta de avaliação e classificação de carcaças de ovinos deslanados e caprinos. **Tecnol. & Ciên. Agropec.**, João Pessoa, v.4, n.4, p.41-51, dez. 2010.
- STRAPASSON, E.; VENCOSKY, R.; BATISTA, L.A.R. Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* sp por meio de componentes principais. **Rev. Bras. Zoot.**, Viçosa, MG, v.29, n.2, p.373-381, 2000.
- VARMUZA, K.; FILZMOSER, P. Introduction to Multivariate Statistical Analysis In Chemometrics. Boca Raton, Florida: CRC Press, 2009.
- VIEIRA, L. S. et al. **Panorama do controle de endoparasitoses em pequenos ruminantes**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2010.
- VILELA, V. L. R. Ensaios preliminares para validação do método FAMACHA<sup>®</sup> em condições de semiárido paraibano. **Rev. Bras. Parasitol. Vet.**, Jaboticabal, v. 17, Supl. 1, 154-157, 2008.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to system of mating. **Evolut., Lanc.**, v. 19, p. 395- 420, 1965.

YANG, L. et al. Determination of relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. **Anim. Gen.**, v.30, p.452-456, 1999.

#### 4. CAPÍTULO I

### **Caracterização da diversidade fenotípica de caprinos crioulos para uso sustentável**

## **Caracterização da diversidade fenotípica de caprinos crioulos para uso sustentável**

Resumo - O objetivo foi caracterizar fenotipicamente caprinos crioulos das raças Moxotó, Azul, Canindé, Repartida, Marota e Graúna comparando-os com as raças exóticas Boer, Anglo Nubiana e Alpina para identificar grupos genéticos de maior potencial para resistência à verminose e para carcaças qualidade. Utilizou-se medidas morfométricas, contagem de OPG, grau FAMACHA<sup>®</sup>, medidas carcaça, ECC e peso de 308 animais. Os caprinos Repartida apresentaram a maior média de AC (61,55 cm) e AG (62,16 cm) e os caprinos Moxotó o maior CO (13,45 cm). A raça Moxotó obteve as maiores médias de AOL, POL, ECC e peso. O menor peso médio foi dos caprinos Azul (24,35 kg). O menor valor máximo de OPG foi dos caprinos Repartida (200). O FAMACHA<sup>®</sup> obteve média de 2,77. O UPGMA foi o que melhor resumiu a informação dos dados morfométricos e de carcaça. A caracterização fenotípica a partir de medidas morfométricas foi eficiente na observação do grau de relacionamento dos indivíduos, identificou-se os grupos de animais com os melhores resultados para características de resistência no ambiente que estão sendo criados como também para as melhores condições de carcaça.

Termos para indexação: Avaliação de carcaça, recursos genéticos, resistência, morfometria.

## **Characterization of the phenotypic diversity of creole goats for sustainable use**

Abstract - We aimed to phenotypically characterize creole goats from Moxotó, Blue Goat, Canindé, Repartida, Marota, and Graúna breeds in comparison with the exotic breeds Boer, Anglo-Nubian, and Alpina in order to identify genetic groups with higher potential for resistance to worms and carcass quality. Morphometric measurements, faecal egg count,

25 FAMACHA<sup>®</sup> score, carcass measurements, body condition score, and body weight of 308  
26 animals were used. Repartida goats showed the highest mean values for withers height (61.55  
27 cm) and croup height (62.16 cm). Goats from Moxotó breed had the highest averages for ear  
28 length (13.45 cm), loin eye area, loin eye depth, body condition score, and body weight. The  
29 lowest average body weight was observed in Blue Goats (23.45 kg). Repartida goats had the  
30 lowest maximum value of FEC (200 eggs per gram). An average of 2.77 points was obtained  
31 for FAMACHA<sup>®</sup> score. UPGMA was the method which better summarized the information  
32 of morphometry and carcass data. The phenotypic characterization based on morphometric  
33 measurements was efficient in observing the degree of relationship between individuals. In  
34 addition, we identified the groups of animals with the best results for resistance traits in the  
35 environment where they have been raised as well as the best carcass conditions.

36 Index terms: Carcass evaluation, genetic resources, morphometry, resistance.

37

38

### **Introdução**

39 Os caprinos crioulos do Brasil foram introduzidos no país na época da colonização, e  
40 formaram os grupos genéticos regionais do Nordeste que apresentam características de  
41 rusticidade e adaptação as condições climáticas da região. Hoje, a criação destes animais esta  
42 restrita a poucos rebanhos de conservação, tornando-os ameaçados de extinção (Pires, 2011).

43 A manutenção da diversidade genética intra-população é fundamental para  
44 sobrevivência das populações crioulas e, no caso dos programas de melhoramento genético, a  
45 garantia de que se pode estabelecer pressão de seleção e aumento de produção (Machado et  
46 al.,2008).

47 De acordo com Egito et al. (2002), a caracterização fenotípica continua sendo, a  
48 primeira forma de aproximação do padrão racial e base para programas de conservação e

49 melhoramento genético animal). As medidas morfométricas de comprimento do corpo,  
50 profundidade torácica, altura da cernelha e da garupa, são importantes medidas corporais, pois  
51 indicam o rendimento de carcaça e a capacidade digestiva e respiratória dos animais (Neto et  
52 al., 2006). Associado a isso, a seleção de animais resistentes a ecto e endoparasitas e com  
53 carcaças com características desejáveis, também são critérios importantes na escolha de  
54 animais superiores geneticamente em rebanhos com foco em conservação sustentável.

55 A utilização de técnicas de avaliação *in vivo* como a ultrassonografia é de grande  
56 valia, já que permitem o acesso a informações de carcaça e desempenho na produção de  
57 carne, sem a necessidade de abater dos animais e podem ser estimadas com um elevado grau  
58 de precisão (Figueiredo Filho et al., 2012).

59 O controle de helmintos na caprinocultura baseia-se no uso de drogas antiparasitárias,  
60 sendo esta prática muitas vezes feita sem nenhum critério acarretando nos animais a  
61 resistência anti-helmíntica (Da Silva, 2014). Por conta disso, há animais tratados sem  
62 necessidade, seleção de parasitas resistentes aos diferentes princípios ativos, mortalidade de  
63 animais debilitados e elevado custo com a aquisição dos produtos. A vermifugação seletiva a  
64 partir da resposta do uso do cartão FAMACHA<sup>®</sup> é uma alternativa viável.

65 De um modo geral, os principais objetivos dos programas de melhoramento apontam  
66 para a preservação das raças locais e para o aumento da produtividade ou da eficiência dos  
67 sistemas de produção de forma a contribuir para a melhoria dos rendimentos dos criadores  
68 (Egito et al., 2002; Machado et al., 2008). Por conta de patologias como a verminose, existe  
69 uma grande possibilidade de os animais só atingirem o peso ideal ao abate em idade avançada  
70 e com carcaças de baixa qualidade, resultando em produção sazonal e fornecimento irregular  
71 de carne ao mercado consumidor.

72 O objetivo com esta pesquisa foi de caracterizar fenotipicamente os caprinos crioulos  
73 das raças Moxotó, Azul, Canindé, Repartida, Marota e Graúna comparando-os com as raças

74 exóticas Boer, Anglo Nubiana e Alpina para identificar os grupos genéticos de maior  
75 potencial para resistência à verminose e para carcaças de boa qualidade.

76

77

### **Material e Métodos**

78 A pesquisa foi realizada após aprovação pelo Comitê de Ética e Experimentação  
79 Animal/CEEA da Universidade Federal do Piauí (UFPI), conforme certificado nº 150/16, em  
80 uma fazenda localizada no município de Elesbão Veloso, Piauí (latitude 06°12'07" sul e  
81 longitude 42°08'25" oeste). As visitas à propriedade ocorreram no mês de junho de 2016 para  
82 a realização das coletas. Foram utilizados 264 caprinos das raças crioulas Moxotó (55), Azul  
83 (45), Canindé (57), Repartida (40), Marota (30), Graúna (37) e 44 caprinos das raças exóticas  
84 Alpina (19), Boer (12) e Anglo Nubiana (13), totalizando 308 animais, estes, foram utilizados  
85 para comparação e avaliação da possibilidade de introgressão destas raças nas crioulas. Na  
86 propriedade, os animais são separados por raça em currais de chão batido e criados no sistema  
87 semi-intensivo, com alimentação de pastagem nativa e suplementação com silagem de milho.  
88 Não há um controle reprodutivo efetivo e o controle sanitário é feito com vermifugação a cada  
89 seis meses e aplicação de medicamentos quando há necessidade.

90 As contagens de OPG foram realizadas utilizando a técnica de Gordon & Whitlock  
91 (1939) e para a verificação da cor da mucosa ocular foi adotado o método FAMACHA<sup>®</sup>  
92 (Molento et al., 2004). O resultado do FAMACHA<sup>®</sup> associado à contagem de OPG, foi  
93 utilizado para inferir sobre o potencial do animal quanto à resistência a verminose.

94 Na avaliação de carcaça, foram coletados informações sobre o escore corporal (ECC)  
95 pela palpação da região lombar do animal por um único observador, atribuindo escala de 1 a  
96 5. As medidas ultrassonográficas de área de olho de lombo (AOL) e profundidade de olho de  
97 lombo (POL) foram tomadas a  $\frac{3}{4}$  do comprimento ventral do músculo e entre a 12<sup>a</sup> e 13<sup>a</sup>  
98 costelas. A espessura de gordura esternal (EGE) foi medida na região mediastínica peitoral da



99 3ª esternébra. As imagens foram analisadas com o aparelho Chison Vet 660, equipado com  
100 um transdutor linear de 3,5 MHz. Simultaneamente a cada coleta, os animais foram pesados  
101 com balança analógica com capacidade para até 100kg.

102 Com auxílio de fita métrica, foram tomadas as seguintes medidas corporais: altura da  
103 cernelha (AC), altura da garupa (AG), comprimento do corpo (CC), comprimento da orelha  
104 (CO), circunferência torácica (CT) e altura da pata (AP).

105 As análises estatísticas foram realizadas no software R versão 3.2.1. Foram feitas  
106 análises de média, desvio padrão e coeficiente de variação, análise de variância com as  
107 medidas morfométricas de AC, AG, CC, AP, CT e CO, e medidas de carcaça de AOL, POL,  
108 EGE, ECC e peso e da contagem de OPG e FAMACHA<sup>®</sup> comparadas pelo teste SNK a 5%  
109 de significância. Foram calculados os coeficientes de correlação de Pearson para verificar a  
110 associação entre as variáveis AOL, POL, EGE, ECC e peso e entre OPG, FAMACHA<sup>®</sup>, ECC  
111 e peso.

112 Para o estudo de diversidade, foi realizada análise de agrupamento (AA), adotando a  
113 distância Euclidiana média como medida de dissimilaridade entre as raças, utilizando os  
114 métodos de ligação simples, UPGMA (Unweighted Pair-Group Average) e ligação completa,  
115 estabelecendo dendrogramas com grupos de maior similaridade fenotípica. Foi feito um  
116 *bootstrap* com 1000 reamostragens do dendrograma, a fim de fornecer a porcentagem de  
117 replicadas similares aos dados originais explicando os agrupamentos que apresentaram valor  
118 de confiabilidade acima de 50 %. Para a escolha adequada do método de agrupamento,  
119 calculou-se o valor do coeficiente de correlação cofenética proposto por Sokal & Rohlf  
120 (1962).

## 121 **Resultados e discussão**

122 As médias das características métricas para os caprinos crioulos e exóticos estão  
123 apresentadas na Tabela 1. Quanto ao porte, os animais do grupo Repartida apresentaram a

124 maior média de AC (61,55 cm), AG (62,16) e CC (71,46 cm) sem diferença significativa  
125 entre as demais crioulas ( $P>0,05$ ). A CT, entre os caprinos crioulos, teve o maior valor na raça  
126 Canindé com média de 62,07 cm ( $P>0,05$ ). Estes resultados indicam animais maiores e mais  
127 robustos. Em relação a CT, de acordo com Almeida (2007), o maior desenvolvimento torácico  
128 reflete diretamente na melhor capacidade respiratória e ingestão de matéria seca, o que  
129 propicia maior rendimento produtivo do animal. As três raças exóticas, apresentaram-se  
130 médias de AC e AG, sem diferença significativa ( $P>0,05$ ), CT dessemelhantes entre Alpina e  
131 Boer ( $P<0,05$ ) e CC semelhante entre Alpina e Anglo Nubiana ( $P>0,05$ ).

132 Os caprinos Moxotó apresentaram dentre os animais crioulos, o maior CO com média  
133 de 13,45 cm ( $P>0,05$ ), este resultado pode estar sendo conferido por cruzamentos com  
134 animais de raças exóticas, o que leva a crer que o tamanho da orelha é também uma forma de  
135 identificar miscigenação dos animais crioulos com raças exóticas (Nascimento, 2010). O CO  
136 não apresentou diferença entre Anglo Nubiana e Boer, cujas médias foram, respectivamente,  
137 iguais a 19,79 e 19,83 ( $P>0,05$ ) e entre estas duas raças e a raça Alpina, as médias de CO  
138 foram significativas ( $P<0,05$ ).

139 O maior valor de AP foi dos caprinos Canindé com média de 36,37 cm e com  
140 diferença significativa ( $P<0,05$ ) entre as médias dos caprinos Graúna (32,08 cm) e Marota  
141 (30,38) . As cabras exóticas mais pernaltas foram Anglo Nubiana (37,50 cm) e Alpina (34,89  
142 cm) com médias não significativas ( $P>0,05$ ), e a raça Boer (34,75 cm), comparada a estas  
143 raças apresentou resultado significativo ( $P<0,05$ ). Não houve diferença significativa ( $P<0,05$ )  
144 para AP entre as raças Canindé, Alpina, Anglo Nubiana e Boer,

145 Na avaliação de carcaça (Tabela 2), as maiores médias para todas as características  
146 mensuradas entre os caprinos exóticos são da raça Boer ( $P<0,05$ ). Entre Alpina e Anglo  
147 Nubiana, as médias de todas as características apresentaram resultados não significativos  
148 ( $P>0,05$ ). Dentre os caprinos crioulos, a maior média de AOL foi da raça Moxotó de 5,63 cm<sup>2</sup>

149 (( $P < 0,05$ ) e a menor média da raça Marota de 3,47 cm<sup>2</sup>. O peso variou de 24,35 kg para os  
150 caprinos Azul e 30,35 kg para os caprinos Moxotó. De acordo com Lima Neto et al. (2009), a  
151 elevação do peso corporal aumenta a área do *Longissimus dorsi*, e a partir dessa informação,  
152 foi observado que a raça Moxotó, que apresentou a maior média para AOL, foi a de maior  
153 média de peso. Das raças exóticas, a raça Boer apresentou a maior média de AOL (6,64 cm<sup>2</sup>)  
154 e consequentemente, a maior média de peso (52,00 kg).

155 A POL apresentou a maior média para a raça Moxotó (1,67 cm) e menor valor para os  
156 caprinos Graúna (1,29 cm) sem diferença significativa ( $P > 0,05$ ). Assim como AOL, a POL  
157 indica a musculabilidade da carcaça. Entre as raças exóticas, a maior POL observada foi para a  
158 raça Boer (1,98 cm). Na EGE, não houve diferença ( $P > 0,05$ ) entre as médias de Anglo  
159 Nubiana e Alpina, e a raça Boer apresentou a maior média (4,10 mm). A maior deposição de  
160 gordura na região esternal foi observada na raça Moxotó, com média de 3,77 mm, este valor  
161 quando comparado a raça Marota (2,89 mm) apresentou diferença significativa ( $P < 0,05$ ).

162 Segundo Shittu et al. (2014) espera-se que cabras saudáveis situem-se num intervalo  
163 de ECC de 2 a 3,5, nesta pesquisa, o ECC apresentou escalas com médias de 2,59 para a raça  
164 Canindé e Repartida, até 3,11 para a raça Moxotó. A raça Boer apresentou o maior valor  
165 (3,45), e das raças crioulas, citado anteriormente, a raça Moxotó.

166 Para programas de melhoramento genético, os animais precisam apresentar o melhor  
167 desempenho com carcaças de boa qualidade demonstrando maiores rendimentos para  
168 produção de carne. Entre as raças crioulas, a que mais se destacou foi a Moxotó, esta pode ser  
169 indicada para ser inserida em programas futuros visando melhorar ainda mais o seu potencial  
170 para produção de carne.

171 A partir de escala estabelecida por Ueno & Gonçalves (1998), o grau de infecção  
172 apresentou-se em escala de leve infecção, com maior valor igual a 700 entre os nove  
173 rebanhos. Considerando o sistema de criação que os animais foram submetidos pode-se inferir

174 que não houve possibilidade de distinção entre animais resistentes ou susceptíveis,  
175 provavelmente em função dos baixos níveis de riscos de infecção que não propiciou  
176 condições adequadas para o ciclo de vida dos parasitas.

177 As médias de OPG e FAMACHA<sup>®</sup> estão apresentadas na Tabela 3. Não houve  
178 diferença significativa entre a média de OPG entre os caprinos crioulos ( $P>0,05$ ). A maior  
179 média observada para OPG foi dos caprinos Azul, 146,34, com valor máximo encontrado de  
180 700, e a menor média foi dos caprinos Repartida, 47,22, com valor máximo de 200. Canindé,  
181 Marota e Graúna apresentaram médias respectivas de 50,98, 85,18 e 84,37, todas  
182 apresentaram valor máximo de OPG de 400 entre os indivíduos. Moxotó apresentou média de  
183 87,75 com o maior valor de 600 OPG. Entre as raças exóticas também não foi observado  
184 diferença significativa ( $P>0,05$ ). A raça Alpina apresentou o menor valor máximo de OPG,  
185 100, e a média foi de 27,77, Anglo Nubiana e Boer obtiveram valor máximo de 200 com  
186 média de respectivamente 16,66 e 33,33.

187 O resultado para o grau FAMACHA<sup>®</sup> apresentou média de 2,77, semelhante ao  
188 encontrado por Cavele (2009). O menor valor foi da raça Marota (2,59) e o maior, para a raça  
189 Graúna (3,18). As raças exóticas apresentaram valores de 3,0 para a raça Boer, 2,61 para a  
190 raça Alpina e 2,66 para a Anglo Nubiana. Os caprinos Azul apresentaram grau de 2,73,  
191 Moxotó e Repartida de 2,61 e Canindé com 2,94.

192 Apesar da diferença entre os caprinos exóticos e crioulos com relação aos resultados  
193 de OPG e FAMACHA<sup>®</sup>, ainda assim, pode-se destacar a resistência, rusticidade e  
194 adaptabilidade destes animais no ambiente onde estão sendo criados.

195 As correlações entre o grau FAMACHA<sup>®</sup>, OPG, ECC e peso estão apresentadas na  
196 Tabela 4. Não foi observado correlação entre FAMACHA<sup>®</sup> e OPG, sendo estes resultados  
197 contrários a Abrão et al. (2010), onde a correlação encontrada foi de baixa magnitude,  
198 afirmando que esse fato ocorre quando a nutrição participa na resposta ao parasitismo

199 gastrointestinal e quando a carga parasitária por *Haemoncus contortus*. Para Salgado (2011), o  
200 resultado foi semelhante a esta pesquisa, este autor afirmou que apesar do *Haemoncus*  
201 *contortus* ter sido o parasito predominante encontrado, a grande carga parasitária de  
202 nematóides do gênero *Trichostrongylus sp.* que também foi encontrado, pode causar elevação  
203 do OPG e não aumentar o FAMACHA<sup>®</sup> por esses parasitos não serem hematófagos. Nesta  
204 pesquisa, o grau OPG encontrado foi considerado de leve infecção e o grau FAMACHA<sup>®</sup>  
205 para determinados grupos de animais, considerou uma avaliação do estado nutricional do  
206 animal antes de decidir a vermifugação.

207 Entre FAMACHA<sup>®</sup> e ECC a correlação encontrada foi baixa e negativa (-0,24),  
208 indicando que em baixa magnitude, os animais com melhor condição corporal apresentaram o  
209 menor grau FAMACHA<sup>®</sup>. Observou também correlação baixa entre FAMACHA<sup>®</sup> e peso  
210 (0,16). Entre OPG e ECC, a correlação também foi baixa (0,12), sendo que os animais com  
211 melhor ECC obtiveram menor grau de infecção parasitária, e entre OPG e peso, foi observado  
212 correlação baixa e negativa (-0,18). Tanto o ECC quanto o peso podem representar a condição  
213 nutricional do animal, então, animais com melhores respostas nutricionais podem apresentar  
214 menor grau de infecção e possivelmente menores valores de OPG. Apesar da correlação ter  
215 sido baixa entre ECC e peso (0,19), os animais que tiveram maior peso, apresentaram os  
216 melhores valores de ECC, porém, em baixa magnitude.

217 Nas correlações entre as medidas de carcaça AOL e POL, a correlação apresentou-se  
218 moderada positiva (0,61), consideradas representativas direta de musculosidade (Tabela 5). Já  
219 entre o ECC e peso, AOL apresentou correlação relativamente baixa Houve correlação baixa  
220 e negativa entre a EGE e o ECC (-0,31), explicando que animais mesmo apresentando o  
221 maior escore, tendem a ter menor deposição de gordura na região esternal. Figueiredo Filho et  
222 al. (2012), trabalhando com caprinos, afirmaram que o aumento da musculosidade da carcaça

223 tende a ser acompanhado pela deposição de gordura na região esternal em média magnitude,  
224 já que esse local é o principal depósito de gordura subcutânea em caprinos.

225 O peso e a EGE são correlacionados em baixa magnitude, ou seja, quanto menor o  
226 peso dos animais, menor será a EGE. Na idade adulta, quanto maior o peso melhor será, em  
227 proporções moderadas, a avaliação nutritiva do animal com a utilização dos escores visuais, o  
228 que confirma resultados observados na literatura (Barbosa et al., 2009). Comparado a AOL e  
229 POL, a correlação foi moderada e positiva para o peso de modo a indicar que animais com  
230 maior peso tendem a maiores valores de área e profundidade de olho de lombo.

231 A partir da menor distância referente às características morfométricas de AC, AG,  
232 AP, CC, CT e CO, foram gerados dendrogramas, onde os valores de *bootstrap* acima de 50%  
233 demonstraram confiança na formação dos nódulos do dendrograma apresentado (Figura 1).  
234 Embora a estrutura geral dos agrupamentos tenham sido semelhantes, pode-se observar que  
235 houve pequenas alterações nos níveis em que os indivíduos são agrupados, ou seja, os  
236 indivíduos que estão dentro de um mesmo grupo podem ser agrupados em outra ordem,  
237 quando os métodos aglomerativos são modificados

238 Apenas o método da ligação simples separou a raça Boer em um grupo, porém, sem  
239 muita consistência, visto que apresentou um valor de *bootstrap* de apenas 44,0%. O método de  
240 aglomeração pela ligação simples (Figura 1a) apresentou maior diferenciação quando  
241 comparado ao UPGMA (Figura 1b) e ligação completa (Figura 1c). Enquanto o UPGMA e  
242 ligação completa agruparam as raças crioulas em um agrupamento separada das raças exóticas  
243 Boer, Alpina e Anglo Nubiana.

244 Observa-se que independente do método, os caprinos Azul e Moxotó permanecem  
245 em um mesmo subgrupo e com *bootstraps* consistentes de 96,0%, estes animais não  
246 apresentaram diferenças significativas entre as medidas morfométricas e podem estar sendo  
247 selecionados a partir delas. Outra hipótese é que estes animais podem ter ancestrais comuns,

248 visto que ao longo dos anos passaram por processos de evolução e seleção natural adquirindo  
249 características morfométricas semelhantes. Com os resultados de correlação cofenética para  
250 cada um dos métodos, o UPGMA apresentou maior valor (0,88), portanto, este método foi o  
251 mais adequado para resumir a informação do conjunto de dados.

252 Os agrupamentos obtidos para as características de carcaça mostraram que a raça  
253 Boer, nos três métodos, formou um agrupamento isolado das demais (Figura 2). De acordo  
254 com as médias obtidas, foi à raça que apresentou os maiores valores. Os três métodos  
255 dividiram as raças em dois grupos, o primeiro com a raça Boer que de acordo com as médias  
256 obtidas, foi a raça que apresentou os maiores valores, e um segundo grupo com as demais  
257 raças com *bootstaps* de 74,0% no método da ligação simples (Figura 2a), 68,0% no UPGMA  
258 (Figura 2b) e 69,0% no método da ligação completa (Figura 2c). Assim como para as  
259 características morfométricas, o UPGMA obtido a partir das medidas de carcaça apresentou  
260 maior valor de correlação cofenética, igual a 0,95, sendo a melhor solução para a estrutura dos  
261 agrupamentos.

262

263

### **Conclusão**

264 1 - A caracterização fenotípica a partir das medidas morfométricas foi eficiente na  
265 observação do grau de relacionamento entre os indivíduos.

266 2 - Foi possível identificar a raça Moxotó como o grupo de animais com os melhores  
267 resultados para características de carcaça que poderá ser indicada para futuros programas de  
268 melhoramento genético

269 3- No ambiente onde estão sendo criados, todos os caprinos crioulos apresentaram-se  
270 resistentes aos endoparasitas.

271

272

273  
274  
275  
276  
277  
278  
279  
280  
281  
282  
283  
284  
285  
286  
287  
288  
289  
290  
291  
292  
293  
294  
295  
296  
297  
298  
299  
300  
301  
302  
303  
304  
305  
306  
307  
308  
309  
310  
311  
312  
313  
314  
315  
316  
317

## Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), a Universidade Federal do Piauí (UFPI), ao Grupo de estudos em melhoramento genético animal (GEMA) e ao proprietário da Fazenda Faveira, Sr. José Dantas.

## Referências

ABRÃO, D. C.; ABRÃO, S.; VIANA, C. H. C.; VALLE, C. R. Utilização do método FAMACHA no diagnóstico clínico individual de haemoncose em ovinos no Sudoeste do Estado de Minas Gerais. **Revista Brasileira Parasitologia Veterinária**, Jaboticabal, v. 19, n. 1, p. 70-72. 2010.

ALMEIDA, M. J. O. de. **Caracterização de caprinos da raça Marota no Brasil**. 2007. 128p. Tese (Doutorado) - da Universidade Federal da Paraíba, Areia.

BARBOSA, L. P.; RODRIGUES, M. T.; GUIMARÃES, J. D.; MAFFILI, V. V.; AMORIM, L. S.; GARCEZ NETO, A. F. G.. Condição corporal e desempenho produtivo de cabras Alpinas no início de lactação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 11, p. 2137-2143, 2009.

CAVELE, A. **Variáveis clínica, parasitológica, hematológica e bioquímica de caprinos e ovinos infectados naturalmente por nematóides gastrintestinais sob o mesmo sistema de produção**. 2009. 99p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal da Bahia. Salvador.

DA SILVA, H. M. Nematodioses gastrointestinais de caprinos: uma revisão. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 2, p. 199-208, 2014.

EGITO, A. A.; MARIANTE, A. da S.; ALBUQUERQUE, M. S. M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Archivos de Zootecnia**, v. 51, n. 193-194, p. 39-52, 2002.

FIGUEIREDO FILHO, L. A. S.; SARMENTO, J. L. R.; CAMPELO, J. E. G.; DA SILVA SANTOS, N. P.; SOUSA JÚNIOR, A. de. Medidas de características da carcaça por meio de ultrassonografia em caprinos. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 13, n. 3, p. 804-814, 2012.

GORDON, H. M.; WHITLOCK, H. V. A new technique for counting nematode eggs in sheep faeces.. **Journal of the council for Scientific and Industrial Research**, v. 12, n. 1, p. 50-52, 1939.

LIMA NETO, H. R.; BERGMANN, J. A. G.; GONÇALVES, T. M.; ARAÚJO, F. R. C.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; SILVA, M. A.; SAIZ, R. D. Parâmetros genéticos para características de carcaça avaliadas por ultrassonografia em bovinos da raça Guzerá. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, p. 251-258, 2009.



318  
319 MACHADO, T. M. M.; PIRES, L. C.; ARAÚJO, A. M.. Conservação e melhoramento  
320 genético de caprinos com o auxílio de caracteres morfológicos e biométricos. **Caprinos e**  
321 **Ovinos. Tecnologias para produção lucrativa no Nordeste. Fortaleza: BNB**, v. 1, p. 363-  
322 379, 2008.

323  
324 MOLENTO, M. B.;TASCA, C.; GALLO, A.; FERREIRA, M.; BONONI, R.; STECCA, E. .  
325 Método Famacha como parâmetro clínico individual de infecção por *Haemonchus contortus*  
326 em Pequenos ruminantes. **Ciência Rural**, v. 34, n. 4, p. 1139-1145, 2004.

327  
328 NASCIMENTO, R. B. de. **Caracterização morfoestrutural e do sistema de criação de**  
329 **caprinos Moxotó em seu centro de origem com base no conhecimento local**. 2010. 75p.  
330 Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

331  
332 NETO, A. C.; LUI, J. F.; RIBEIRO, M. N.; MALAVOLTA, F. C.; COELHO, J. G. Estudo de  
333 características de tipo em coelhos da raça Nova Zelândia Branca no Estado de São  
334 Paulo. **Revista Caatinga**, v. 19, n. 1, 2006.

335  
336 SALGADO, J. A. **Sistema de produção de cordeiros e seu efeito na infecção por**  
337 **heomintos gastrintestinais**. 2011. 66p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do  
338 Paraná, Curitiba.

339  
340 SHITTU, A.; ZAHARADEEN, M. M.;FASINA, F. O.;UMARU, M. A.; AHMED, A.  
341 Classification of slaughtered animals and estimation of body condition scores during rainy  
342 season in Sokoto abattoir. **Sokoto Journal of Veterinary Sciences**, v. 12, n. 2, p. 31-40,  
343 2014.

344  
345 SOKAL, R.R.; ROHLF, F. J. James. The comparison of dendrograms by objective  
346 methods. **Taxon**, p. 33-40, 1962.

347  
348 UENO, H.; GONÇALVES, P.C. **Manual para diagnóstico das helmintoses de ruminantes**.  
349 4.ed. Tóquio : Japan International Cooperation Agency, 145p, 1998.

350  
  
351  
  
352  
  
353  
  
354  
  
355  
  
356  
  
357  
  
358

359 **Tabela 1.** Média da altura na cernelha (AC) e na garupa (AG), altura da pata (AP),  
 360 circunferencia torácica (CT) e comprimento do corpo (CC), comprimento da orelha (CO) de  
 361 caprinos crioulos Canindé (CAN), Moxotó (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e  
 362 Marota (MR) e exóticos Anglo Nubiana (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).

	AC	AG	AP	CT	CC	CO
	cm <sup>2</sup>					
<b>CRIoulos</b>						
<b>CAN</b>	60,87 <sup>b</sup>	61,19 <sup>b</sup>	36,37 <sup>ab</sup>	62,07 <sup>cd</sup>	70,22 <sup>bc</sup>	12,92 <sup>b</sup>
<b>MX</b>	59,12 <sup>b</sup>	59,01 <sup>b</sup>	32,36 <sup>bdc</sup>	57,76 <sup>d</sup>	66,25 <sup>c</sup>	13,45 <sup>b</sup>
<b>AZ</b>	59,37 <sup>b</sup>	59,54 <sup>b</sup>	32,72 <sup>bdc</sup>	58,58 <sup>d</sup>	66,08 <sup>c</sup>	13,27 <sup>b</sup>
<b>RP</b>	61,55 <sup>b</sup>	62,16 <sup>b</sup>	32,56 <sup>bdc</sup>	60,83 <sup>cd</sup>	71,46 <sup>bc</sup>	13,09 <sup>b</sup>
<b>GR</b>	59,51 <sup>b</sup>	59,75 <sup>b</sup>	32,08 <sup>dc</sup>	62,00 <sup>cd</sup>	70,20 <sup>bc</sup>	13,10 <sup>b</sup>
<b>MR</b>	58,09 <sup>b</sup>	58,67 <sup>b</sup>	30,38 <sup>d</sup>	59,40 <sup>cd</sup>	69,95 <sup>c</sup>	13,27 <sup>b</sup>
<b>EXÓTICOS</b>						
<b>AL</b>	65,81 <sup>a</sup>	67,05 <sup>a</sup>	34,89 <sup>abc</sup>	64,78 <sup>b</sup>	76,10 <sup>b</sup>	12,65 <sup>b</sup>
<b>NA</b>	67,16 <sup>a</sup>	68,08 <sup>a</sup>	37,50 <sup>a</sup>	64,08 <sup>bc</sup>	74,33 <sup>b</sup>	19,79 <sup>a</sup>
<b>BO</b>	66,33 <sup>a</sup>	66,66 <sup>a</sup>	34,75 <sup>abc</sup>	69,58 <sup>a</sup>	81,83 <sup>a</sup>	19,83 <sup>a</sup>
<b>CV (%)</b>	8,97	9,28	15,03	9,87	10,38	9,55

363 \*Medias seguidas de mesma letra na coluna não apresentam diferença significativa pelo Teste SNK a  
 364 5,0% de probabilidade (P>0,05).

365

366

367

368

369 **Tabela 2.** Médias para área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL),  
 370 espessura de gordura esternal (POL.), escore da condição corporal (ECC) e peso de caprinos  
 371 crioulos Canindé (CAN), Moxotó (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e Marota  
 372 (MR) e exóticos Anglo Nubiana (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).

	<b>AOL</b>	<b>POL</b>	<b>EGE</b>	<b>ECC</b>	<b>PESO</b>
	<b>(cm<sup>2</sup>)</b>	<b>(cm)</b>	<b>(mm)</b>		<b>(kg)</b>
<b>CRIoulos</b>					
<b>CAN</b>	4,50 <sup>c</sup>	1,53 <sup>bc</sup>	3,73 <sup>ab</sup>	2,59 <sup>bc</sup>	29,31 <sup>cd</sup>
<b>MX</b>	5,63 <sup>b</sup>	1,67 <sup>b</sup>	3,77 <sup>ab</sup>	3,11 <sup>ab</sup>	30,35 <sup>cd</sup>
<b>AZ</b>	4,62 <sup>c</sup>	1,50 <sup>bc</sup>	3,39 <sup>bc</sup>	2,70 <sup>bc</sup>	24,35 <sup>d</sup>
<b>RP</b>	3,82 <sup>c</sup>	1,35 <sup>c</sup>	4,38 <sup>a</sup>	2,59 <sup>bc</sup>	27,77 <sup>d</sup>
<b>GR</b>	4,04 <sup>c</sup>	1,29 <sup>c</sup>	4,48 <sup>a</sup>	2,62 <sup>bc</sup>	28,93 <sup>cd</sup>
<b>MR</b>	3,47 <sup>c</sup>	1,33 <sup>c</sup>	2,89 <sup>cd</sup>	2,70 <sup>bc</sup>	24,80 <sup>d</sup>
<b>EXÓTICOS</b>					
<b>AL</b>	3,90 <sup>c</sup>	1,41 <sup>bc</sup>	2,71 <sup>d</sup>	2,70 <sup>bc</sup>	37,25 <sup>b</sup>
<b>NA</b>	3,65 <sup>c</sup>	1,55 <sup>bc</sup>	2,33 <sup>d</sup>	2,16 <sup>c</sup>	34,44 <sup>bc</sup>
<b>BO</b>	6,64 <sup>a</sup>	1,98 <sup>a</sup>	4,10 <sup>a</sup>	3,45 <sup>a</sup>	52,00 <sup>a</sup>
<b>CV (%)</b>	28,56	19,89	22,16	23,48	24,53

373 \*Médias seguidas de mesma letra na coluna não apresentam diferença significativa pelo Teste SNK a  
 374 5,0% de probabilidade (P>0,05).

375

376

377

378 **Tabela 3.** Médias para OPG e FAMACHA<sup>©</sup> de caprinos crioulos Canindé (CAN), Moxotó  
 379 (MX), Azul (AZ), Repartida (RP), Graúna (GR) e Marota (MR) e exóticos Anglo Nubiana  
 380 (AN), Boer (BO) e Alpina (AL).

	<b>OPG</b>	<b>FAMACHA<sup>©</sup></b>
<b>CRIoulos</b>		
<b>CAN</b>	50,98 <sup>ab</sup>	2,94 <sup>a</sup>
<b>MX</b>	87,75 <sup>ab</sup>	2,61 <sup>a</sup>
<b>AZ</b>	146,34 <sup>a</sup>	2,73 <sup>a</sup>
<b>RP</b>	47,22 <sup>ab</sup>	2,61 <sup>a</sup>
<b>GR</b>	84,37 <sup>ab</sup>	3,18 <sup>a</sup>
<b>MR</b>	85,18 <sup>ab</sup>	2,59 <sup>a</sup>
<b>EXÓTICOS</b>		
<b>AL</b>	27,77 <sup>b</sup>	2,61 <sup>a</sup>
<b>NA</b>	16,66 <sup>b</sup>	2,66 <sup>a</sup>
<b>BO</b>	33,33 <sup>b</sup>	3,00 <sup>a</sup>
<b>CV (%)</b>	169,49	30,41

381 \*Médias seguidas de mesma letra na coluna não apresentam diferença significativa pelo Teste SNK a

382 5,0% de probabilidade (P>0,05).

383

384

385

386

387

388

389

390

391

392 **Tabela 4.** Correlação de Pearson entre o grau FAMACHA<sup>®</sup>, OPG, ECC e peso de caprinos  
393 entre caprinos exóticos e crioulos.

	<b>FAMACHA<sup>®</sup></b>	<b>OPG</b>	<b>ECC</b>	<b>PESO</b>
<b>FAMACHA<sup>®</sup></b>	1,00	-0,07	-0,24	0,16
<b>OPG</b>		1,00	0,12	-0,18
<b>ECC</b>			1,00	0,19
<b>PESO</b>				1,00

394

395

396

397

398

399

400

401

402

403

404

405

406

407

408

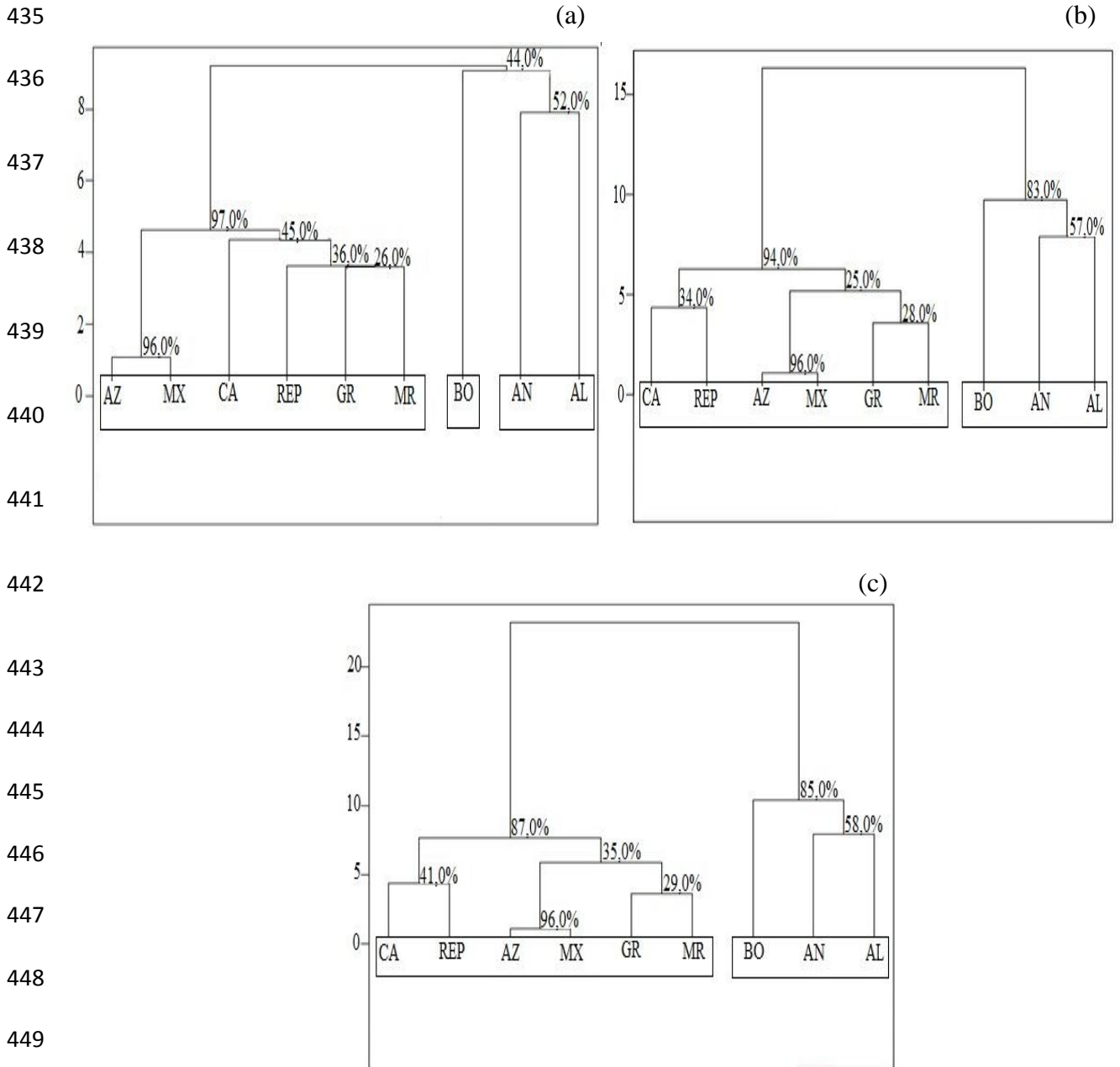
409

410

411 **Tabela 5.** Correlação de Pearson entre as características de área de olho de lombo (AOL),  
412 profundidade de olho de lombo (POL), espessura de gordura esternal (EGE), escore da  
413 condição corporal (ECC) e peso de exóticos e crioulos

	<b>AOL</b>	<b>POL</b>	<b>EGE</b>	<b>ECC</b>	<b>PESO</b>
<b>AOL</b>		0,61	0,19	0,46	0,47
<b>POL</b>			0,14	0,26	0,41
<b>EGE</b>				-0,31	0,14
<b>ECC</b>					0,30

414  
415  
416  
417  
418  
419  
420  
421  
422  
423  
424  
425  
426  
427  
428  
429  
430  
431  
432  
433  
434



450 **Figura 1.** Dendrogramas baseados na Distância Euclidiana Média entre as raças de caprinos  
 451 Boer (BO), Anglo Nubiana (AN), Alpina (AL) , Marota (MR), Graúna (GR), Repartida  
 452 (REP), Moxotó (MX), Azul (AZ) e Canindé (CA). Método da ligação simples (a), UPGMA  
 453 (b) e ligação completa (c) para as medidas morfométricas de altura de cernelha (AC), altura  
 454 de garupa (AG), comprimento do corpo (CC), circunferencia torácica (CT), altura da pata  
 455 (AP) e comprimento de orelha (CO).

456

457

(a)

(b)

458

459

460

461

462

463

464

465

466

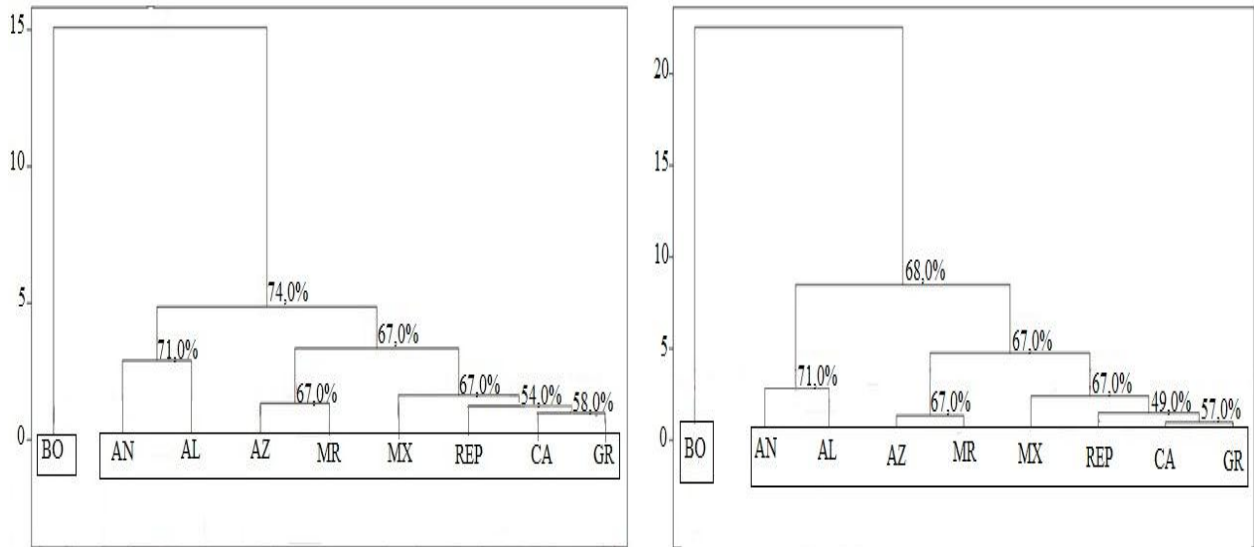
467

468

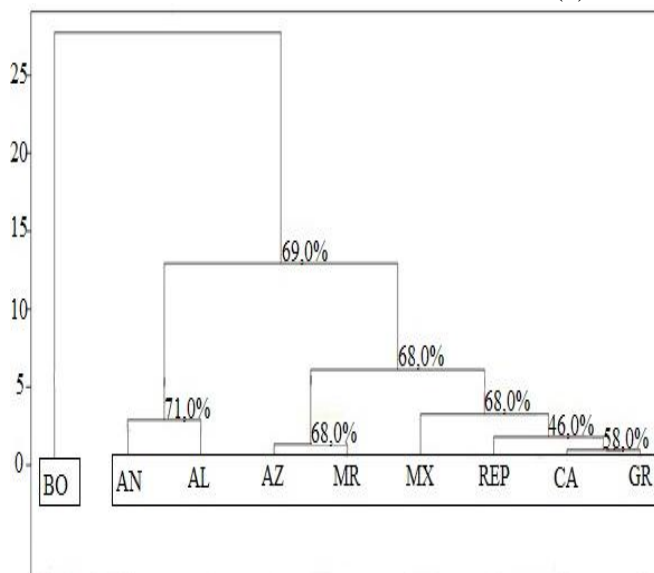
469

470

471



(c)



472

473

474

475

476

477

**Figura 2.** Dendrogramas baseados na Distancia Euclidiana Média entre as raças de caprinos Boer (BO), Anglo Nubiana (AN), Alpina (AL), Marota (MR), Graúna (GR), Repartida (REP), Moxotó (MX), Azul (AZ) e Canindé (CA). Método da ligação simples (a), UPGMA (b) e ligação completa (c) baseado nas medidas de área de olho de lombo (AOL), profundidade de olho de lombo (POL), espessura de gordura esternal (EGE), escore da condição corporal (ECC) e peso.



## **5. CAPÍTULO II**

### **Caracterização genética de caprinos naturalizados**

## Caracterização genética de caprinos naturalizados

**Resumo:** O objetivo com esta pesquisa foi de caracterizar geneticamente raças de caprinos naturalizados criadas em fazenda no município de Elesbão Veloso, Piauí, a fim de auxiliar na manutenção da máxima variabilidade possível dentro de suas populações, identificar os indivíduos mais representativos de cada raça e recomendá-los para reprodução a fim de contribuir com a perpetuação das raças naturalizadas de forma segura e minimizando a participação na reprodução de indivíduos oriundos de cruzamentos com outras raças. Foram utilizados caprinos naturalizados das raças Azul (26), Canindé (30), Moxotó (26), Anglo Nubiana (13), Boer (11), Graúna (22), Repartida (22), Marota (28) e Alpina (19), totalizando 197 animais, criados em fazenda no município de Elesbão Veloso – Piauí. Foi coletado amostras de sangue para extração de DNA e uso na PCR com um painel de sete marcadores microssatélites. Não foi evidenciado presença de alelos nulos para nenhum dos sete *loci* utilizados. Verificou-se que todos os sete *loci* não apresentaram-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg. A população que apresentou o maior número de alelos por *locus* foi a Canindé (28,57). O número médio de alelos por *locus* foi de 18 no INRA63, 21 no OARFCB304, 28 no MM12 e BM1329, 32 no ILSTS019, 40 no INRA23 e 41 no INRA006. O grau de heterozigosidade média observada apresentou valores elevados para todos os *loci* revelando alto grau de polimorfismo dos marcadores, e heterozigosidade média esperada, em todos os *loci*, observou-se valor superior a 90,0%. A média geral para  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  e  $F_{ST}$  foram, respectivamente, -0,089, -0,0209 e 0,054. O número de migrantes ( $N_m$ ) mostrou a presença de fluxo gênico entre as populações, com valores entre 3,45 e 8,02. A menor distância genética de Nei foi de 0,509 entre as raças Alpina e Moxotó, e a maior foi de 1,049 entre Boer e Graúna. Foi escolhido o  $K$  sendo igual a 9, indicando uma tendência a existir nove grupos genéticos distintos formados a partir de suas relações genéticas. A maioria dos animais criados na Fazenda Faveira apresentam sua estrutura genética preservada e poderão ser indicados para reprodução e uso em programas de conservação e melhoramento genético de caprinos naturalizados visando à manutenção da máxima variabilidade genética. Os indivíduos da raça Moxotó e os do grupo genético Marota foram os mais representativos.

**Palavras-chave:** Distância de Nei. Microssatélites. Variabilidade genética.

## Genetic characterization of naturalized goats

**Abstract:** The objective of this research was to genetically characterize naturalized goat breeds raised on a farm in the municipality of Elesbão Veloso, state of Piauí, Brazil, in order to help to maintain as much variability as possible within the populations raised on this farm, identify the most representative individuals from each breed. Thereby, we will recommend these animals for reproduction, in order to contribute with the perpetuation of naturalized breeds in a safe way and minimizing the reproduction of individuals from crosses with other breeds. A total of 197 goats from Blue Goat (26), Canindé (30), Moxotó (26), Anglo-Nubian (13), Boer (11), Graúna (22), Repartida (22), Marota (28), and Alpine (19) breeds were used. Blood samples were collected for DNA extraction and PCR reaction with a panel of seven microsatellite markers. No presence of null alleles was found for any of the seven loci used in this study. It was found that the seven loci are not in Hardy-Weinberg equilibrium. The population of goats from Canindé breed had the highest number of alleles per locus (28.57). The average number of alleles per locus was 18 in INRA63, 21 in OARFCB304, 28 in MM12 and BM1329, 32 in ILSTS019, 40 in INRA23, and 41 in INRA006 loci. The average degree of heterozygosity observed showed high values for all loci revealing a high degree of marker polymorphism, and expected average heterozygosity at all loci was higher than 90.0%. The overall means for  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  and  $F_{ST}$  were, -0.089, -0.0209 and 0.054, respectively. The number of migrants ( $N_m$ ) showed the presence of gene flow between populations, with values ranging from 3.45 to 8.02. The lowest genetic distance of Nei was 0.509 (between Alpina and Moxotó breeds), and the highest one was 1.049 (between Boer and Graúna breeds).  $K=9$  was chosen, and this indicated a tendency to existence of nine genetic groups. Most of the animals raised on the Faveira Farm have their genetic structure preserved, so that they can be recommended for reproduction, and conservation and breeding programs of naturalized goats, in order to maintain the maximum genetic variability. Animals from Moxotó and Marota breeds were the most representative.

**Keywords:** Genetic distance of Nei. Genetic variability. Microsatellites.

## 5.1 INTRODUÇÃO

Os caprinos naturalizados são patrimônio cultural e biológico único, por isso se justificam ações para a sua conservação, já que a perda de um ecótipo reflete em perda de genes e de possíveis combinações genéticas que podem ser úteis para a pecuária frente as mudanças climáticas que geram a escassez de alimentos e a carência de políticas públicas que incentivam o desenvolvimento e fortalecimento da atividade (BARROS et al., 2011).

No estado do Piauí, a Fazenda Faveira, localizada no município de Elesbão Veloso, abriga exemplares de praticamente todos os grupos genéticos e/ou tipos naturalizados caprinos, a exemplo das raças Moxotó, Graúna, Marota, Repartida, Azul e Canindé. Além de animais naturalizados, existem mais três raças exóticas (Alpina, Boer e Anglo Nubiana) introduzidas no rebanho.

Esta fazenda representa para o estado, um importante núcleo de conservação e preservação do patrimônio genético que estes grupos representam. Em estudo feito por Ribeiro et al. (2011), a busca por raças mais produtivas fez com que houvesse a importação de raças consideradas exóticas. Por cruzamentos absorventes, estas raças causaram a substituição e/ou diminuição do efetivo de raças naturalizadas, que apesar de serem consideradas por níveis baixos de produção, são diferentes das exóticas, por estarem totalmente adaptadas aos trópicos, onde sofreram um longo processo de seleção natural. Ainda segundo estes autores, os tipos naturalizados Moxotó, Canindé, Azul, Grauna, Marota, Nambi, Repartida entre outras, são remanescentes daqueles trazidos pelos colonizadores que, permanecendo em condições adversas de meio ambiente passaram por seleção natural originando animais que se caracterizam pelo pequeno porte, alta prolificidade e rusticidade sendo, portanto, adaptados naturalmente às condições de trópico semiárido.

Segundo Lima Neto et al. (2007), a taxa de consanguinidade, bem como o número efetivo dos caprinos naturalizados reafirmam a necessidade de estudos voltados para a preservação e conservação dos mesmos.

Os resultados dos estudos realizados com marcadores moleculares têm confirmado a existência de diversidade entre e dentro das raças (MENEZES et al., 2006; SILVESTRE et al, 2015; CARVALHO et al., 2016). O mais utilizado é o microssatélite, sequências simples repetidas (Simple Sequence Repeats - SSR) de DNA.

As análises com microssatélites tem sido considerada essencial para a caracterização genética de populações, podendo contribuir para o planejamento de programas de manejo, reprodução e conservação (SILVESTRE et al., 2015). Ações de melhoramento genético

sustentável de raças naturalizadas que atendam às necessidades nacionais sem comprometer as prioridades das comunidades locais podem trazer uma contribuição vital para a segurança alimentar e o desenvolvimento rural.

O objetivo com esta pesquisa foi de caracterizar geneticamente raças de caprinos naturalizados criadas em fazenda no município de Elesbão Veloso, Piauí, a fim de auxiliar na manutenção da máxima variabilidade possível dentro de suas populações, identificar os indivíduos mais representativos de cada raça e recomendá-los para reprodução a fim de contribuir com a perpetuação das raças naturalizadas de forma segura e minimizando a participação na reprodução de indivíduos oriundos de cruzamentos com outras raças.

## **5.2 MATERIAL E MÉTODOS**

Foram utilizados caprinos naturalizados das raças Azul (26), Canindé (30), Moxotó (26), Anglo Nubiana (13), Boer (11), Graúna (22), Repartida (22), Marota (28) e Alpina (19), totalizando 197 animais, criados em fazenda no município de Elesbão Veloso – Piauí.

Foram coletados de cada animal 4 ml de sangue, com auxílio de tubos à vácuo siliconizados contendo anticoagulante EDTA (Ácido etilenodiamino tetra-acético). Após a coleta, as amostras de sangue foram conservadas em temperatura ambiente de 15 a 25°C para posterior extração de DNA.

Para a extração do DNA foi utilizado o Mini Kit DNEASY Blood and Tissue da QIAGEN<sup>®</sup> seguindo a recomendação do fabricante. A confirmação da extração foi feita em eletroforese a 100V por 60 minutos, com gel de agarose a 1%, preparado com 0,3 g de agarose para 30ml de gel, com tampão TBE (tris-borato-EDTA 10 X) a 1x. Foi aplicado no gel 3ul de DNA misturados a 3ul de um corante fluorescente denominado Gel Red.

Foi utilizado um painel com sete marcadores microssatélite recomendados pela FAO (2004) para estudos de diversidade genética em animais domésticos. A identificação, procedência e condições de reação de cada marcador estão descritos na Tabela 1.

O DNA extraído foi diluído em TE (tris-HCl 10mM, EDTA 1mM, com ph 8,0) na concentração de 10x, utilizando 10ul de DNA e 40ul de TE, para uso na reação de PCR. As reações da PCR foram preparadas de acordo com os seguintes reagentes: 3 µL de DNA diluído com TE a 10x, 1,0 µL de tampão para PCR (10x), 0,2 µL de dNTP (2,5 mM), 0,5 µL de Taq DNA-polimerase (5U), 0,6 µL de cada Primer (10,0 µM) e água ultrapura até completar o volume final de 16µL. As concentrações de MgCl<sub>2</sub> foram utilizadas de acordo com a otimização de cada primer e pode ser encontrada na Tabela 1.

Tabela 1 Marcadores microssatélites com a localização cromossômica, sequência direta e reversa, variação em tamanho (pb), temperatura de anelamento, concentração de MgCl<sub>2</sub> utilizado na reação de PCR e referência.

<b>Microssatélites</b>	<b>Cromossomo</b>	<b>Sequência direta e reversa</b>	<b>Varição de tamanho (pb)</b>	<b>Temperatura de anelamento (°C)</b>	<b>[ ] MgCl<sub>2</sub> utilizado</b>	<b>Referências bibliográficas</b>
<b>INRA063</b>	18	D: ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC R: AAACCACAGAAATGCTTGGGAAG	153-185	55	1,5	Vaiman et al. (1994)
<b>INRA006</b>	3	D: AGGAATATCTGTATCAACCTCAGTC R: CTGAGCTGGGGTGGGAGCTATAAATA	100-130	55	1,5	Bishop et al. (1994)
<b>OARFCB304</b>	19	D: CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG R: CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	150-188	55	1,0	Yang et al. (1999)
<b>BM1329</b>	6	D: TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC R: AACACCGCAGCTTCATCC	160-182	58	1,5	Bishop et al. (1994)
<b>ILSTS019</b>	1	D: AAGGGACCTCATGTAGAAGC R: ACTTTTGGACCCTGTAGTGC	144-156	55	1,5	FAO (2004)
<b>INRA023</b>	3	D: GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC R: TAACTACAGGGTGTTAGATGAAC	195-225	55	1,5	Li et al. (2002)
<b>MM12</b>	9	D: CAAGACAGGTGTTTCAATCT R: ATCGACTCTGGGGATGATGT	85-135	56	1,0	Mommens e Coppieters (1994)

Os produtos foram preparados em tubos de PCR, com as amplificações realizadas em um termociclador de acordo com os seguintes ciclos: desnaturação a 94 °C por 30 segundos, seguida de anelamento do primer, em temperatura de acordo com a Tabela 1, por 30 segundos e 50 segundos a 72 °C para extensão. Após o término dos 35 ciclos a reação prosseguiu com um período de 5 minutos a 4 °C para resfriamento.

Para a visualização dos produtos amplificados, foi feita uma eletroforese em gel de poliacrilamida não desnaturante a 7% com 22,4 ml de poliacrilamida, 9,3 ml de TBE 10x, 112 ul de TEMED (N,N,N',N'-Tetrametiletilenodiamino), 1.120 ml de PSA (Persulfato de amônio) e 93,3 ml de água destilada. A eletroforese foi feita a 250V durante 4 horas. Foi utilizado marcador de DNA com bandas de comprimento conhecido, variando em 100 pares de bases (pb), para auxiliar na determinação do tamanho dos fragmentos.

A coloração do gel foi feita 3 etapas. A primeira foi usando uma solução fixadora com 200 ml de Etanol P.A. (96–100%), e 10 ml de Acido Acético Glacial (C<sub>2</sub>H<sub>4</sub>O<sub>2</sub>), misturados em 2 litros de água destilada. O gel permaneceu nesta solução durante 10 minutos para posterior coloração em solução de nitrato de prata.

A segunda etapa foi à coloração em 2,4 g de nitrato de prata (AgNO<sub>3</sub>) para 2 litros de água destilada. Após sair da solução fixadora, o gel passava 10 minutos na solução de nitrato de prata. Ao atingir os 10 minutos, o gel foi lavado com água destilada e colocado na solução reveladora contendo 60 gramas de hidróxido de sódio (NaOH) misturados a 2 litros de água destilada e 5ml de formaldeído (H<sub>2</sub>CO, adicionado somente na hora da revelação do gel) até aparecer as bandas. Cada gel foi fotografado com uma câmera digital e, em seguida, juntando todos os géis de cada marcador, a genotipagem foi feita com auxílio do programa Corel Draw X8.

A presença de alelos nulos foi estimada para cada loco utilizando o programa MicroChecker – versão 2.2.3 (VAN OOSTERHOUT et al., 2004). Após o resultado, procedeu-se com as análises genéticas, que foram conduzidas em diferentes programas. O equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) foi obtido por teste de probabilidade utilizando-se o método de cadeias de Markov por meio do programa Genepop v.4.0.10 (ROUSSET, 2008).

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) foi calculado utilizando o pacote de análise do programa CERVUS v.3.0.7 (MARSHALL et al.,1998), sendo os resultados classificados de acordo com Botstein et al. (1980), onde marcadores com

valores de PIC superiores a 0,5 foram considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,50 mediamente informativos, e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos. Para se avaliar a variabilidade genética entre e dentro de populações a partir de dados moleculares, além de possibilitar inferências a respeito da estrutura genética das populações estudadas, foi realizado a análise de variância molecular – AMOVA (EXCOFFIER; SMOUSE e QUATTRO, 1992) com as estimativas F de Wright ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$ ) pelo programa GenAlEx 6.5 (PEAKALL;SMOUSE, 2006). Este mesmo aplicativo computacional foi utilizado para calcular a distância genética entre os grupos genéticos avaliados, estimada pela distância de Nei (1972) como medida de dissimilaridade.

A partir das distâncias genéticas de Nei, foi elaborado um dendrograma utilizando a análise de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method Using an Arithmetic Average) através do R versão 3.2.3 com o pacote “POPPR” que faz análises de dados genéticos populacionais. A robustez dos agrupamentos foi verificada por meio de 10.000 reamostragens de *bootstrap*.

O programa *STRUCTURE*, versão 2.3.4, foi utilizado para definir o número de grupos (K) mais provável nas amostras coletadas e a proporção do genoma de cada genótipo advindo de outros grupos, por meio de métodos Bayesianos, sem informações a priori sobre a origem das amostras (PRITCHARD, STEPHENS e DONNELLY, 2000). Foram utilizadas 200.000 simulações de Cadeias de Markov Monte Carlo com burn in de 60.000, modelo de ancestralidade admixture considerando a informação de migrantes nas populações, e testados valores de K variando de 1 a 11, com cinco iterações cada um.

### **5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Não foi evidenciado presença de alelos nulos para nenhum dos sete *loci* utilizados. O equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) dos *loci* para cada grupo de caprinos encontra-se descrito na Tabela 2. Os grupos que apresentaram número maior de *locus* em equilíbrio foram a Anglo Nubiana, Graúna e Boer. Os caprinos Azul apresentaram o maior número de *loci* em desequilíbrio, cinco. Canindé, Moxotó e Marota apresentaram três *loci*, Repartida e Alpina, dois *loci*, Anglo Nubiana e Graúna um *locus* e a raça Boer não apresentou nenhum dos *loci* em desequilíbrio.



Tabela 2 Equilíbrio de Hardy-Weinberg nas populações estudadas.

<i>Locus</i>	<b>Azul</b>	<b>Canindé</b>	<b>Moxotó</b>	<b>Anglo Nubiano</b>	<b>Boer</b>	<b>Graúna</b>	<b>Repartida</b>	<b>Marota</b>	<b>Alpina</b>
<b>INRA63</b>	0,001***	0,001**	0,000***	0,164 <sup>ns</sup>	0,703 <sup>ns</sup>	0,202 <sup>ns</sup>	0,000***	0,000***	0,001***
<b>BM1329</b>	0,059 <sup>ns</sup>	0,014*	0,510 <sup>ns</sup>	0,560 <sup>ns</sup>	0,071 <sup>ns</sup>	0,099 <sup>ns</sup>	0,125 <sup>ns</sup>	0,415 <sup>ns</sup>	0,471 <sup>ns</sup>
<b>ILSTS019</b>	0,093 <sup>ns</sup>	0,169 <sup>ns</sup>	0,002**	0,668 <sup>ns</sup>	0,551 <sup>ns</sup>	0,005**	0,189 <sup>ns</sup>	0,544 <sup>ns</sup>	0,518 <sup>ns</sup>
<b>INRA006</b>	0,000***	0,131 <sup>ns</sup>	0,033*	0,420 <sup>ns</sup>	0,421 <sup>ns</sup>	0,296 <sup>ns</sup>	0,957 <sup>ns</sup>	0,348 <sup>ns</sup>	0,551 <sup>ns</sup>
<b>INRA23</b>	0,032*	0,425 <sup>ns</sup>	0,965 <sup>ns</sup>	0,773 <sup>ns</sup>	0,064 <sup>ns</sup>	0,589 <sup>ns</sup>	0,656 <sup>ns</sup>	0,000***	0,023*
<b>OARFCB304</b>	0,152*	0,015*	0,203 <sup>ns</sup>	0,931 <sup>ns</sup>	0,268 <sup>ns</sup>	0,497 <sup>ns</sup>	0,061 <sup>ns</sup>	0,000***	0,524 <sup>ns</sup>
<b>MM12</b>	0,040*	0,493 <sup>ns</sup>	0,074 <sup>ns</sup>	0,011*	0,128 <sup>ns</sup>	0,475 <sup>ns</sup>	0,034*	0,350 <sup>ns</sup>	0,287 <sup>ns</sup>
<b>Total</b>	5	3	3	1	0	1	2	3	2

\* desequilíbrio P<0,05; \*\*desequilíbrio P<0,01; \*\*\*desequilíbrio P<0,001; ns não significativo (Equilíbrio)

Em geral, verificou-se que todos os sete *loci* apresentaram desequilíbrio entre as raças estudadas, pode ser explicado, por exemplo, pela migração ou fluxo de genes que está ocorrendo entre as populações, permitindo aumento e mudanças na frequência de determinados indivíduos, por subdivisões dentro das populações e seleção natural.

A população que apresentou o maior número de alelos por *locus* foi a Canindé, e o menor número para todos os *loci* foi para a população de caprinos Boer. No geral os grupos naturalizados apresentaram maior quantidade de alelos e as raças exóticas uma menor quantidade. O número de alelos correspondentes a todas as populações estão apresentados na Tabela 3.

Provavelmente, nos grupos de animais naturalizados houve principalmente a seleção natural. Por conta disso, o maior número de alelos encontrados em cada *locus*, principalmente nos grupos de animais naturalizados, se explica pelo fato destes não terem sofrido perda de alelos pelos processos de seleção artificial.

O número médio de alelos por *locus* foi de 18 no INRA63, 21 no OARFCB304, 28 no MM12 e BM1329, 32 no ILSTS019, 40 no INRA23 e 41 no INRA006. As informações quando comparadas a outros autores, por exemplo, Murital et al. (2015) que encontrou os valores diferentes para o *locus* BM1329 (11), MM12 (19), INRA63 (6), ILSTS019 (8) e o mesmo valor de 21 alelos para OARFCB304. Em pesquisa feita por Marcheco et al. (2016), também foram encontrados valores diferentes, com 5 alelos no BM1329 e 11 no MM12. No *locus* OARFCB304, Jimenez et al. (2014) encontraram apenas 6 alelos. Para o *locus* INRA23, Silvestre et al. (2015) encontrou apenas 5 alelos. Para o *locus* INRA006, Sangwon Suh et al. (2014) encontraram 11 alelos.

Tabela 3 Quantidade de alelos em cada *locus* por população.

<b>População</b> <i>Locus</i>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>Média</b>
<b>INRA63</b>	24	27	22	13	11	21	22	28	15	20,33± 6,04
<b>BM1329</b>	23	30	26	13	11	22	17	26	19	20,77±6,32
<b>ILSTS019</b>	25	27	26	13	11	22	21	26	17	20,88±5,94
<b>INRA006</b>	25	30	25	13	11	22	16	28	19	21,00±6,67
<b>INRA23</b>	24	28	26	11	10	20	20	27	17	20,33±6,65
<b>OARFCB304</b>	25	28	25	13	11	17	17	26	17	19,88±6,19
<b>MM12</b>	25	30	26	12	11	21	18	28	19	21,11±6,75
<b>Média</b>	24,42±0,78	28,57±1,39	25,14±1,46	12,57±0,78	10,85±0,37	20,71±1,79	18,71±2,28	27,00±1,00	17,57±1,51	

1, Azul; 2, Canindé; 3, Moxotó; 4, Anglo Nubiana; 5, Boer; 6, Graúna; 7, Repartida; 8, Marota e 9, Alpina

O grau de heterozigidade média observada apresentou valores elevados para todos os *loci* (Tabela 3). Segundo Ott (1992), um marcador é considerado altamente polimórfico quando apresenta heterozigidade maior que 70,0 %. Para heterozigidade média esperada, em todos os *loci*, observou-se valor superior a 90,0%, indicando elevada variabilidade genética dos marcadores analisados (CHACÓN, 2010).

Os valores de heterozigidade média observada por *locus* (Tabela 4) revelaram elevado grau de polimorfismo, com valores superiores a 0,5 e todos os *loci* analisados. Em estudo de caracterização genética de raças caprinas naturalizadas brasileiras, Menezes et al. (2006), verificaram alto nível de heterozigidade em 75,0% dos 27 marcadores microssatélite analisados, dentre eles, o *locus* INRA63 (0,45) e INRA23 (0,49), também utilizados nesta pesquisa, foram pouco polimórficos. Jiménez et al. (2014) dos 13 marcadores utilizados, apenas 11 foram muito informativos para cabra Santandereana, dentre eles, o OARFCB304 e o INRA63.

Tabela 4 Heterozigidade observada ( $H_o$ ) e esperada ( $H_e$ ) e Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC), em função dos *loci* analisados.

<i>Locus</i>	$H_o$	$H_e$	PIC
<b>INRA63</b>	0,97	0,89	0,87
<b>BM1329</b>	0,96	0,93	0,94
<b>ILSTS019</b>	0,95	0,94	0,94
<b>INRA006</b>	0,94	0,96	0,96
<b>INRA23</b>	0,95	0,96	0,95
<b>OARFCB304</b>	0,97	0,93	0,92
<b>MM12</b>	0,97	0,94	0,93

A média geral para  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  e  $F_{ST}$  foram, respectivamente, -0,089, -0,0209 e 0,054 (Tabela 5). O resultado do número de migrantes ( $N_m$ ) mostrou a presença de fluxo gênico entre as populações, com valores entre 3,45 e 8,02. Para todos os marcadores os valores de  $F_{IS}$  estimados foram negativos, mostrando que as populações não são endogâmicas, provavelmente por conta dos reprodutores serem adquiridos em outras propriedades e de outros estados ou devido à presença de cruzamentos. Os valores de  $F_{ST}$  que são referentes à diferenciação genética variaram de 0,030 (INRA006) para 0,086 (OARFCB304), com média geral de 0,054. O valor médio geral de  $F_{ST}$  indica

baixa diferenciação genética segundo critério de Wright (1978). Este resultado indica que apenas 5,4% da diversidade total são decorrentes de diferenças genéticas entre as populações e 94,6% da variabilidade existente dentro de populações, ou seja, entre os indivíduos. O Valor do  $F_{IT}$  apresentado foi negativo e próximo de zero indicando que há variabilidade genética na população, uma vez que existem mais heterozigotos do que homozigotos (BARROS et al., 2011)

Tabela 5 Valores de  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$  e fluxo gênico (Nm) para cada *locus* em todas as raças.

<i>Locus</i>	$F_{IS}$	$F_{IT}$	$F_{ST}$	Nm
<b>INRA63</b>	-0,169	-0,091	0,068	3,45
<b>BM1329</b>	-0,093	-0,049	0,040	5,94
<b>ILSTS019</b>	-0,058	-0,004	0,052	4,57
<b>INRA006</b>	-0,021	0,010	0,030	8,02
<b>INRA23</b>	-0,037	0,013	0,049	4,87
<b>OARFCB304</b>	-0,153	-0,054	0,086	2,65
<b>MM12</b>	-0,091	-0,031	0,054	4,35
<b>Média</b>	-0,089	-0,029	0,054	4,84

A distancia genética calculada de acordo com Nei (1972) mostraram que a menor distancia genética foi entre as raças Alpina e Moxotó (0,509), podendo ser explicado pelo fato de provavelmente estarem ocorrendo cruzamentos entre indivíduos destas raças. A maior distancia observada foi entre Boer e Graúna (1,049), podendo afirmar que possivelmente entre estas duas populações está havendo um menor fluxo gênico (Tabela 6).

Tabela 6 Distância de Nei entre as nove populações estudadas com base em sete marcadores microssatélites.

Raças	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,000								
2	0,580	0,000							
3	0,674	0,515	0,000						
4	0,562	0,571	0,606	0,000					
5	0,661	0,987	0,908	0,743	0,000				
6	0,747	0,665	0,547	0,759	1,049	0,000			
7	0,783	0,714	0,715	0,615	0,869	0,528	0,000		
8	0,630	0,574	0,600	0,561	0,764	0,644	0,557	0,000	
9	0,818	0,620	0,509	0,670	0,827	0,628	0,781	0,652	0,000

1, Azul; 2, Canindé; 3, Moxotó; 4, Anglo Nubiana; 5, Boer; 6, Graúna; 7, Repartida; 8, Marota; 9, Alpina

A abordagem Bayesiana implementada no software *STRUCTURE* foi usada para encontrar a estrutura das populações, com base na associação das frequências alélicas e proposição de mistura entre os indivíduos das nove raças avaliadas. Foi escolhido o K sendo igual a 9, indicando uma tendência a existir nove grupos genéticos distintos formados a partir de suas relações genéticas.

Para Carolino et al. (2017), pesquisando a biodiversidade caprina em Portugal entre as raças Algarvia, Bravia, Charnequeira, Preta de Montesinho, Serpentina e Serrana, observou que a análise Bayesiana implementada com o software *STRUCTURE*, indicou a existência de seis populações ancestrais subjacentes às seis raças autóctones. Contudo, não se observou a existência de uma população ancestral única subjacente a determinada raça. Rout et al. (2011), estudaram a variação genética e estrutura populacional em caprinos Jamunapari e observou que o grupo definido pelo *STRUCTURE* (k=2) mostrou uma existência de subdivisão genética dentro da raça uma com orelhas longas e dobradas, pescoço grosso e plano, e outra com orelhas longas, macias e dobradas, com pescoço cilíndrico e fino.

A tendência à proporção do genoma de cada indivíduo esta representada na Figura 1, onde a numeração fora do parêntese indica a identificação do indivíduo, enquanto o que esta entre parentese a população a que pertence. Observa-se que apesar da introdução de raças exóticas na fazenda, a estrutura genética dos rebanhos de caprinos naturalizados ainda encontra-se preservada, principalmente os animais do rebanho Moxotó e Marota, respectivamente representados pelas cores azul e roxo.

Para todos os grupos, os animais que deverão ser mantidos no rebanho são os que apresentaram uma menor proporção de mistura, sendo considerados puros. No grupo 1, representado pelos indivíduos do rebanho caprino Azul, os animais identificados pelos números 2, 20, 25 e 26 poderão ser descartados. No grupo 2, os caprinos da raça Canindé de número 32 e 37 também poderão ser descartados. O indivíduo 82 do grupo 3, rebanho Moxotó, 108 do grupo 6, rebanho Graúna, 130 do grupo 7, rebanho Repartida e do grupo 8, o indivíduo 169 do rebanho Marota (Figura 2).

Apesar da maioria dos animais estarem com o seu material genético preservado, estes resultados revelaram que ainda não há um controle efetivo entre os acasalamentos, podendo colocar em risco a manutenção da diversidade genética existente entre os rebanhos e a conservação dos recursos genéticos destes animais se não forem tomadas medidas para a preservação.

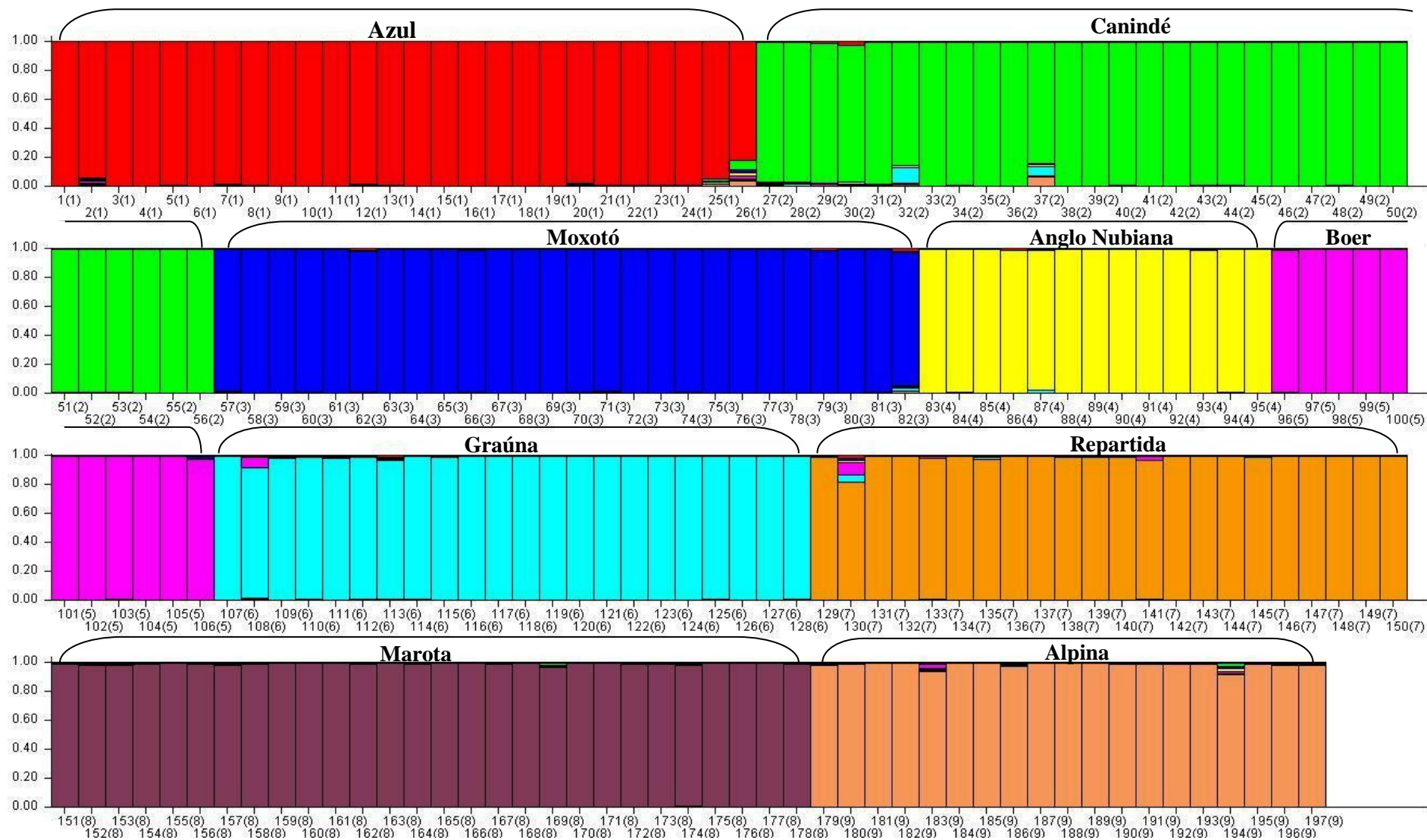


Figura 1 Estrutura populacional de 197 caprinos dos grupos genéticos 1 – Azul, 2 – Canindé, 3 – Moxotó, 4 – Anglo Nubiana, 5 – Boer, 6 – Graúna, 7 – Repartida, 8 – Marota e 9 – Alpina.



Faz-se necessário assegurar a sobrevivência dessas raças permitindo que, no futuro, elas possam vir a constituir fonte de material genético capaz de melhorar a resistência de outras raças a condições desfavoráveis do ambiente de criação. Mostrar aos produtores que as raças naturalizadas podem ser mais produtivas que as raças exóticas no ambiente de criação em épocas de escassez de alimentos, principalmente nos períodos de estiagem, poderá despertar o interesse por parte dos mesmos ao perceberem que podem contar com algum retorno financeiro nestes períodos.

A conservação será muito mais difícil quando a população se tornar empobrecida geneticamente e for eficaz e fácil de implementar quando as populações forem geneticamente estáveis. Portanto, é necessário iniciar os passos necessários para conservar a raça para uso futuro.

#### **5.4 CONCLUSÃO**

A maioria dos animais criados na Fazenda Faveira apresentam sua estrutura genética preservada e poderão ser indicados para reprodução e uso em programas de conservação e melhoramento genético de caprinos naturalizados visando à manutenção da máxima variabilidade genética. Os indivíduos da raça Moxotó e os do grupo genético Marota foram os mais representativos.

## 5.5 REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBARÁ, T. et al. Cross-species transfer of nuclear microsatellite markers: potential and limitations. **Molec. Ecol.**, v.16, n,18, p.3759-3767, 2007.
- BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O.; ARAÚJO, A.M.. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Arch. Zoot.**, v.60, p.543–552, 2011.
- BISHOP, M.D.; KAPPES, S.M. A genetic linkage map for cattle. **Genet.**, v.136, p.619-639, 1994.
- BOTSTEIN, D. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **Americ. J. of Hum. Genet.**, v.32, p.314-331, 1980.
- CAROLINO, N. et al. Genetic Variation and Population Structure in Jamunapari Goats Using Microsatellites, Mitochondrial DNA, and Milk Protein Genes. Biodiversidade caprina em Portugal . **Biod. Capr. ibero-americana**, Bogotá : Fondo Editorial Ediciones Universidad Cooperativa de Colombia, 2017.
- CARVALHO, D. A. de et al. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.51, n.11, p.1899-1906, nov. 2016.
- CHACÓN, E.. Caracterización genética de la cabra Criolla Cubana mediante marcadores microsatélites. **Rev. Cub. de Cienc. Agr.**. 44 (3). 221-226.2010.
- EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molec. Ecol.**, v. 14, n. 8, p. 2611-20, 2005.
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P., QUATTRO, J.M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes – application to human mitochondrial – DNA restriction data. **Genet.** 13:479-491. 1992.
- FAO. Secondary guidelines for development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers. Rome: FAO. 2004.
- JIMÉNEZ A.P. et al. Diversidad genética de la cabra Santandereana mediante Marcadores microsatellite Genetic diversity of Santander goat using microsatellite markers. **A. Ibero-americanas de Cons. Anim.** – AICA. v. 4 p.105-107. 2014.
- LI, M. H. et al. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite. **Genet. Selec. and Evol.**, v.34, p.729-744, 2002.
- LIMA P. J. S. et al. Gestão genética de raças caprinas naturalizadas no estado da Paraíba **Arch. Zoot.**, v. 56, p. 623-626. 2007.

- MARCHECO, M. L. Caracterización genética y conservación de la cabra Criolla cubana. **Biod. Capr. ibero-americana**. Bogotá : Fondo Editorial Ediciones Universidad Cooperativa de Colombia, 2016.
- MARSHALL, T. et al. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. **Molec. Ecol.** V. 7, p. 639-655. 1998.
- MENEZES, M. P. C. et al. Caracterização genética de raças caprinas naturalizadas brasileiras utilizando-se 27 marcadores microssatélites. **Rev. Bras. Zoot.**, v.35, n.4, p.1336-1341, 2006.
- MOMMENS, G.W.; COPPIETERS, A. Dinucleotide repeat polymorphism at the bovine MM12E6 and MM8D3 *loci*. **Anim. Genet.**, v.25, p.368, 1994.
- MURITAL, L. et al. Genetic diversity and population structure of Nigerian indigenous goat using DNA microsatellite markers. **Arch. Zootec.** 64 (246): 93-98. 2015.
- NEI, M. Genetic distance between populations. **Amer. Nat.**, Chicago, v. 106. p. 283-292, 1972.
- OTT, J. Strategies for characterizing highly polymorphic markers in human gene mapping. **Amer. J. of Hum. Genet.**, v.51, p. 283-290, 1992.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and researchan update. **Bioinfo.**, v.28, p.2537-2539, 2006.
- PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. **Genetics**, v. 155, p. 945-959. 2000.
- RIBEIRO, M. N. et al. Drift across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and Portuguese native goat breeds. **J. Anim. Breed. Genet.** 129(1):79-87. 2012.
- ROCHA, L. L. et al. Impact of foreign goat breeds on the genetic structure of Brazilian indigenous goats and consequences to intra-breed genetic diversity. **Sm. Rum. Res.** v. 134 p. 28–33. 2016.
- ROUSSET, F. Genepop'007: a complete re-implementation of the genepop software for windows and linux. **Molec. Ecol. Res.**, v.8 p.103-106, 2008.
- ROUT, P. K. et al. Genetic Variation and Population Structure in Jamunapari Goats Using Microsatellites, Mitochondrial DNA, and Milk Protein Genes. **The Sci. W. J.** v. 2012. 7 p. 2011.
- SANGWON SUH et al. Estanlishment of a Microsatellite marker individual identification in goat. **J. of Agric. e Life Sci.** 48(3) pp. 157-164. 2014.

VAIMAN D. et al. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. **Mam. Gen.** v.5, p. 288-297, 1994.

VAN OOSTERHOUT, C. et al.. Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. **Mol. Eco. Notes** .4: 535-538. 2004.

YANG, L.; ZHAO S.H.; LI, K. et al. Determination of relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. **Anim. Gen.**, v.30, p.452-456, 1999.

## **6. CONSIDERAÇÕES GERAIS**

Os resultados deste estudo demonstraram a utilidade de marcadores microssatélites para a avaliação da diversidade genética existente entre raças de caprinos naturalizados. As informações obtidas dos marcadores juntamente com o desempenho fenotípico dos animais a partir de medidas morfométricas, características associadas à resistência e a produção de carcaças de qualidade forneceu informações e orientações confiáveis que podem ser utilizadas no desenvolvimento de estratégias práticas para fins de melhoramento, preservação e conservação sustentável do patrimônio genéticos que as raças naturalizadas representam.