

LUANNA CHÁCARA PIRES

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES
CAPRINAS COM BASE EM MARCADORES
MORFOMÉTRICOS**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do
título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2009

LUANNA CHÁCARA PIRES

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES CAPRINAS
COM BASE EM MARCADORES MORFOMÉTRICOS**

**Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia, para
obtenção do título de *Magister
Scientiae*.**

APROVADA: 16 de fevereiro de 2009.

**Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Co-Orientador)**

**Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-Orientador)**

Dr^a. Adriana Mello de Araújo

Dr. Cláudio J. Borela Espescht

**Prof^a. Théa Mírian Medeiros Machado
(Orientador)**

Aos meus avôs (in memoriam), avós, tios, tias, primos e primas.

Aos meus pais, José Mário e Maria das Dores.

Às minha irmãs, Tatianne e Renata.

Às minhas amigas de trabalho e caminhada Théa e Adriana.

Dedico este trabalho.

"Porque sou eu que conheço os planos que tenho para vocês. Planos de fazê-los prosperar e não de lhes causar dano, planos de dar-lhes esperança e um futuro." Jeremias 29.11

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa – UFV, em especial ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), Universidade Federal de Viçosa, Banco do Nordeste e Embrapa Meio Norte pela colaboração na execução do projeto.

Aos professores e funcionários do Departamento de Zootecnia, pela acolhida e pela atenção.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides (Bajá) e Théa Mírian Medeiros Machado, pela orientação, pelo convívio, pela amizade, pela compreensão e pelo apoio em todos os momentos no decorrer do curso.

Ao professor e amigo Robledo de Almeida Torres, pelas valiosas sugestões e críticas construtivas ao presente trabalho.

Aos professores Adair José Regazzi, Cláudio José Borela Espescht e Cosme Damião Cruz, pela atenção e sugestões.

À Dr^a Adriana Mello de Araújo e família por terem me acolhido com tanto carinho no Piauí virando minha família piauiense. Às crianças Franco, Enzo e Gigi por terem tornado todos os dias no Piauí maravilhosos.

Aos professores Ricardo Frederico Euclides, Robledo de Almeida Torres, Cláudio Borela e a Dra Adriana Mello de Araújo, por participarem da banca examinadora e pelas valiosas sugestões, aprimorando este trabalho.

A todos os estudantes e amigos do Melhoramento Genético Animal da UFV que auxiliaram diretamente em alguma parte da dissertação. Desta forma, o meu muito obrigado a Alex, André (“chefinho”), Leandro, Lidiane, Marcos (2mi2), Marcos Lagrotta, Rafael (“bundinha”) e Rodrigo.

A todos os estudantes que muito me ajudaram no Piauí. Em especial: Castelo, Geice, Glícia e Márcio.

A todos os proprietários de caprinos de Minas Gerais e do Piauí que nos deixaram coletar dados de seus rebanhos. Sem a ajuda e compreensão de vocês esse trabalho não seria possível.

À minha orientadora por disponibilizar os dados por ela colhidos no Ceará com o apoio da Embrapa Caprinos e por aqueles colhidos na Europa e na África sob a direção de seu orientador Dr. Jean Jaques Lauvergne, do Instituto National de la Recherche Agronomique (INRA), França.

À minha mãe, Maria das Dores, e ao meu pai, “Zé Mário”, por todo amor, confiança, trabalho, e por terem assumido o compromisso de educar com responsabilidade, sinceridade e amor, deixando para as filhas uma grande herança, a dignidade. E por fazerem de mim a pessoa que sou hoje.

Às minhas irmãs Tati e Renatinha e meu irmão de consideração Fred; pelo apoio, animação, amizade e incentivo. E também pela aquela grana que Tati sempre me empresta para realizar as viagens de coleta que ainda não teve volta.

À minha afilhada, Nicolly, a seus pais (Jardel e Marilú), pelos momentos de alegria e descontração nos vários almoços.

À minha “vozinha gostosona”, Geny, por toda reza e carinho. Minha base aonde busquei forças e coragem.

À tia Bete, pelos conselhos, ajuda e incentivo sempre muito valiosos e que recebo desde a graduação.

À família Oliveira que me acolheu em Viçosa em momentos difíceis e conturbados, em especial a Dani e minha “vozinha” de Viçosa.

Aos grande amigos do ES, André (Kbção), China, Débora, Jamilye, Ivana, Manoela e Priscila pela amizade, paciência e torcida. Em especial a grande amiga

Débora (*in memorian*) que sempre me incentivou e me deu forças para continuar na luta. Sempre te amarei e em breve nos reencontraremos.

Aos amigos que foram mais que especiais ao longo do curso. Às grandes amigas e irmãs Rachel (Mona), Izabela, a “poia” da Aninha. Aos amigos Alex (Pato Branco), André (Dedé), Carlão, Gregório, Jackson, Jardel, Jô, Leandro, Marilú, Milena, Luciara e Léo.

Enfim, a todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização desse trabalho, fazendo com que esta conquista possa ser comemorada por todos nós. Obrigada a todos!

BIOGRAFIA

Luanna Chácara Pires, filha de José Mário Ferreira Pires e Maria das Dores Chácara Pires, nasceu em Vitória, Espírito Santo, em 28 de março de 1984.

De maio de 2002 a fevereiro de 2007, foi estudante do curso de Zootecnia na Universidade Federal do Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais.

Foi bolsista de iniciação científica (Fapemig) de março de 2006 a fevereiro de 2007, tendo como orientador o Prof. Ricardo Frederico Euclides.

Em março de 2007 graduou-se em Zootecnia.

Em março de 2007 iniciou o curso de mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), na área de Melhoramento Animal, submetendo-se ao exame final de defesa da dissertação em 16 de fevereiro de 2009.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO	ix
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. A importância da diversidade genética e de sua manutenção	3
2.2. Recursos genéticos	7
2.3. Origem e distribuição da caprinocultura	8
2.4. Caprinos naturalizados brasileiros	10
2.5. Caprinos exóticos	15
2.6. Ferramentas no estudo da diversidade	17
2.6.1. Os marcadores morfológicos	17
2.6.2. Análise multivariada	20
2.6.2.1. Medidas de dissimilaridade	22
2.6.2.2. Distância genética	23
2.6.2.3. Análise de agrupamento	24
2.6.2.4. Bootstrap	28
2.6.2.5. Análise de componentes principais.....	29
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30

CAPÍTULO 1: Avaliação biométrica de populações caprinas por meio de componentes principais	39
CAPÍTULO 2: Análise de agrupamento na divergencia entre populações caprinas no Brasil e no Marrocos por meio de dados biométricos	53
CAPÍTULO 3: Comparação de métodos multivariados na análise de diversidade genética entre populações caprinas com base em caracteres morfológicos	88
CONCLUSÕES GERAIS	106

RESUMO

PIRES, Luanna Chácara, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2009. **Diversidade genética entre populações caprinas com base em marcadores morfométricos.** Orientador: Théa Mírian Medeiros Machado. Co-Orientadores: Ricardo Frederico Euclides e Robledo de Almeida Torres.

Os caprinos foram introduzidos no Brasil pelos colonizadores portugueses. Hoje é difícil identificar com exatidão a origem dos animais domésticos brasileiros, bem como se desconhece toda a extensão de sua diversidade. A conservação e o melhoramento genético de animais domésticos dependem da diversidade na espécie considerada. Os objetivos deste trabalho foram 1. comparar diferentes técnicas multivariadas no estudo da diversidade genética inter e intra as populações caprinas através de caracteres morfométricos; 2. caracterizar fenotipicamente as populações caprinas; 3. estabelecer agrupamentos segundo a filiação racial ou geográfica dos indivíduos, para programas de conservação ou melhoramento genético; 4. identificar os cruzamentos mais indicados para formação de compostos; 5. indicar os marcadores os mais discriminantes. Os marcadores biométricos utilizados foram: altura de cernelha (AC), altura da maçã do peito ao chão (AP), comprimento de orelha (CO), profundidade torácica (calculada pela diferença entre AC e AP) e índices entre duas medidas corporais. Os caracteres morfológicos de herança genética conhecida utilizados foram para a presença ou ausência de orelhas reduzidas,

chifres, pêlos longos, brincos, barba, pelagem ruão, eumelanina marrom e padrão pigmentar eumelânico. Para caracteres biométricos foram amostradas 796 cabras brasileiras e marroquinas. Já para traços morfológicos amostrou-se 21 diferentes populações (n=2938) caprinas no Brasil, África, Europa continental e ilhas mediterrâneas. Os resultados para os traços morfológicos permitiram agrupar populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos. As distâncias genéticas para frequências alélicas de caracteres morfológicos segundo o método de Nei (1972) foram: as menores entre as cabras Saanen e Marota (0,0014); e Boer e Azul (0,0069); as maiores distâncias entre as populações Sardenha e Nambi (0,5458). As SRD do Ceará e Piauí são similares entre si (D=0,0532). No dendrograma houve o surgimento de quatro ramos. Um composto exclusivamente de Nambi, outro de cabras da Sardenha e Malta. O terceiro ramo foi composto (83% de *bootstrap*) pelas raças exóticas leiteiras e os demais ecótipos do Piauí. O quarto ramo foi formado pelos demais tipos marroquinos e demais populações mediterrâneas. Já os resultados com base nas medidas biométricas estão parcialmente de acordo com o histórico e a distribuição geográfica das populações. Com as junções obtidas nos dendrogramas a partir da distância Euclidiana média e da distância de Mahalanobis, há indicativos de alta similaridade entre as populações européias leiteiras e a população marroquina Drâa. O agrupamento das populações marroquinas Zagora e Rhâali nos dendrogramas denota que a proximidade geográfica de ambas foi mais importante que a suposta relação de parentesco entre as populações Zagora e Drâa. As cabras Azul e SRD agruparam primeiramente com as populações marroquinas Zagora e Rhâali e depois com as raças Anglo-nubiana e Boer. Nambi e Marota são tipos a parte, e Azul e SRD são as mais próximas entre si. A inclusão de outros grupos genéticos para análise comparativa, o emprego de maior número de marcadores e de indivíduos darão maior acurácia no estudo da diversidade genética. Por meio da análise de componentes principais observou-se que os agrupamentos foram parcialmente coerentes com a origem e histórico das populações. A distribuição espacial dos indivíduos, pelos componentes principais, permitiram identificar os grupos

genéticos os mais similares/ dissimilares. Permitiu, ainda, visualizar o grau de uniformidade/desuniformidade entre indivíduos dentro de cada população, portanto, o tipo Azul apresentou menor padronização dentre as populações consideradas.

ABSTRACT

PIRES, Luanna Chácara, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2009. **Diversity among populations goats based on morphometric markers.** Adviser: Théa Míriam Medeiros Machado. Co-Advisers: Ricardo Frederico Euclides and Robledo de Almeida Torres.

The goats were introduced in Brazil by the Portuguese colonizers. Today it is difficult to accurately identify the origin of the Brazilian domestic animals and it is unknown the entire extent of its diversity. The conservation and breeding of domestic animals depend on diversity in the species concerned. The objectives of this study were 1. compare different multivariate techniques in the study of genetic diversity among and inside goats populations through morphometric characters; 2. phenotypically characterize the goats populations; 3. establish groups according to racial or geographical affiliation of individuals, for conservation or genetic improvement programs; 4. identify the most suitable crossbreeding for formation of compounds; 5. markers indicate the most discriminant. The biometric markers were used: shoulder height (AC), chest height (AP) ear length (CO), thorax depth (AC-AP) and indexes with two bodily measures. The morphological characteristics of known genetic inheritance were used for the presence or absence of reduced ears, horns, long hair, wattles, beard, roan color, brown eumelanin and eumelanic standard pigmentation. Biometric characters were sampled for 796 Brazilian and Moroccan goats. For phenotypic

traits it was showed 21 different populations (n = 2938) goats in Brazil, Africa, Continental Europe, Mediterranean islands. The results for the morphological traits allowed grouped populations for its phenotypic similarities that for its history. The genetic distance for allelic morphological traits, applying the method developed by Nei (1972), was: least between goats from Saanen and Marota (0,0014), Boer and Azul (0,0069); and greatest between populations Sardinia and Nambi (0.5458). The SRD of Ceará and Piauí are similar to each other (D = 0,0532). In the dendrogram was the emergence of four branches. A composed exclusively of Nambi, the other goats in Sardinia and Malta. The third class was composed (83% of bootstrap) by exotic dairy breeds and the other ecotypes of Piauí. The fourth branch was formed by types Moroccan and other Mediterranean populations. The results (using the biometric measures) are in agreement with the historical and the geographical distribution of the populations. The junctions obtained in the dendrograms from the average Euclidean distance and e Mahalanobis of distance, is indicative of high similarity among dairy breeds of European and Drâa (Moroccan population). The cluster the Moroccan populations Zagora and Rhâali in the dendrograms denote that the geographical proximity of the two was more important than the relationship supposed between Drâa and Zagora populations. The goats Azul and SRD first grouped with the Zagora and Rhâali, and all those with the Anglo-Nubian and Boer. Nambi and Marota are types the part, Azul and SRD are next between itself. The inclusion of other genetic groups for comparative analysis, the use of more number markers and individuals will give greater accuracy in the study of genetic diversity. Through the analysis of principal components showed that the groups were partially consistent with the origin and history of populations. The spatial distribution of individuals, the main components, the genetic groups identified the most similar / dissimilar. Allowed, also show the degree of uniformity / imbalance between individuals within each population, therefore the type showed lower Blue standardization among the populations considered.

1. INTRODUÇÃO GERAL

O caprino é a espécie doméstica mais vastamente distribuída no mundo e desempenha papel fundamental para a economia de países em desenvolvimento. Os caprinos domésticos foram introduzidos no Novo Mundo a partir da colonização, e alguns deles resultaram em populações naturalizadas ou ecótipos que ao longo dos séculos ficaram sob a ação da seleção natural, ao ponto de adquirirem características fenotípicas particulares de adaptação onde se estabeleceram. Os ecótipos guardam uma diversidade gênica distinta das raças melhoradas, que deve ser conservada por razões sociais, econômicas e culturais.

Uma das grandes dificuldades para a conservação de qualquer recurso genético é a falta de caracterização do mesmo. O pouco conhecimento sobre o recurso, sua identidade como grupo genético, suas potencialidades produtiva, reprodutiva e de adaptação, dificultam a descoberta de um nicho de mercado que possa incluir o recurso no sistema produtivo. Esta é uma razão pela qual um dos pontos mais importantes em qualquer programa de conservação é a caracterização fenotípica (Chácon *et al.*, 2008). O primeiro passo da caracterização dos recursos genéticos é baseado no conhecimento da variação nas características morfológicas (Delgado *et al.*, 2001).

Características fenotípicas de variação discreta são utilizadas como marcadores morfológicos desde os tempos de Mendel, como fenótipos de fácil identificação visual. Estes marcadores morfológicos são pouco numerosos e polimórficos, mas seus resultados são coerentes. Apresentam como vantagens

praticidade e custo zero no que diz respeito à leitura indireta do genoma e eles contribuíram para o estabelecimento das primeiras frequências gênicas e para os primeiros estudos de diversidade e relações entre populações (Machado, 2003).

Segundo Mariante *et al.* (1999), o programa de conservação dos recursos genéticos brasileiros animais inclui as seguintes etapas: (1) Identificação dos animais através de levantamento do número efetivo dos rebanhos que se encontra em estado avançado de diluição genética, mediante aplicações de questionários aos produtores; (2) Caracterização morfológica dos animais com características quantitativas (altura de cernelha, perímetro torácico, peso, etc.) e qualitativas (cor da pelagem, perfil cefálico, etc.), além da caracterização genética do germoplasma usando marcadores moleculares (RFLP, AFLP, RAPD, microssatélites e etc), mensurando as diferenças entre e dentro das populações e por fim, (3) a avaliação do potencial produtivo dos rebanhos, com dados de produção (carne, leite, pele, pêlos, etc).

Nos países em desenvolvimento onde há carência e, por vezes, má utilização de recursos financeiros a estratégia a ser adotada seria avançar na caracterização fenotípica, ou seja, na obtenção de dados de controle zootécnicos e sanitários dos rebanhos de modo eficiente. Ao mesmo tempo, os programas de conservação devem investir em recursos tanto para estudos de caracterização molecular como de viabilidade econômica das raças no sistema produtivo do país (McManus *et al.*, 2007).

Apesar do potencial produtivo dos caprinos, ainda são poucos os estudos envolvendo programas ligados ao melhoramento genético e a conservação da espécie.

A realização deste trabalho visa aumentar o conhecimento das relações existentes entre diferentes populações caprinas, analisar os recursos genéticos disponíveis, testar algumas metodologias de discernimento entre e intrapopulações a partir de marcadores morfológicos. Por outro lado, o conhecimento da variabilidade entre as populações caprinas poderá fornecer subsídios para o gerenciamento destas populações no Brasil, tanto para as políticas públicas quanto para a iniciativa privada.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A importância da diversidade genética e de sua manutenção

Nos últimos 20 anos, houve uma conscientização mundial da importância da biodiversidade das raças domésticas para a pecuária do futuro, onde novos obstáculos ditados pelo mercado e/ou pelas mudanças climáticas podem ser superados com o auxílio de genes ou combinações gênicas presentes em raças ou tipos autóctones. Dentro deste ponto de vista, é desejável manter o máximo de diversidade genética dentro de cada espécie (Eding & Laval, 1999).

O reconhecimento global da necessidade de conservação da diversidade e caracterização genéticas de raças e populações de animais domésticos, incluindo a sua diferenciação e avaliação das relações genéticas existentes, possui o objetivo de identificar populações e/ou raças a conservar prioritariamente e de estabelecer programas de conservação e gestão dos recursos genéticos animais (Barker *et al.*, 2001). A diversidade ou manutenção da variabilidade genética entre e intrapopulações de dada espécie é importante tanto na conservação quanto na produção animal. Para Vanzolini (1993), a sistemática é a ciência da biodiversidade.

O sucesso de qualquer programa de melhoramento genético ou de conservação é dependente do conhecimento da quantidade de variação presente na espécie de interesse. Os programas de melhoramento genético são baseados na variabilidade genética dos indivíduos, que pode ser alterada por meio da introdução de novos genótipos no plantel. O cruzamento é também usado com

freqüência na condução dos programas de melhoramento genético de caprinos, cujo sucesso depende da divergência genética dos progenitores. A utilização de progenitores com altos índices de produtividade e de grande diversidade genética poderá gerar indivíduos mais produtivos e com grande variabilidade genética (Piassi *et al.*, 1995).

A manutenção da diversidade genética intra-população é fundamental para sobrevivência das populações naturalizadas e, no caso dos programas de melhoramento genético, a garantia de que se pode estabelecer pressão de seleção e aumento de produção. A variabilidade de dada espécie resulta das variabilidades entre raças (inter-racial) e dentro da raça (intra-racial), ou seja, do número total de raças e da diversidade entre indivíduos de mesma raça. Muitas raças ou tipos locais tendem a diminuir seu tamanho e, até mesmo, desaparecer porque são substituídos por raças de melhor desempenho produtivo, aprimorados por seleção artificial. O conhecimento desta variabilidade se dá comparando indivíduos e populações por meio de alguns artifícios que incluem marcadores de diversidade e técnicas estatísticas. Muitas raças ou tipos locais tendem a diminuir seu tamanho e, até mesmo, desaparecer porque são substituídos por raças de melhor desempenho produtivo, aprimorados por seleção artificial (Machado *et al.*, 2009).

A perda de um único tipo ou raça compromete o acesso a seus genes e combinações genéticas, pois cada raça ou população representa, provavelmente, uma combinação única de genes que podem ser úteis na agricultura no futuro. Assim, procura-se manter a diversidade máxima de pool genético de cada espécie (Egito *et al.*, 2002).

O estudo da variabilidade genética intra e inter-específica é utilizado para se obter uma melhor compreensão da dinâmica de populações em unidades de conservação, quantificação do grau de estruturação geográfica destas populações, medição de graus de diversidade genética e consangüinidade, análises filogenéticas e filogeográficas (Avisé *et al.*, 1995). Os resultados e conclusões destas pesquisas são importantes em vários contextos ecológicos e evolutivos (Mefee & Carrol, 1997).

Os estudos de divergência genética tiveram sua exploração mais acentuada a partir da década de 70, coincidindo com a explosão da disponibilidade de recursos na área de informática (Sakaguti *et al.*, 1996). Estes estudos podem ser utilizados para avaliar o comportamento de genótipos em diferentes ambientes, avaliar a superioridade de alguns genótipos sobre outros, identificar genótipos divergentes que possam ser utilizados como progenitores em programas de cruzamento e relacionar a divergência genética com a heterose (Piassi, 1994).

A diversidade genética nas espécies de animais de produção é a fonte para realizar mudanças nas características fenotípicas de uma população. Essas características podem ser divididas em características de produção (quantidade e qualidade) e de *fitness* (adaptação, conformação, fertilidade e resistência a doenças). A variação genética em *fitness* pode ser afetada pela seleção artificial nos programas de reprodução. A variação genética é a base para a seleção natural que facilita a adaptação da população no ambiente com suas possíveis mudanças, e a base para a seleção artificial nas populações comerciais (Oldenbroek, 2007).

A consangüinidade ou endogamia afeta características associadas à adaptação natural como viabilidade e capacidade reprodutiva, sendo este fenômeno bem documentado em animais domésticos (Nicholas, 1999). A endogamia é mais provável em população de pequeno tamanho (Verrier *et al.*, 1989).

As raças, durante seu processo de formação, permaneceram geneticamente isoladas e foram submetidas a pressões de seleção variáveis, tanto artificiais, quanto naturais. Esse processo resultou em alguma endogamia, que, juntamente com a deriva genética, contribuiu para a fixação de alguns genes homozigotos. Esses homozigotos produzidos tanto podem ser de genes de efeitos indesejáveis, quanto de genes cuja combinação heterozigótica produz resultados favoráveis (Lôbo & Lôbo, 2007).

Vários são os argumentos usados para a conservação de raças ou tipos, como: possibilidade de produção de artigos ímpares como fibras naturalmente colorida, carne e queijos certificados pela origem e/ou qualidade; serem adaptados às pastagens nativas de onde se originam e há relatos de raças locais

resistentes a algumas doenças. Caprinos tropicais se comportam como poliéstricos contínuos enquanto os de clima temperado são geralmente sazonais resultando maior intervalo entre partos que nos primeiros. Animais de diferentes origens e históricos se prestam como material para estudo das relações genéticas entre populações e podem constituir banco de germoplasma para melhoria futura de raças já selecionadas para produção (Machado *et al.*, 2009). Para Audiot (1995), como tais populações constituem patrimônio herdado de gerações passadas, protegê-las é um dever da administração pública, e elas podem apresentar novas perspectivas econômicas.

O número de estudos de diversidade genética realizados nos últimos anos sobre caprinos não é muito elevado, abrangendo, no entanto, diversas populações caprinas, de diferentes localidades (Saitbekova *et al.*, 1999; Luikart *et al.*, 1999; Yang *et al.*, 1999; Machado *et al.*, 2000; Igarashi *et al.*, 2000a,b; Barker *et al.*, 2001; Araújo *et al.*, 2004, 2006; Oliveira *et al.*, 2007 a,b).

Machado *et al.* (2000) utilizaram caracteres morfológicos no estudo de diversidade de cabras SRD do Brasil e cabras mediterrâneas. Igarashi *et al.* (2000a) estudaram diversidade em caprinos de raças naturalizadas e importadas através de polimorfismo de proteínas. Igarashi *et al.* (2000b) estudaram diversidade também em rebanhos importados e naturalizados, utilizando dois *loci* de microssatélites em adição a seis proteínas de eritrócitos. Araújo *et al.* (2004) estudaram diversidade genética em caprinos da raça Moxotó no Ceará através de dez marcadores microssatélites. Menezes *et al.* (2006) caracterizaram geneticamente caprinos de raças naturalizadas por meio de 27 microssatélites. Oliveira (2007) estudaram populações caprinas do Nordeste do Brasil e raças oriundas do Velho Mundo através de DNA mitocondrial e Oliveira *et al.* (2007) estudaram a estrutura e relação genética entre raças brasileiras naturalizadas e raças exóticas puras com base em 13 locos de microssatélites.

2.2. Recursos genéticos

Segundo Sereno & Sereno (2000), com a modernização da agricultura, muitos dos recursos genéticos animais no Brasil encontram-se em deriva genética, devido à constante introdução de raças exóticas altamente especializadas para a produção animal. Isso se aplica aos bovinos, caprinos, ovinos e outras espécies animais de interesse econômico.

Atualmente, vários países estão perdendo seus recursos genéticos, o que é crítico tanto para a segurança alimentar quanto para o desenvolvimento sustentável. Segundo a FAO (*Food and Agricultural Organization*), mais de 20% das raças documentadas foram classificadas como em risco de extinção.

A biodiversidade dos recursos genéticos constitui parte integrante da riqueza biológica de uma nação e sua conservação é fundamental para a sociedade. Hoje há interesse que a produção animal leve ao desenvolvimento sustentável das criações e ao aproveitamento integral dos recursos naturais. Observa-se grande variedade de raças naturalizadas nas Américas adaptadas às condições ambientais e de criação desta região, o que constitui uma fonte de material genético capaz de melhorar a resistência de outras raças a condições desfavoráveis ao ambiente de criação (Notter, 1998).

Raça, linhagem ou população geograficamente definida são a unidade primária de um recurso genético animal. Cada raça ou população é o produto de evoluções e adaptações isoladas através dos séculos, com diferentes pressões de seleção impostas pelo clima, parasitas endêmicos e doenças, bem como pela alimentação viável e por critérios de seleção e manejo impostos pelo homem. A formação de uma raça esteve, provavelmente, associada com a perda de alguma diversidade genética nos estágios iniciais, assim como com a concentração e, eventualmente, a fixação de algumas características específicas (Mariante & Cavalcante, 2000).

A melhoria da qualidade de vida da população de baixa renda em países em desenvolvimento é dependente do uso eficiente dos recursos genéticos

animais. Também existe a necessidade de melhorar o bem-estar animal e a segurança dos alimentos produzidos (Carneiro, 2008).

Acredita-se que as raças ou tipos naturalizados mantêm um *pool* genético que lhes permitiu sobreviver em determinadas regiões. Um estudo aprofundado das raças naturalizadas e ecótipos, mediante a caracterização genética de suas populações, poderá, portanto, auxiliar no desenvolvimento e acompanhamento racional de futuros programas de melhoramento animal, bem como na preservação e conservação deste importante germoplasma. Os ganhos na eficiência econômica, que podem ser resultado da utilização desse material genético, podem superar os custos de conservação dessas raças/ecótipos (Mariante & Cavalcante, 2000).

Segundo Mariante *et al.* (1999), o programa de conservação dos recursos genéticos brasileiros animais inclui as seguintes etapas: (1) Identificação dos animais através de levantamento do número efetivo dos rebanhos que se encontram em estado avançado de diluição genética, mediante aplicações de questionários aos produtores; (2) Caracterização morfológica dos animais com características quantitativas (altura de cernelha, perímetro torácico, peso, etc.) e qualitativas (cor da pelagem, perfil cefálico, etc.), além da caracterização genética do germoplasma usando marcadores moleculares (RFLP, AFLP, RAPD, microssatélites e etc), mensurando as diferenças entre e dentro das populações e por fim, (3) a avaliação do potencial produtivo dos rebanhos, com dados de produção (carne, leite, pele, pêlos, etc).

Os recursos genéticos nativos de caprinos representam, atualmente, uma grande fonte de renda e um grande valor cultural para muitos países, mas a realidade na América do Sul é bem diferente, onde poucos recursos genéticos são conhecidos e caracterizados.

2.3. Origem e distribuição da caprinocultura

As variações fenotípicas de grandes grupos geográficos e que constituem populações autóctones sem grande mestiçagem, são atribuídas à origem de seu

povoamento. A cabra em sua forma doméstica teria chegado à África em procedência do Oriente Médio. Achados arqueológicos e a iconográficos mostram que as primeiras cabras do Egito eram de pequeno porte, com cornos em forma de sabre. Mais tardiamente apareceram grandes cabras no Vale do Nilo, com cornos espiralados, orelhas inicialmente eretas e depois longas e pendentes. As cabras domésticas se difundiram pelo leste e noroeste africano, enquanto um terceiro tipo de perfil convexo, orelhuda e pernalta, chamado Nubiano, ficou restrito da Ásia ao Sudão (Epstein, 1971).

Com a difusão dos caprinos no Velho Mundo, seguido de adaptação e isolamento entre regiões, surgiram tipos locais que passaram a ganhar importância com o advento do mercantilismo. A partir do século XVIII surgem as associações de raças e a seleção empírica (Laurans, 1989).

Os primeiros caprinos foram introduzidos no Brasil em São Paulo, vindos diretamente de Portugal, em 1534. Em seguida, foram introduzidos no Pernambuco, também oriundos de Portugal. Na Bahia, as cabras chegaram entre 1549 e 1587, oriundas das Ilhas de Cabo Verde, que os portugueses haviam povoado em animais. Estas ilhas podem ter recebido também animais da costa senegalesa, naquela época. Em 1630, uma Bandeira traz do Paraguai para São Paulo um grande número de caprinos, desta vez, portanto, de linhagem espanhola (Machado, 2001).

O número de caprinos introduzidos no Brasil entre os séculos XVI e XVIII, com uma concentração entre 1534 e 1557, é de algumas centenas de cabeças. Os animais introduzidos nesta época eram do tipo não padronizado, sem raça definida. A partir do século XIX as raças modernas padronizadas começam a chegar. O número de caprinos introduzidos em pé é da ordem de um milhar para a raça Alpina e suas variedades, um milhar para a raça Saanen e suas variedades, cinco centenas para a raça Toggenbourg e suas variedades, cinco centenas para a raça Anglo-nubiana e suas variedades, duas centenas para a raça Angorá, uma centena para a raça Murciana, e de poucas cabeças para as raças Boer, Cachemire, Dwarf, Grison, Jamnapari, Lamancha e Poitevine. Desconhece-se o número exato de indivíduos introduzidos das raças Bhuj e

Mambrina. Apesar de mencionada na literatura a introdução de indivíduos das raças « Egípcia », « Flamenga », Maltesa e Sundgau , não foi possível encontrá-las nos antigos registros de exposições agropecuárias e elas não existem atualmente. Desapareceram ainda as raças Cachemire, Grison e Poitevine. Ao todo foram introduzidos até 1995, cerca de 4.000 adultos (85% fêmeas), 1.000 fetos (em gestação), 4.000 doses de sêmen (Alpina, Anglo-nubiana, Boer, Saanen e Toggenbourg) e 439 embriões congelados (Alpina, Boer e Saanen) (Machado, 1996).

É com este rebanho fundador que o Brasil deu início a sua criação, que resultou no caprino *Crioulo*. A cabra *Crioula* recebeu algumas vezes designações particulares como *Meridional*, *Colônia*, *Brejo*, *Tauá* e *Uauá*, segundo sua localização geográfica ou aspecto. Equívocos quanto à designação e identificação da cabra *Crioula* talvez sejam responsáveis pelo fato dela nunca ter sido objeto de programas de conservação, o que é lamentável (Machado, 2001).

2.4. Caprinos naturalizados brasileiros

Os caprinos introduzidos no Brasil na época da colonização e hoje naturalizados, formam os grupos genéticos regionais no Nordeste. Tais recursos genéticos, caprinos naturalizados, apresentam extrema rusticidade e adaptação às condições adversas da caatinga, vegetação que cobre quase todo o Sertão Nordestino. Entretanto, estas estão ameaçadas de extinção devido à sua baixa produtividade e ao desconhecimento de seu potencial futuro, estando hoje restritas a poucos rebanhos de conservação. Estes caprinos poderão assumir papel preponderante no desenvolvimento desta região devido a suas características peculiares. O cruzamento desordenado entre os animais naturalizados e exóticos contribui para a viabilidade econômica da caprinocultura em curto prazo, mas geram a erosão do patrimônio genético adaptado (Araújo, 2004).

Segundo Machado (2001), ecótipos são populações com características peculiares por isolamento geográfico e seleção natural. Os crioulos e as demais populações naturalizadas podem ser assim considerados. Eles, normalmente

apresentam características de rusticidade, típicas de animais que foram submetidos a um processo de seleção natural, ao longo do tempo. Os pequenos ruminantes dos trópicos caracterizam-se por pequeno porte, podendo se manter somente à base de forrageiras nativas; pela não sazonalidade reprodutiva (tendem a reproduzir ao longo de todo o ano, desde que bem alimentados); e, ainda, por serem menos sujeitos a doenças que os animais altamente especializados em produção. Eles poderiam ocupar com vantagem ambientes rudes num sistema de produção tradicional, agregando valor a seus produtos sem similares, como a pele (couro) de caprinos e ovinos deslanados. Eles são considerados ainda depositários de boas características genéticas, para um uso científico racional. As modernas raças exóticas, em contrapartida, adquiriram, por seleção artificial, especialização e níveis de produção que justificam interesse econômico pelas mesmas.

Cinco ecótipos *Canindé*, *Gurguéia*, *Marota*, *Moxotó* e *Repartida* surgiram dos animais introduzidos no Nordeste a partir da colonização (Machado, 2001). Dentre estes cinco ecótipos mais tradicionais, são os tipos *Repartidas*, *Marota* e *Gurguéia* que se encontram em estado mais crítico de conservação.

As raças naturalizadas e os ecótipos caprinos mais representativos serão descritos a seguir. Como atualmente, a maioria dos ecótipos e raças naturalizadas encontram-se ameaçadas de extinção, seus efetivos populacionais são muito reduzidos, o que faz com que a maioria das referências bibliográficas utilizadas para descrevê-las sejam antigas.

2.4.1. SRD- “Sem Raça Definida”

Os animais resultantes da mistura indiscriminada dos crioulos com as raças modernas, introduzidas mais recentemente, são chamados de ‘Sem Raça Definida’ ou ‘SRD’ (Machado, 2001).

Os animais ‘SRD’ formam o maior grupo de cabras do Nordeste. Uma das razões para isso é que este grupo inclui todas aquelas cabras que não podem ser descritas como qualquer outro tipo distinto. Portanto, este grupo apresenta várias

cores como também vários graus de cruzamentos com raças exóticas (Pant, 1985).

2.4.2. Moxotó

A raça Moxotó é o tipo local mais prontamente identificável. Foi predominantemente encontrada no Vale do Moxotó, no Estado do Pernambuco, pelo menos desde o início do século XIX, por Farias (1937). Foi reconhecida como raça pelo Ministério da Agricultura em 1977 (Brasil, 1977). São animais uniformes em cor, tamanho e tipo, caracterizados pela pelagem clara sobre o dorso e negra no ventre e em parte dos membros, e também por duas linhas negras que descem pela face e uma, sobre o dorso. Apresentam orelhas eretas e tamanho médio (similar ao de Canindé). Os chifres também são de tamanho mediano. Segundo Machado (2001) e Machado & Machado (2000a), foram identificados dez rebanhos da raça Moxotó distribuídos nos Estados do Piauí, Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco, e São Paulo. Seu estado de conservação é vulnerável.

Silva Neto (1950) aventou que a cabra *Moxotó* poderia ser descendente da cabra portuguesa *Serpentina*, que tem o mesmo padrão de coloração da pelagem e traços semelhantes.

A raça Moxotó é, dentre as autóctones, a mais representativa. É reconhecida como uma raça de dupla aptidão, embora sua produção leiteira seja bem reduzida (Araújo, 2004).

O estudo de diversidade genética em caprinos da raça Moxotó no Ceará, Brasil, através de dez marcadores microssatélites, mostrou que o único rebanho de conservação desta raça possui heteroziguidade apenas moderada e se encontra em perda de diversidade genética (Araújo *et al.*, 2004).

A raça Moxotó foi cruzada, em um rebanho, com a raça Alpina Francesa, introduzida no sul do Brasil a partir de 1983. A difusão destes mestiços para rebanhos de conservação e Livros Genealógico da raça Moxotó faz dela raça sintética e não mais ecótipo (Machado & Machado, 2000).

2.4.3. Canindé

A raça Canindé foi descrita em 1915, no Estado do Piauí, por Iglesias (Castro, 1984). Ela foi reconhecida como raça pelo Ministério da Agricultura somente em 1999. Possui pelagem negra sobre o dorso e avermelhada ou clara no ventre, em parte dos membros e em duas linhas descendo pela face; possui pêlos curtos. Apresenta chifres de médio tamanho e chanfro retilíneo. São de tamanho médio (fêmeas adultas pesam em torno de 30 a 40 quilos) (Figueiredo *et al.*, 1987). Ela produz de 400 a 800 ml de leite/dia. Foram identificados 13 rebanhos da raça Canindé distribuídos nos Estados do Piauí, Rio Grande do Norte, Paraíba, Bahia, Minas Gerais, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul. Sua preservação é vulnerável (Machado, 2001).

A raça Canindé foi cruzada, em dois rebanhos, com a raça Alpina Inglesa, introduzida no Brasil em 1985 e 1989 (Machado & Machado, 2000).

2.4.4. Repartida

A cabra Repartida foi descrita no Estado da Bahia, por Freitas (1951). Tem pelagem negra na parte anterior e vermelha na posterior do corpo, daí seu nome. Possui chifres de tamanho mediano. Posteriormente, foram considerados Repartida os animais com fenótipo de coloração invertida, avermelhado no anterior e negro no posterior, originalmente chamados Meísta por Domingues (1941). Segundo Machado (2001), este cruzamento pode ter descaracterizado sua pelagem e diminuído seus efeitos. Poucos estudos tem sido realizados com o ecótipo Repartida, o que dificulta saber sobre os valores médios de seus índices produtivos. Atualmente, há um único rebanho desta raça na Empresa Baiana de Desenvolvimento Agropecuário - EBDA. Sua conservação está em estado crítico (Machado & Machado, 2000a; Machado, 2001).

2.4.5. Gurguéia

A cabra Gurguéia caracteriza pela presença de pêlo vermelho com o dorso e extremidades pretas, orelhas eretas e chanfro retilíneo (Barros, 1987). Seu nome se deve a um afluente do Rio Parnaíba (PI).

A cabra Gurguéia não possui hoje nenhum rebanho de conservação. Ela foi cruzada nos últimos anos com a raça Alpina Francesa em um rebanho. Pode ser considerada em extinção (Machado & Machado, 2000a).

2.4.6. Marota

As cabras Marotas, também denominadas de Curaçá, têm origem na região Nordeste e são procuradas por selecionadores pela rusticidade e a cor da pelagem clara e uniforme para uso em cruzamentos. As mesmas têm padrão definido com estatura média (com peso médio de 39-55Kg nas fêmeas e 55-75Kg nos machos). A cabeça mediana, perfil reto, chifres de tamanho medianos, voltados levemente para trás e para fora, pescoço fino, proporcionando ao animal um porte elegante, linha do dorso lombar reta, garupa inclinada, membros alongados, fortes e bem aprumados sobre os cascos claros. Segundo Figueiredo *et al.* (1987), apresentam pêlos semelhantes às raças européias Saanen ou Angorá. A Embrapa Meio-Norte mantém, em Castelo do Piauí – PI, um único rebanho preservado da raça Marota (Machado, 2001).

2.4.7. Azul

A cabra Azul ou ruão se caracteriza pela mistura de pêlos branco, preto e, às vezes, vermelho (Machado, 2001). Azul designa caprinos de pelagem ruão sobre um padrão pigmentar eumelânico, que a torna acinzentada ou ‘azulada’ (Machado, 1995). O registro de Azul na literatura aparece no final dos anos 1980, para a região Nordeste (Santos, 1987; Barros, 1987).

Foram localizados quatro rebanhos de cabras Azul por Machado & Machado (2000b).

2.4.8. Nambi

O ecótipo Nambi é encontrado em todo semi-árido nordestino e vem sendo objeto de estudo da EMBRAPA CPAMN e Universidade Federal do Piauí em parceria com a Universidade Federal de Viçosa (Araújo, 2006; Araújo *et al.*, 2008). “Nambi” significa orelha em tupi-guarani. A principal característica da

cabra Nambi é possuir orelhas de tamanho reduzido (Santos, 1987; Barros, 1987). Machado & Machado (2000b) haviam localizado dois rebanhos Nambi, um no Piauí e outro na Paraíba.

A Nambi foi comparada com outros tipos caprinos do Nordeste brasileiro por meio de medidas corporais e escore corporal. A Nambi apresentou o melhor escore corporal dentre os tipos analisados (Pires *et al.*, 2008).

2.5. Caprinos exóticos

Dentre as raças européias leiteiras destacam-se a Saanen, Alpina e Toggenbourg. As raças caprinas leiteiras mais expressivas no Brasil são a Saanen e a Alpina. Segundo Santos (2003), a raça Alpina está muito presente nos rebanhos da Região Nordeste, enquanto o rebanho Saanen é mais numeroso nas Regiões Sul e Sudeste. Em termos mundiais, a raça Saanen é a maior produtora de leite, podendo chegar a 3000 kg de leite em 305 dias de lactação.

2.5.1. Saanen

A raça leiteira Saanen é originária do Vale Saanen, na Suíça, com pelagem branca, muito difundida em vários países (Mason, 1988). Excelente produtora de leite, sendo a raça leiteira mais famosa e produtiva da Europa e que, nos últimos anos, tem sido comercializada para inúmeros países por todo o mundo, no âmbito de programas de melhoramento (Luikart *et al.*, 1999).

No Brasil, a Saanen foi introduzida a partir da Inglaterra, Estados Unidos, Canadá, França, Suíça, Países Baixos e Nova Zelândia (Machado, 1995). A Saanen é apontada como a raça caprina com maior produção de leite, por vários autores.

2.5.2. Alpina

Raça leiteira dos Alpes, a Alpina possui pelagem vermelha com patas e chanfro riscados de negro, com algumas variações de pelagem. Possui orelhas eretas e pelo curto (Machado, 1995). Raça especializada na produção de leite. No

Brasil foi introduzida a partir da Inglaterra, Estados Unidos, Canadá, França e Suíça (Machado, 1995). Alpina é um grupo que corresponde as raças Alpina Francesa, Alpina Italiana, Alpina Espanhola, Alpina Suíça, e Oberhasli (Mason, 1988).

2.5.3. Toggenbourg

A Toggenbourg é uma raça suíça marrom ou cinza com riscos brancos sobre a testa e nas patas (Mason, 1988; citado por Machado, 1995). No Brasil foi introduzida a partir da Inglaterra, Canadá, Países Baixos e Suíça (Machado, 1995). É especializada na produção de leite.

2.5.4. Anglo-Nubiana

A raça Anglo-Nubiana é de dupla aptidão (produz carne e leite), relativamente grande porte, imponente e graciosa. Por ser uma raça caprina bem adaptada a condições quentes, tem sido muito utilizada em programas de melhoramento em muitos países tropicais para aumentar a produção de leite e carne das raças locais (Oliveira, 2007). A pelagem de caprinos da raça Anglo-nubiana não é padronizada podendo ser negra, castanho escuro, baia ou cinza, apresentar ou não manchas pretas, ou castanhas, para formar o padrão tartaruga.

A Anglo-Nubiana foi formada na Inglaterra, no século XIX, a partir de cabras orientais de orelhas pendentes e cabras inglesas comuns (Mason, 1988).

2.5.5. Boer

A Boer é uma raça de corte formada na África do Sul, de tamanho mediano, orelhas pendentes, pelagem corporal branca com cabeça, orelhas e pescoço vermelhos (Almeida & Schwalbach, 2000; Casey & Van Niekerk, 1988) e chanfro branco. Constitui uma das principais raças caprinas que os criadores têm selecionado para corte.

O caprino Boer é um dos mais resistentes animais de criação do mundo (Barry & Godke, 2000; Malam, 2000). Apresenta capacidade de adaptação a vários climas e sistemas de produção, variando do extensivo ao intensivo, o que é

uma importante característica econômica com relação direta com a capacidade de produção, demanda por animais para reprodução e retorno do investimento (Casey & Van Niekerk, 1988).

2.6. Ferramentas no estudo da diversidade

Os caracteres e os táxons são os objetos da taxonomia ou da sistemática. Os caracteres são as variáveis a serem consideradas (marcadores). 'Taxon' é a unidade de classificação do mundo vivo (grupos, populações, raças) (Darlu & Tassy, 1993).

Na demonstração da similaridade entre populações deve-se fazer escolhas sucessivas quanto: 1) Ao caráter a ser mensurado, o que depende da sua variabilidade; 2) A modelização dos dados, conforme as premissas da hipótese experimental; 3) Ao método de cálculo de distância, segundo a natureza do caráter e 4) O método de representação gráfica da semelhança/dissimilaridade entre populações (Lefort-Buson & Vienne, 1985).

2.6.1. Os marcadores morfológicos

Os marcadores morfológicos definem-se por fenótipos de fácil identificação, normalmente determinado por um único alelo. Características fenotípicas de variação discreta são utilizadas como marcadores morfológicos desde os tempos de Mendel. Estes marcadores morfológicos são pouco numerosos. Isto dificulta a associação entre os caracteres fenotípicos e os de produção, assim como restringe a cobertura do genoma. Eles são ainda pouco polimórficos, o que resulta em baixa acurácia quando utilizados em análises de agrupamento. Apesar destes inconvenientes, seus resultados são coerentes. Apresentam, ainda, vantagens como praticidade e custo zero no que diz respeito à leitura indireta do genoma e contribuíram para o estabelecimento das primeiras frequências gênicas e para os primeiros estudos de diversidade e relações entre populações (Machado, 2003).

Até meados da década de 60, os marcadores utilizados em estudos de genética e melhoramento eram controlados por genes associados a caracteres morfológicos, em geral fenótipos de fácil identificação visual. Os marcadores morfológicos contribuíram significativamente para o desenvolvimento teórico da análise de ligação gênica e para a construção das primeiras versões de mapas genéticos. Entretanto, o pequeno número de marcadores morfológicos distintos em uma mesma linhagem reduzia a probabilidade de se encontrar associações significativas entre estes marcadores e caracteres de importância econômica através do estudo de populações segregantes. Portanto, só ocasionalmente é que marcadores morfológicos ligados a genes de importância econômica eram identificados, limitando seu emprego em programas de melhoramento. Além disso, a disponibilidade de marcadores morfológicos era essencialmente restrita às poucas espécies utilizadas como sistemas modelo para o estudo da genética (Cruz & Carneiro, 2006).

A caracterização genética e fenotípica de animais domésticos disponíveis oferece informações importantes para a tomada de decisões racionais para a melhoria e o desenvolvimento de programas de melhoramento e seleção. A utilização de caracteres étnicos permite caracterizar ou classificar indivíduos e raças de uma população. Estes caracteres podem ser definidos como uma particularidade individual em destaque, que, em maior ou menor grau de variação, determina o tipo de raça ou tipo étnico (ecótipos) a qual pertence (Rodero *et al.*, 1992).

Segundo Rodero & Herrera (2000), os estudos devem visar à caracterização, identificação e diferenciação das populações revelando a origem e a história das raças, seu senso e distribuição geográfica, qualidades e aptidões, descrição fenotípica e características morfobiométricas.

No Brasil, tradicionalmente, a caracterização das diferentes raças de animais domésticos baseava-se em características fenotípicas (morfológicas e produtivas) resultantes da interação genótipo x ambiente, de tal forma que as raças submetidas a condições ambientais específicas poderiam mudar seu genótipo (Mariante & Calvacante, 2000). Desta maneira, a escolha de indivíduos

representativos da raça ou população a ser preservada somente por seu fenótipo pode ser arriscada, já que o mesmo muda de acordo com o ambiente. Uma alternativa para se evitar esse tipo de problema seria a associação de informações fenotípicas com dados moleculares (Egito *et al.*, 1999).

No caso de caprinos, a presença de cornos é uma ferramenta eficaz para se evitar intersexualidade, pois estas características estão associadas entre si (Asdell, 1944). A presença de cornos e de brincos foi usada em comunicações de nascimento de caprinos, na França, com vistas à exclusão de paternidade em animais registrados (Ricordeau, 1970; Fatoux, 1971).

Os marcadores morfológicos empregados para se estabelecer relações de similaridade entre diferentes populações são: presença/ausência de cerca de dez deles: 'EL' – *Ear length* ou orelhas rudimentares (como na raça Lamancha), 'HL' – *Hair length* ou pêlos longos (Como na Angorá ou Mambrina), 'Ho' – *Horns* ou cornos, 'W' - *Wattled* - brincos, 'Br' - *Beard* ou barba, 'Rn' – *Rouan* ou pelagem ruão (como na cabra azul), 'B' – *Brown* ou pelagem eumelânica marrom (como na raça Toggenbourg), 'A' – *non Agouti* ou pelagem negra (como na raça Murciana), 'S' - *Spotted* ou pelagem malhada (como na raça Mambrina e na Alpina americana) e 'Fr' – *Frosting* ou pelagem 'florida' ou chitada no focinho e orelhas (como na raça Bhuj) (Lauvergne, 1988; Machado *et al.*, 2000).

Para se considerar o conjunto das medidas com vista a discriminar populações, é necessário, portanto, ter em vista a faixa etária considerada ou trabalhar com dados corrigidos pelas equações das curvas de crescimento ou ainda, ajustados pelo método dos mínimos quadrados, incluídos os efeitos fixos de rebanho, sexo, idade pela dentição, escore corporal e a interação entre estes efeitos (Bouchel, 1995).

As medidas caprinas usualmente tomadas são: altura de cernelha (AC), comprimento corporal (CC), altura das patas ou maçã do peito ao chão (AP), comprimento de orelhas (CO) e perímetro torácico. A profundidade torácica (PT) é calculada (AC-AP) (Bourzat *et al.*, 1993; Lauvergne *et al.*, 2000; Bouchel *et al.*, 1997; Machado *et al.*, 1998; Zeuh *et al.*, 1997)

As características morfométricas têm sido utilizadas para a caracterização racial de caprinos (Dossa *et al.*, 2007; Rocha *et al.*, 2007; Machado *et al.*, 1998; Pires *et al.*, 2008; Bedotti *et al.*, 2004; Capote *et al.*, 1998; Herrera *et al.*, 1996; Rodero *et al.*, 1992).

As características biométricas estão diretamente relacionadas às funções econômicas e produtivas a que se destinam os caprinos, portanto seus caracteres exteriores variam de acordo com a sua função. Caprinos produtores de carne devem apresentar esqueleto fino, corpo longo e amplo, cabeça leve, membros curtos, linha dorsal horizontal larga, garupa e pernil volumosos, possuindo convexidade da musculatura.

2.6.2. Análise multivariada

A denominação “análise multivariada” corresponde a um grande número de métodos e técnicas que utilizam simultaneamente as informações de todas as variáveis respostas na interpretação do conjunto de dados, levando em consideração a correlação entre elas. A disseminação do uso das técnicas multivariadas pode melhorar a qualidade das pesquisas, proporcionar uma economia relativa de tempo e de custo, e facilitar a interpretação das estruturas dos dados, diminuindo a perda de informação. As técnicas de análise multivariada têm sido regularmente aplicadas em várias investigações científicas nas mais diversas áreas de pesquisa.

As análises multivariadas são técnicas numéricas usadas para estudar e descrever a covariação entre variáveis, entre indivíduos, ou ambos. A força da análise multivariada reside na capacidade de examinar diversas variáveis simultaneamente e quantitativamente (Neff & Marcus, 1980, *apud* Vanzolini, 1993). Em sistemática, as variáveis são geralmente caracteres medidos em um grupo de indivíduos. Os objetivos são diversos, inclusive discriminar populações, que é o interesse deste trabalho, com fins de conservação e/ou melhoramento genético de populações caprinas.

A eficácia das análises multivariadas no estudo da biodiversidade/sistemática não é unanimidade. Para Vanzolini (1993), elas não trouxeram grande contribuição à sistemática e, para este autor, a utilização de métodos estatísticos em taxonomia deve ser vista como uma ferramenta de trabalho, contribuindo para as decisões, que devem ser tomadas com bom senso dentro da realidade biológica, com ênfase descritiva.

Uma observação multivariada é definida como sendo uma coleção de medidas de p variáveis feitas em um mesmo indivíduo. Para que a análise multivariada seja aplicada de forma correta é essencial uma adequada organização e avaliação dos dados; devendo ser investigado a forma como os dados foram gerados, as medidas utilizadas e a confiabilidade destes dados.

O tipo de dados em estatística multivariada também é de grande importância, pois podem ajudar a definir a técnica a ser aplicada. Segundo Hair Jr. *et al.* (2005), os dados podem ser métricos ou não-métricos. Os dados métricos ou dados quantitativos identificam ou descrevem indivíduos (ou objetos) pela posse de um atributo e pelo grau em que o indivíduo pode ser caracterizado pelo atributo. Já os dados não métricos ou dados qualitativos, são atributos, características ou propriedades categóricas que identificam e descrevem o indivíduo ou objeto. Diferem dos dados métricos no sentido de indicarem a presença de um atributo, mas não a quantia.

A maioria das técnicas multivariadas utiliza somente os indivíduos com informações completas, ou seja, se para um indivíduo o valor de alguma variável tiver sido perdido, este indivíduo é eliminado do processo de análise. Desta maneira, Hair Jr. *et al.* (2005) lembram que em muitas análises multivariadas, os dados perdidos podem eliminar tantas observações que uma amostra de tamanho adequado, fica reduzida a uma amostra imprópria.

Antes da aplicação de algum método multivariado deve-se investigar a existência de valores discrepantes (*outliers*), que podem afetar os resultados finais da análise estatística. Assim, é recomendável que seja realizada uma análise exploratória dos dados na tentativa de identificar erros deste tipo. O uso da distância de Mahalanobis (ver a seguir) é sugerido por muitos textos como um

método para detectar *outliers* em dados multivariados. Ao se identificar as observações atípicas deve-se eliminá-las e selecionar somente as observações que mostram verdadeira peculiaridade em comparação com o restante da população.

2.6.2.1. Medidas de dissimilaridade

São medidas da relação entre os pares de indivíduos ou populações, dado o valor de um conjunto de diversas variáveis. Alta dissimilaridade indica que dois indivíduos são distantes em relação ao conjunto de variáveis, ou seja, quanto maior seu valor, menos parecidos são os indivíduos ou populações. As principais medidas de dissimilaridade usadas na análise de agrupamentos são: distância Euclidiana, distância Euclidiana média, distância de Mahalanobis e a distância de Nei (Regazzi, 2007).

Para diferentes grupos de marcadores são recomendados diferentes métodos de cálculo da matriz de distância: de Nei para frequências alélicas, D^2 de Mahalanobis para dados biométricos, de Hendrick para mobilidade eletroforética de aloenzimas (Lefort-Buson & Vienne, 1985). A distância Euclidiana, ou o seu quadrado, é muito empregada quando as unidades para cálculo são escores de componentes principais ou de variáveis canônicas (Cruz, 1990).

Segundo Cruz & Carneiro (2006), nos estudos da divergência genética tem-se usado a distância Euclidiana média ou a distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado como medidas de dissimilaridade, sendo esta última a preferida, entretanto, possível de ser estimada apenas quando se dispõe da matriz de covariâncias residuais. Desta forma, fica evidenciado que a distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado (D^2) tem a vantagem, em relação à distância Euclidiana média, de levar em consideração a correlação entre as características consideradas.

A distância generalizada de Mahalanobis (ao quadrado) para as populações i e i' é dada por $D_{ii'} = (\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})R^{-1}(\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})$, em que R é a matriz de covariância residual; e $\bar{X}_i - \bar{X}_{i'}$, são vetores p -dimensionais de médias dos progenitores i e i' , respectivamente. A distância Euclidiana média para as

populações i e i' é dado por $d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (X_i - X_{i'})^2}$, em que v é o número de características avaliadas (Mahalanobis, 1936; Cruz & Carneiro, 2006).

2.6.2.2. Distância genética

As distâncias genéticas quantificam o grau de diferenciação entre dois grupos populacionais. Sob determinada ótica, podem ser consideradas como mecanismos para reduzir informação, uma vez que transformam todas as informações disponíveis sobre a relação entre duas populações em um único número (Weir, 1996). Se não há diferença, então a distância entre as duas populações é zero. Contudo, se as populações não possuem alelos em comum em todos os *loci*, então a distância deve possuir valor máximo.

A partir das frequências dos caracteres calcula-se uma matriz de distâncias genéticas que permite representações gráficas na forma de árvores também chamadas dendrogramas. Existem diferentes escolas de sistemática em função do conceito de semelhança: 1) Fenética ou não evolutiva e, 2) Cladística ou evolutiva. A semelhança, por sua vez, é classificada em: 1) Semelhança devida a um ancestral em comum - *homologia* e, 2) Não ligada a um ancestral comum - *homoplasia*. O método de construção de árvores, se fenético ou cladístico, vai depender da premissa da herança ser devida a um ancestral comum (homologia) ou a uma aparição independente (homoplasia) (Darlu & Tassy, 1993).

Na sistemática fenética, que é um método de agrupamento não evolucionista, isto é, que não se baseia em relações filogenéticas, a relação entre grupos (táxons) é baseada na semelhança global, tanto dos caracteres *homólogos* como *homoplásicos*. O método pressupõe que, quanto maior a semelhança entre dois táxons, maior a chance de haver parentesco entre eles. A árvore, ou dendrograma, é construída a partir de semelhanças observadas entre cada par de Unidades Evolutivas (táxons, que se apresentam nas extremidades das árvores, neste caso as raças ou tipos caprinos).

A distância de Nei estima o número de substituições gênicas que ocorrem em genes de duas populações desde sua divergência a partir de um ancestral comum. Para duas populações X e Y das quais se dispõe de dados de frequência alélicas x e y para m loci, cada um com n alelos, Nei (1972) propôs que a identidade genética, I é definida entre duas populações X e Y como a proporção de alelos que são semelhantes entre as populações e dentro da população

$$I = \left(\frac{\sum_i x_i y_i}{\sqrt{\sum_i x_i^2 \sum_i y_i^2}} \right)$$

Logo, a medida de distância padrão DS de Nei (1972) é dada por

$$D_S = -\ln I$$

2.6.2.3. Análise de agrupamento

Com o objetivo de aproveitar melhor as vantagens fornecidas pela heterose, a identificação de genótipos divergentes vem sendo satisfatoriamente explorada por técnicas de análise multivariada como, por exemplo, análise de agrupamento. Este modelo tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os indivíduos em vários grupos, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade. Este processo envolve, basicamente, duas etapas, a primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os progenitores e a segunda, com a adoção de técnica de agrupamento para formação dos grupos (Cruz & Carneiro 2006).

A segunda etapa do processo consiste na escolha de um método de agrupamento. Dentre os métodos, os mais utilizados; em estudos de divergência genética; são os hierárquicos e os de otimização, sendo o método de otimização, apresentado por Tocher, mais usado nesses estudos (Piassi, 1994).

A análise de agrupamento realciona-se com outras técnicas multivariadas como análise fatorial, canônica ou de componentes principais quando se trabalha com um grande número de variáveis através destas técnicas é possível reduzir a dimensão do conjunto de variáveis. Assim, os escores dos primeiros fatores, variáveis ou componentes são usados na análise multivariada.

- Métodos hierárquicos

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou diagrama de árvore. Neste caso, não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na “árvore” e nas ramificações obtidas. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (Cruz & Carneiro, 2006).

O dendrograma é um gráfico bidimensional que combina a ocorrência da fusão com a estimativa de distâncias das unidades agrupadas. O dendrograma pode ser construído para agrupar as variáveis, onde a similaridade entre duas variáveis aponta forte correlação entre elas. Os dendrogramas de indivíduos ou populações são mais comuns que os de variáveis.

No método do vizinho mais próximo (método hierárquico), as populações são agrupadas por meio das menores distâncias de dissimilaridade, por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou diagrama de árvore. Este método tem sido amplamente utilizado no melhoramento genético, apontando como desvantagem a incapacidade de não discernir grupos pobremente separados (Johnson & Wichern, 2002). Entretanto, tem sido considerado um dos poucos métodos que evita estabelecer grupos únicos, quando os genótipos se dispõem numa estrutura de filamentos conhecida por encadeamento (Cruz & Carneiro, 2006).

Segundo Sneath & Sokal (1973), o método do vizinho mais distante é exatamente o oposto do método do vizinho mais próximo, uma vez que as populações são agrupadas por meio das maiores distâncias de dissimilaridade.

Outro método hierárquico é o método de “ligação média” ou UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), caracteriza-se por ser um método não ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre as populações consideradas, ou seja, este método se baseia no agrupamento sucessivo de pares de táxons de acordo com o nível de similaridade. Define-se, assim, a distância entre agrupamentos como a distância média entre os pares. Este método gera dendrogramas com populações que possuem maior similaridade e tem sido utilizado com maior frequência em ecologia e sistemática (James & McCulloch, 1990) e em taxionomia numérica (Sneath & Sokal, 1973).

No método hierárquico são efetuadas medidas de grau de ajuste entre a matriz original dos coeficientes de distância (matriz fenética - f) e a matriz resultante do processo de agrupamento (matriz cofenética - c). Assim, utiliza-se o coeficiente de correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal & Rohlf (1962), cuja estimativa é dada pela seguinte expressão:

$$CCC = r_{cof} = \frac{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})(f_{jj'} - \bar{f})}{\sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})^2} \sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (f_{jj'} - \bar{f})^2}}$$

em que:

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n c_{jj'} \quad e \quad \bar{f} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n f_{jj'}$$

n = número de animais.

Quanto maior o valor obtido para CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento de progenitores. Segundo Rohlf (1970), na prática,

dendrogramas com CCC menor que 0,7 indicam a inadequação do método de agrupamento para resumir a informação do conjunto de dados.

- Método de Agrupamento de Otimização

Nos métodos de otimização, os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento, ou seja, o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida. Um dos métodos mais comumente utilizados é o proposto por Tocher (Cruz & Carneiro, 2006).

No método de Tocher, também citado por Rao (1952), adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. A decisão de incluir uma população em um grupo é tomada por meio de comparações entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o valor máximo (θ) da distância encontrada no conjunto das menores distâncias envolvendo cada população.

Na matriz de distância identifica-se, inicialmente, o par de populações que apresenta o menor valor de distância de dissimilaridade, para formar o primeiro grupo, quando essa distância não supera o limite estabelecido. Na seqüência, de acordo com o critério adotado, avalia-se a possibilidade de inclusão de outras populações no grupo ou se há a necessidade de formação de outros grupos, seguindo o mesmo critério. O acréscimo médio no valor da distância intragrupo é obtido pela razão entre a distância da população a ser inserida e o grupo que poderia recebê-la, e o número de populações no grupo.

Se $\frac{d(\text{Grupo})i}{g} \leq \theta \Rightarrow$ inclui-se a população i no grupo;

Se $\frac{d(\text{Grupo})i}{g} > \theta \Rightarrow$ a população i não é incluída no grupo;

em que:

θ = limite de acréscimo adotado;

i = população a ser incluída, ou não, no grupo;

g = número de populações que constitui o grupo que está sendo formado.

Esse método diferencia-se dos hierárquicos por serem os grupos formados mutuamente exclusivos ou, sob contexto de teoria de conjuntos, por subdividir o grupo original em subgrupos não-vazios, cuja interseção é nula e a união reconstitui o conjunto total (Cruz, 1990).

A consistência do padrão do agrupamento obtido pelo método de otimização é avaliada aplicando análise discriminante baseada na metodologia de Anderson (1958).

Avalia-se, também, a importância relativa das características para a divergência segundo metodologia de Singh (1981).

2.6.2.4. Bootstrap

O *Bootstrap* é uma técnica estatística de reamostragem que permite um ganho de informação acerca dos parâmetros de distribuição em um conjunto de dados. Seu uso principal é para avaliar a magnitude dos erros amostrais sobre inferências (Weir, 1996). Em sua implementação, a matriz de dados original é usada para gerar novas matrizes, resultando em uma maior robustez. Quando o conjunto de dados consiste de n observações, o *bootstrap* é uma amostra de n sorteios aleatórios. Todas as observações do conjunto original possuem igual chance de serem sorteadas. O valor gerado do novo *bootstrap* é a média do parâmetro amostrado. Este processo é repetido um grande número de vezes (≥ 1.000 repetições), para criar um grande número de “novos” dados. Ele pode ser usado para estimar médias e desvios padrões de um estimador calculado a partir dos dados em questão. No caso da construção de árvores, o *bootstrap* pode ser usado nos dados de frequência alélica dos múltiplos *loci* amostrados. Assim, os dados obtidos pelo *bootstrap* simulam os diferentes conjuntos de dados que poderiam ser amostrados se mais dados tivessem sido coletados (Araújo, 2004).

O número obtido pelo *bootstrap* é frequentemente usado como uma estimativa de confiabilidade da inferência, uma vez que busca quantificar até que ponto os grupos inferidos a partir da matriz de dados são consequência de artefatos amostrais. Entretanto, altos valores de *bootstrap* podem ser obtidos para

inferências incorretas, nas quais os dados disponíveis e o método empregado levam todas as amostragens a inferirem árvores erradas sistematicamente (Weir, 1996).

2.6.2.5. Análise de componentes principais

O método de análise de componentes principais, a partir da matriz de correlação, consiste em transformar um conjunto de variáveis Z_1, Z_2, \dots, Z_p em um novo conjunto de variáveis $Y_1 (CP_1), Y_2 (CP_2), \dots, Y_p (CP_p)$ (Regazzi, 2007). Dessa forma, um novo conjunto de p variáveis não-correlacionadas entre si e arranjadas em ordem decrescente de variâncias (Liberato *et al.*, 1999). A idéia principal nesse procedimento é que poucos, entre os primeiros componentes principais, possuem a maior variabilidade dos dados originais. Pode-se, assim, descartar racionalmente os demais componentes, reduzindo o número de variáveis.

Para descarte de variáveis, a variável que possui maior correlação com o componente principal de menor autovalor (menor variância) deve ser menos importante para explicar a variância total e, portanto, é passível de descarte (Barbosa *et al.*, 2006). A razão é que variáveis altamente correlacionadas aos componentes principais de menor variância representam variação praticamente insignificante (Mardia *et al.*, 1997).

O critério do número de variáveis descartadas é, conforme recomendações de Jolliffe (1973), baseado em dados simulados e reais; quando a análise de componentes principais foi feita a partir da matriz de correlação, estabeleceu-se que o número de variáveis descartadas deve ser igual ao de componentes cuja variância (autovalor) é inferior a 0,7.

Segundo Cruz & Carneiro (2006), a viabilidade de utilização dos componentes principais em estudos de divergência genética depende da possibilidade de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes, o que significa ter uma boa aproximação do comportamento dos indivíduos, oriundo de um espaço bi ou tridimensional.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, A.M. de; SCHWALBACH, L. Breves considerações sobre a raça caprina Boer. **Revista do Sindicato Nacional de Medicina Veterinária**, Lisboa, n. 2, p.10-15, 2000.

ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1958. 581 p.

ARAÚJO, A.M. **Paternidade e diversidade genética em caprinos no Brasil por meio de microssatélites de DNA**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. 172 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 2004.

ARAÚJO, A.M. A cabra Nambi. **Nordeste Rural, Caprinos e Ovinos**, 2006. Disponível em www.nordesteural.com.br, último acesso 16/08/2008.

ARAÚJO, A.M.; GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M. . Diversidade genética em uma população da raça naturalizada Moxotó no Brasil. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. CD-ROM.

ARAÚJO, A.M.; GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M. et al. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxotó breed. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.29, n.1, p.67-74, 2006.

ARAÚJO, A.M.; COSTA, M.S.; CASTELO BRANCO, J.F. et al. Caracterização molecular do tipo local Nambi com uso de marcadores de microssatélites de DNA. In: II SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2008. Brasília. **Anais...SBRG,2**, Brasília: EMBRAPA, 2008, v.1, p.505.

ASDELL, S.A. The genetic sex of intersexual goats and a probable linkage with the gene for hornless. **Science**, n.99, p.124-129, 1944.

- AUDIOT, A. **Races d'hier pour l'élevage de demain**. Paris: INRA, 1995. 229p.
- AVISE, J.C.; HAIG, S.M.; RYDER, O.A. et al. Descriptive genetic studies: applications in population management and conservation biology. *In*: BALLOU, J.D. & FOSE, T.J. (Ed) **Populations management for survival and recovery**. New York: Columbia University Press, 1995, p. 183-244.
- BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZI, A.J. et al. Avaliação de características de qualidade da carne de suínos por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1639-1645, 2006.
- BARKER, J.S.F.; TAN, S.G.; MOORE, S.S. et al. Genetic variation within and relationship among populations of Asian goats (*Capra hircus*). **Journal of Animal Breeding Genetics**, v.118, p. 213-233, 2001.
- BARROS, A.C. **Caprinos nativos : privilégio do Nordeste**. Aracaju: SUDAP, 1987. 194p.
- BARRY, D.M.; GODKE, R.A. **The Boer goat: the potential for cross breeding**. Department of Animal Science, LSU Agricultural center-Louisiana State University, Louisiana, 2000. Disponível em: <<http://www.boergoat.com>>. Acesso em 12 jan. 2009.
- BEDOTTI, D.; GÓMEZ CASTRO, A.G.; SÁNCHEZ RODRIGUEZ, M. et al. Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra colorada pampeana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.261-271, 2004.
- BRASIL. Padrões raciais dos caprinos. Portaria no. 11, 1º/12/1977. **Diário Oficial**, Brasília, 15/12/1977. p.17187-17189.
- BOUCHEL, D. **Contribution à l'étude des indices morpho-biométriques et leur condition d'emploi pour la cartographie des ressources génétiques caprines**. Tours: Université François Rabelais, 1995. 40p. (Rapport d'Initiation à la Recherche Scientifique).
- BOUCHEL, D.; LAUVERGNE, J.J.; GUIBERT, E.; MINVIELLE, F. Étude morpho-biométrique de la chèvre du rove. I. Hauteur au garrot (HT), profondeur du thorax (PT), vide sous-sternal (VSS) et indice de gracilité sous-sternale (IGs) chez femelles. **Revue Méd. Vét.**, v.148, n.1., p.37-46, 1997.
- BOURZAT, D.; SOUVENIR-ZAFINDRAJAONA, P.; LAUVERGNE, J.J.; ZEUH, V. Comparaison morpho-biométrique dès chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. **Revue Élev. Méd. Vét. Pays Trop.**, v.46, n.4, p.667-674, 1993.
- CAPOTE, J.; DELGADO, J.V.; FRESNO, M.R. et al. Morphological variability in the Canary goat population. **Small Ruminant Research**, v.27, p.167-172, 1998.

CARNEIRO, H.A. **Caracterização morfológica de ovinos no Brasil, Uruguai e Colômbia**. Brasília: Universidade Federal de Brasília, 2008. 76p. Dissertação (mestrado em genética)- Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2008.

CASEY, N.H.; VAN NIEKERK, W.A. The Boer goat. I. Origin, adaptability, performance testing, reproduction and milk production. **Small ruminant research**, v.1, p. 291-302, 1988.

CASTRO, A. de. **A cabra**. 3 ed., Rio de Janeiro: Freitas Bastos, 1984. 372p.

CHACÓN, E.; MACEDO, F.; McMANUS, C. M. et al. Índices zoométricos de uma amostra de Cabras Crioulas Cubanas. *In*: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., São Carlos, 2008. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. CD ROM.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1990. 188p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético)- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1990.

CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, v.2, 2 ed. revisada, Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

DARLU, P.; TASSY, P. **La reconstruction phylogénétique. Concepts et méthodes**. Paris: Masson, 1993. 245p. (Collection Biologie Théorique).

DELGADO, J.V.; BARBA, C.; CAMACHO, M.E. et al. Caracterización de los animales domésticos en España. **Animal Genetic Resources Information**, v. 29, p.7-18, 2001.

DOMINGUES, O. **Introdução à Zootecnia**. Rio de Janeiro: SIAMA, 1941. (Série Didática, 5).

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v. 73, p.150-159, 2007.

EDING, J.H.; LAVAL, G. Measuring genetic uniqueness in livestock. **In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources**. Lelystad: J.K. Oldenbroek. ID.DLO, 1999. p.33-58.

EGITO, A.A.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; MARIANTE, A.S. Situação atual da caracterização genética animal na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *In*: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2. **Anais...**Brasília: SIRGEALC, 1999. CD-ROM.

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

EPSTEIN, H. **The origin of the domestic animals in Africa**. v.2. New York/ London/ Munich: Africana Publishing Corporation, 1971. 719p.

FARIAS, R. Melhoramento e possibilidade da criação de caprinos em Pernambuco. **Boletim SAIC**, v.2, n.3. p.355-359, 1937.

FATOUX, A. Cornage et pendeloques. Intérêt de ces 'ornements' pour la vérification de la filiation. **La Chèvre**, v.67, p.1-3, 1971.

FIGUEIREDO, E.A.P.; PANT, K.P.; LIMA, F.A.M. et al. Brazilian goats: genetic resources. In: INTERNACIONAL CONFERENCE ON GOATS, 4., 1987, Brasília. **Proceedings...** Brasília: International Goat Association, 1987. p.683-699.

FREITAS, H. de. **Criação de Caprinos**. Rio de Janeiro: SIAMA, 1951.179p.

HAIR JR., J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W.C. **Análise Multivariada de Dados**. Tradução: SANT'ANNA, A.S.; CHAVES NETO, A. 5. ed. Porto Alegre: Bookman, 2005. 593p.

HERRERA, M.; RODERO, E.; GUTIERREZ, M.J. et al. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. **Small Ruminant Research**, v. 22, p.39-47, 1996.

IGARASHI, M.L.S.P.; MACHADO, T.M.; CASTRO, S.R. et al. Genetic characterization of goats herds of the Brazil. In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., 2000, Brasília. **Proceedings...2000a**. Brasília, EMBRAPA and RBI. CD ROM, 2000a.

IGARASHI, M.L.S.P.; MACHADO, T.M.; FERRO, J.A. et al. Structure and genetic relationship among Brazilian naturalized and imported goat breeds. **Biochemical Genetics**, v.38, p.353-365, 2000b.

JAMES, F.C.; McCULLOCH, C.E. Multivariate analysis in ecology and systematics: Panacea or pandora's box? **Annual Review Ecology Systematic**, v.21, p.129-166, 1990.

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 5 ed. New Jersey: Prentice-Hall, 2002, 767p.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Applied Statistics**, v.22, p.21-31, 1973.

LAURANS, R. **La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiques**. Paris: BRG/Lavoisier, 1989. 244 p. p.31-40. (Colloque de Paris, 18 et 19 avril 1989).

LAUVERGNE, J.J. (ed.) **Populations traditionnelles et premières races standardisées d'Ovicaprinæ dans le Bassin Méditerranéen**. Paris: INRA, 1988. 298p. (Colloques de l'INRA, 47.).

LAUVERGNE, J.J.; BOURZAT, D.; MINVILLE, F. **Using morphobiometric indices to map goat resources in África**. In: RM BLECH, KC MacDONALD (eds), 2000: The Origins and Development of African Livestock: archaeology, genetics, linguistics and ethnography. London , New York: UCL Press, p. 290-301.

LEFORT-BUSON, M.; VIENNE, D. **Les distances génétiques. Estimations et applications**. Paris : INRA, 1985. 181p.

LIBERATO, J.R.; VALE, F.X.R., CRUZ, C.D. Técnicas estatísticas de análise multivariada e a necessidade de o fitopatologista conhecê-las. **Fitopatologia Brasileira**, v.24, p.5-8, 1999.

LÔBO, R.N.B.; LÔBO, A.M.B.O. O melhoramento genético como ferramenta para o crescimento e o desenvolvimento da ovinocultura de corte. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.31, n.2, p.247-253, 2007.

LUIKART, G.; BIJU-DUVAL, M.P.; ERTUGRUL, O. et al. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). **Animal Genetics**, v. 30, p.431-438, 1999.

MACHADO, T.M.M. Le peuplement des animaux de ferme et l'élevage de la chèvre au Brésil avec une étude du polymorphisme visible de la chèvre du Ceará. PhD Thesis, University of Paris XI, Paris, 1995.

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. p.369.

MACHADO, T.M.M.; LAUVERGNE, J.J.; CHAKIR, M.; SOUVENIR-ZAFINDRAJONA, P., SILVA, H.D. Morfo-biometria no estudo comparativo de populações caprinas. **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.3 (supplement), p.363, 1998.

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 region (Europe and Africa). **Genetics and Molecular Biology**, v.23, n.1, p.121-125, 2000.

MACHADO, T.M.M.; MACHADO, M.M.M. The geographic localization of local goat populations. In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., Brasília, **Proceedings...** Brasília: EMBRAPA and RBI, 2000a. CD ROM.

MACHADO, T.M.M.; MACHADO, M.M.M. The geographic localization of Brazilian attempts to form synthetic goat breeds. In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., Brasília, **Proceedings...** Brasília: EMBRAPA and RBI, 2000b. CD ROM.

MACHADO, T.M.M. Raças raras de pequenos ruminantes. **Revista Ação Ambiental**, Viçosa, v.3., n.15., p.19-23, 2001.

MACHADO, T.M.M. Marcadores genéticos na conservação e no melhoramento de caprinos. In: CONGRESSO PERNAMBUCANO DE MEDICINA VETERINÁRIA, 5; SEMINÁRIO NORDESTINO DE CAPRINO-OVINOCULTURA, 6. Recife, 2003. **Anais...** Recife: SPEMVE, 2003. 417p. p.226-231.

MACHADO, T. M. M.; PIRES, L. C.; ARAÚJO, A.M. Conservação e melhoramento genético de caprinos com o auxílio de caracteres morfológicos e biométricos. In: Banco do Nordeste. (Org.). **Caprinos e Ovinos. Tecnologias para produção lucrativa no Nordeste**. Fortaleza: BNB, no prelo.

McMANAUS, C.; PAIVA, S.; MACEDO, F.; LOUVADINI, H. et al. **Caracterização genética e fenotípica de ovinos e suínos naturalizados da América do Sul**. Brasília: CNPq, 2007. 75p. [Relatório]

MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of Natural Institute of Sciences**, v.2, p.49-55, 1936.

MALAN, S.W. The improved Boer goat. **Small ruminant research**, v.36, n.2, p.165-170, 2000.

MARDIA, K.V., KENT, J.T., BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. 6. ed. London: Academic press, 1997, 518p.

MARIANTE, A.S.; EGITO, A.A.; ALBUQUERQUE, M.S.M. Situação atual da conservação de recursos genéticos animais no Brasil. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2. **Anais...** Brasília: SIRGEALC, 1999, CDROM.

MARIANTE, A.S.; CAVALCANTI, N. Animais do Descobrimento. Recursos genéticos animais. *In: Raças Domésticas da História do Brasil*. 1 ed. Brasília: Ministério da Agricultura e Abastecimento, 2000, p. 192-204.

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

MEFFE, G.K.; CARROL, C.R. **Principles of Conservation Biology**. 2. ed. Massachusetts: Sinauer Associates, INC, 1997. p.161-201.

MENEZES, M.P.C.; MARTINEZ, A.M.; RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C.; BERMEJO, J.V.D. Caracterização genética de raças caprinas nativas brasileiras utilizando-se 27 marcadores microssatélites. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 4, p. 1336-1341, 2006.

NEI, M. Genetic distance between populations. **The American Naturalist**, v.106, p.283-292, 1972.

NICHOLAS, F. W. **Introdução à genética veterinária**. Porto Alegre: ArtMed, 1999. 326p.

NOTTER, D.R. The U.S. National Sheep Improvement Program: Across-Flock Genetic Evaluations and New Trait Development. **Journal Animal Science**, v.76, p. 2324–2330, 1998.

OLDENBROEK, K. Introduction. *In: Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. 1 ed. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2007, p.13-28.

OLIVEIRA, J.D. **Relação genética entre diferentes raças de caprinos do nordeste do Brasil através de marcadores microssatélites**. Ribeirão Preto: Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, 2007. 166p. Tese (Doutorado em Genética)- Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, 2007.

OLIVEIRA, J.D. de; IGARASHI, M.L. S. de P.; MACHADO, T.M.M. et al. Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat (*Capra hircus*) breeds based in microsatellites. **Genetic and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.356-363, 2007.

PANT, K.P. Some aspects of goat production research in Northeast Brazil. *In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO ANIMAL*, 1., Ribeirão Preto, 1985. **Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, p.21-41.

PIASSI, M.A. **Avaliação do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais**.

Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994, 86p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 1994.

PIASSI, M.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. et al. Estudo da divergência genética entre oito grupos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.24, n.3. p.715-727, 1995.

PIRES, L.C.; MACHADO, T.M.M.; ARAÚJO, A.M. et al. Análise de componentes principais no estudo da diversidade genética de caprinos. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., São Carlos, 2008. **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008a. CD ROM

PIRES, L.C.; MACHADO, T.M.M.; ARAÚJO, A.M.; COSTA, M.S.; EUCLYDES, R.F. Caracterização biométrica de caprinos no estado do Piauí. In: SIMPÓS da UFV, 8., 2008, Viçosa. **Anais...** Viçosa: UFV, 2008b. p. 202-202.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.

REGAZZI, A.J. **Análise multivariada**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. (Notas de aula - EST 746).

RICORDEAU, G. **Amélioration génétique de l'espèce caprine**. In: COURS APPROFONDI D'AMÉLIORATION GÉNÉTIQUE DES ANIMAUX DOMESTIQUE, CYCLE 1970-1971. Toulouse: INRA, 1970. 57p.

RODERO, E.; HERRERA, M.; GUTIÉRREZ, M.J. Morphostructural evolution of the Blanca Serrana caprine breed based of their crossing for milking aptitude. **Archivos de Zootecnia**, v.41 (extra), p.519-530, 1992.

RODERO, E.; HERRERA, M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. **Archivos de Zootecnia**, v.49, p.5-16, 2000.

ROCHA, L.L. da; BENÍCIO, R.C.; OLIVEIRA, J.C.V. et al. Avaliação morfoestrutural de caprinos da raça Moxotó. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.483-488, 2007.

ROHLF, F.J. Adaptative hierarquical clustering schemes. **Systematic Zoology**, v.19, n.1, p.58-82, 1970.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. et al. Análise de divergência genética entre nove grupos genéticos de coelhos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**. v.25, n.3, p.647-660, 1996.

SAITBEKOVA, N.; GAILLARD, C.; OBEXER-RUFF, G.; DOLF, G. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. **Animal Genetics**, v. 30, p.36-41, 1999.

SANTOS, R. **O Berro**. Uberaba: Agropecuária Tropical, v.2, n.11, p.1-90, 1987.
SANTOS, R. **A cabra e a ovelha no Brasil**. Uberaba: Agropecuária Tropical. 2003. 479p.

SERENO, J.R.B.; SERENO, F.T.P.S. Recursos genéticos animales brasileños y sus sistemas tradicionales de explotación. **Archivos de Zootecnia**, v.49, n.187, p.405-414, 2000.

SILVA NETO, J.M.R. e. **Em torno da origem do caprino nacional Moxotó**. Recife: Associação dos Engenheiros Agrônomos do Nordeste, 1950. 43p.

SNEATH, P.H.A; SOKAL, R.R. **Numerical Taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973. 573p.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics**, v.41, n.2, p. 237-245, 1981.

SOKAL, R.A.; ROHLF, F.J. The comparison of dendograms by objective methods. **Taxonomy**, v.11, p. 33-40, 1962.

VANZOLINI, P. E. **Métodos estatísticos elementares em sistemática zoológica**. São Paulo: Hucitec, 1993. 130p.

VERRIER, E. et al. Perspectives d'évolution de la variabilité génétique et possibilités de progrès à long terme dans les populations animales sélectionnées. In: MOLENAT, M.; VERRIER, E. **La gestion des ressources génétiques des espèces animales domestiquées**. Paris: BRG/LAVOISIER, 1989. 244p. p.62-70. (Colloque).

YANG, L., ZHAO, S.H., LI, K. et al. Determination of genetic relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. **Animal Genetics**, v. 30, p.452-455, 1999.

WEIR, G.S. **Genetic Data Analysis II**. 2. ed. Sinauer Associates Inc., Sunderland, 1996. 445p.

ZEUH, V.; LAUVERGNE, J.J.; BOURZAT, D.; MINVIELLE, F. Cartographie des ressources génétiques caprines du Tchad du Sud-Ouest. I. Hauteur au garrot (HT), profondeur du thorax (PT) et indice de gracilité sous-sternale (IGs). **Revue Élev. Méd. Vét. Pays Trop.**, v.50, n.3, p.250-260, 1997.

CAPÍTULO 1

Avaliação biométrica de populações caprinas por meio de componentes principais

Resumo: Objetivou-se analisar a identidade de 12 populações caprinas (n=796), eliminar as informações redundantes e reduzir a dimensionalidade dos dados, usando como material medidas biométricas e como metodologia a análise de componentes principais (ACP). Mensurou-se altura de cernelha (AC), altura da maçã do peito ao chão (AP) e comprimento de orelha (CO). A profundidade torácica foi calculada (AC-AP) e foram estabelecidos índices entre duas medidas corporais. As variáveis foram submetidas à ACP através do programa SAS v. 8.0 e GENES v. 6.0. Do total de sete componentes, os três primeiros foram suficientes para acumular 99,5% da variância total dos dados. Recomenda-se que as variáveis AC, AP e CO sejam mantidas em estudos futuros. Na representação gráfica da distribuição dos indivíduos, observou-se que as raças européias leiteiras ocuparam predominantemente o quadrante superior esquerdo. As cabras marroquinas se separaram em dois grupos com Drâa nos quadrantes superiores, principalmente direito; e Zagora e Rhâali no centro de ambos os quadrantes inferiores. A raça Anglo-nubiana e a cabra SRD estão mais próximas entre si. O tipo Marota e Azul se colocaram em posição intermediária entre Nambi e as marroquinas. A cabra Azul, entretanto, apresentou menor padronização. Na distribuição das populações, observa-se que as raças européias leiteiras agruparam com a cabra Drâa. As raças Anglo-Nubiana e Boer ficaram próximas entre si. O ecótipo Nambi ficou afastado de todos os grupos por apresentar características biométricas particulares. Os resultados da ACP foram consistentes, permitindo preconizá-la como uma técnica auxiliar em estudos futuros.

Palavras-chave: análise multivariada, biometria, discernimento, morfometria, raça, recursos genéticos

Introdução

O isolamento geográfico ao longo do tempo, associado aos efetivos populacionais pouco numerosos e as seleções natural e artificial, contribuiu para que formasse uma grande variedade de tipos genéticos dentro de uma espécie e até mesmo dentro de uma raça de animal doméstico. Esse padrão é ainda mais complexo quando vários eventos de cruzamentos interespecíficos ou inter-raciais ocorreram ao longo do tempo evolutivo de um determinado grupo (Hall & Bradley, 1995; Bruford *et al.*, 2003).

A raça é uma unidade fundamental dos recursos genéticos de animais domésticos (Domingues, 1941; Hall & Bradley, 1995), seja para conservação, produção ou melhoramento. Em razão disto, nos últimos 20 anos, houve uma conscientização mundial da importância da biodiversidade das raças domésticas para a pecuária do futuro, onde novos obstáculos ditados pelo mercado e/ou pelas mudanças climáticas podem ser superados com o auxílio de genes ou combinações gênicas presentes em raças ou tipos autóctones. Dentro deste ponto de vista, é desejável manter o máximo de diversidade genética dentro de cada espécie (Eding & Laval, 1999).

No Velho Mundo, as variações fenotípicas de grandes grupos geográficos e que constituem populações autóctones sem grande mestiçagem, são atribuídas à origem de seu povoamento (Epstein, 1971). Os caprinos podem ser classificados quanto ao tipo, aptidão e distribuição geográfica.

Estudos utilizando caracteres morfológicos podem gerar informações muito úteis na determinação das relações genéticas entre raças ou populações em geral, permitindo agrupar os animais de uma mesma espécie em raças ou tipos distintos (Dossa *et al.*, 2007; Rocha *et al.*, 2007; Bendotti *et al.*, 2004; Jordana & Parés, 1999; Machado *et al.*, 1998; Herrera *et al.*, 1996; Jordana *et al.*, 1993; Rodero *et al.*, 1992; Lauvergne, 1988).

Na prática, não há limite para o número de características que podem ser avaliadas na coleta de dados nos animais, mas é importante examinar se algumas

destas características poderiam ser desconsideradas na coleta de observações ou nas análises estatísticas. Ao se avaliar um número elevado de características, é possível que muitas contribuam de forma limitada para a discriminação dos indivíduos avaliados, por serem invariantes entre estes indivíduos, por serem redundantes em virtude de correlações, ou ainda, pelo fato de uma característica ser combinação linear de outras. Essa situação apresenta, como consequência, aumento no trabalho de caracterização, sem melhoria na precisão, além de tornar mais complexa a análise e interpretação dos dados. Assim, pode-se fazer uso da técnica de componentes principais, que tem como objetivos reduzir a informação contida no complexo de variáveis originais, eliminando as informações redundantes (Khattree & Naik, 2000), reduzir a dimensionalidade espacial dos dados e demonstrar a formação de grupos pelos indivíduos.

A análise dos componentes principais pode revelar relações não identificadas previamente, contribuindo para melhor interpretação dos dados (Baker *et al.*, 1988).

Dessa forma, objetivou-se analisar a identidade de populações caprinas, eliminar as informações redundantes e reduzir a dimensionalidade dos dados, usando como material os dados biométricos e como metodologia a análise de componentes principais.

Material e Métodos

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes de 796 fêmeas caprinas, acima de dois anos de idade de diferentes rebanhos do Brasil e Marrocos. As coletas foram realizadas entre 1995 e 2008. Em cada rebanho se preencheu um formulário que reuniu informações do fenótipo de cada animal amostrado, da propriedade e proprietário.

No Brasil, em Minas Gerais e no Distrito Federal, amostrou-se cabras de raças exóticas, sendo 34 Toggenbourg, 86 Saanen, 28 Anglo-nubiana, 78 Alpina e 26 Boer. No Estado do Piauí, amostrou-se 29 cabeças do tipo Azul, 32 Marota, 35 Nambi e 123 Sem Raça Definida ou SRD PI.

No Marrocos foram amostradas 102 cabras locais do tipo Drâa no Centro de Pesquisas Caprinas e no vilarejo de Sidi Flah, em Skoura; 34 cabras designadas por Zagora e localmente consideradas mestiças de Drâa, em Demnate, Ouarzazate, no Centro de Pesquisas Caprinas de Tahnaout e na região de Marrakech; e 189 cabras Rhâali, em Zagora.

As características avaliadas foram alturas de cernelha e das patas (cm), profundidade torácica (cm) e comprimento de orelhas (cm). A mensuração das medidas morfométricas corporais foram realizadas com o auxílio de uma fita métrica, com o animal mantido em posição correta de aprumos. A altura de cernelha (AC) é a distância entre o ponto mais alto da cernelha até a extremidade distal do membro anterior; a altura das patas ou maçã do peito ao chão (AP) é a distância da maçã do peito ao solo; e o comprimento de orelha (CO) é a distância da base orelha até a sua extremidade. A profundidade torácica (PT) foi calculada pela diferença entre duas medidas (AC-AP). Foram estabelecidos índices entre duas medidas, como PT/AC , CO/PT e CO/AC , para cada indivíduo.

A ausência de escrituração zootécnica na maioria das propriedades pesquisadas implicou na necessidade de avaliação da cronologia dentária, conforme a metodologia descrita por Quittet (1978), para estimar idade.

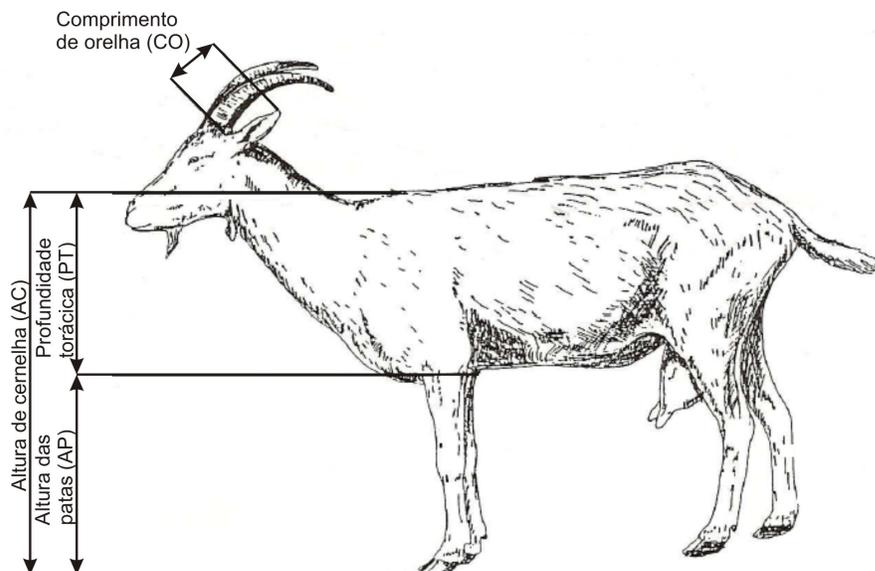


Figura 1. Medidas biométricas coletadas nas cabras em estudo.

Fonte: Traduzido de Lauvergne *et al.* (2000).

As medidas morfométricas coletadas, antes da aplicação de algum método multivariado, foram submetidas a análises exploratórias para investigar a existência de valores discrepantes, se descartar de informações incompatíveis com a idade, e eliminar animais com informações perdidas.

As variáveis foram submetidas à análise de componentes principais (ACP), com a finalidade de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes e de demonstrar a formação de grupos pelos indivíduos.

Em razão da existência de variáveis com medidas em unidades diferentes, foi necessária a padronização dessas variáveis X_j ($j = 1, 2, \dots, p$); nesse caso, a estrutura de dependência de X_j foi dada pela matriz de correlação R .

O critério para descarte de variáveis foi conforme recomendações de Jolliffe (1973), baseado em dados simulados e reais, com a análise de componentes principais a partir da matriz de correlação. Estabeleceu-se que o número de variáveis descartadas deve ser igual ao de componentes cuja variância (autovalor) é inferior a 0,7.

As análises multivariadas foram feitas usando o programa SAS, versão 8.0, licenciado pela Universidade Federal de Viçosa (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, 1999) e o programa GENES-versão 6.0 (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

O coeficiente de variação das características e índices mostrou precisão das estimativas. As medidas morfométricas simples (AC, AP, CO e PT) apresentaram valores de coeficiente de variação inferiores a 13% (Tabela 1). A maior variabilidade de CO ocorreu porque na amostra há um grupo caprino que apresenta orelhas reduzidas, o tipo Nambi, e grupos que apresentam orelhas de medianas a longas. Os valores dos coeficientes de variação de AC, CO e PT foram similares aos encontrados por Dossa *et al.* (2007).

Tabela 1. Médias e desvios padrão de medidas e índices corporais de caprinos no Brasil e no Marrocos

Caracteres	Média (cm)	Desvio-padrão (cm)	Coefficiente de Variação (%)
AC	68,001	7,504	6,515
AP	36,615	4,758	9,119
CO	16,294	3,928	12,769
PT	31,387	5,270	10,255
PT/AC	0,461	0,052	8,152
CO/PT	0,538	0,180	18,159
CO/AC	0,242	0,064	12,976

AC - altura de cernelha, AP - altura das patas, CO - comprimento de orelhas, PT - profundidade torácica

De acordo com os resultados obtidos para os componentes principais, seus respectivos autovalores e porcentagens da variância explicada (Tabela 2) dos sete componentes principais, quatro (57,14%) apresentaram variância inferior a 0,7 (autovalor inferior a 0,7). Os três primeiros componentes principais foram selecionados, explicando 99,5% da variação total.

Tabela 2. Componentes Principais (CP), autovalores (λ_i) e porcentagem da variância explicada pelos componentes (%VCP) das características mensuradas em caprinos no Brasil e Marrocos

Número	λ_i	Varição simples (%)	Varição acumulada (%)
CP ₁	3,479	49,69	49,69
CP ₂	1,971	28,15	77,84
CP ₃	1,517	21,67	99,51
CP ₄	0,025	0,36	99,87
CP ₅	0,005	0,07	99,94
CP ₆	0,003	0,05	99,99
CP ₇	0,001	0,01	100,00

As quatro variáveis que apresentarem maiores coeficientes, em valor absoluto, a partir do último componente principal, são passíveis de descarte,

conforme apresentado na Tabela 3. Assim, as características sugeridas para descarte, em ordem de menor importância para explicar a variação total, foram: PT, CO/AC, PT/AC e CO/PT. Considerando os resultados, recomenda-se que as seguintes variáveis sejam mantidas em estudos futuros: altura de cernelha, altura das patas e comprimento de orelha. Para outro conjunto de populações, além desta amostragem, os resultados das características que devem ser mantidas ou descartadas para o estudo da divergência entre elas podem, contudo, diferir deste resultado, precisando investigar cada situação.

Barbosa *et al.* (2006) avaliando dez características de qualidade de carne de suínos, concluíram que quatro variáveis (40% das características avaliadas) foram redundantes, podendo ser descartadas em experimentos futuros. Abreu *et al.* (1999), trabalhando com produção de ovos de matrizes de frango de corte, utilizando componentes principais, observaram que os dois primeiros componentes principais explicaram mais de 98% da variação total disponível entre as médias de cruzamentos disponíveis.

Tabela 3. Coeficientes de ponderação das variáveis com os quatro componentes principais menos importantes para explicar a variação total

Variável	Coeficientes			
	CP ₄	CP ₅	CP ₆	CP ₇
AC	0,1410	0,0299	-0,0929	-0,6264
AP	-0,1504	0,4627	0,1377	0,4606
CO	-0,5216	-0,3762	0,3704	0,0012
PT	0,3366	-0,3752	-0,2566	0,7101
PT/AC	-0,0159	0,5930	0,3966	-0,0010
CO/PT	0,7538	0,0371	0,3693	0,0018
CO/AC	-0,0598	0,3868	-0,6897	-0,0017

AC - altura de cernelha, AP - altura das patas, CO - comprimento de orelhas, PT - profundidade torácica

Observa-se que as características sugeridas para descarte apresentaram correlações lineares simples e significativas com as demais, ou seja, são redundantes (Tabela 4).

Tabela 4. Coeficientes de correlação simples entre as medidas e índices corporais de caprinos no Brasil e no Marrocos

	AC	AP	CO	PT	PT/AC	CO/PT	CO/AC
AC	1,0000	0,7167	0,0507	0,7769	0,1703	-0,3760	-0,3563
AP		1,0000	0,1546	0,1177	-0,5606	0,0927	-0,1309
CO			1,0000	-0,0673	-0,1767	0,7947	0,9084
PT				1,0000	0,7486	-0,619	-0,3892
PT/AC					1,0000	-0,6002	-0,2564
CO/PT						1,0000	0,9150
CO/AC							1,0000

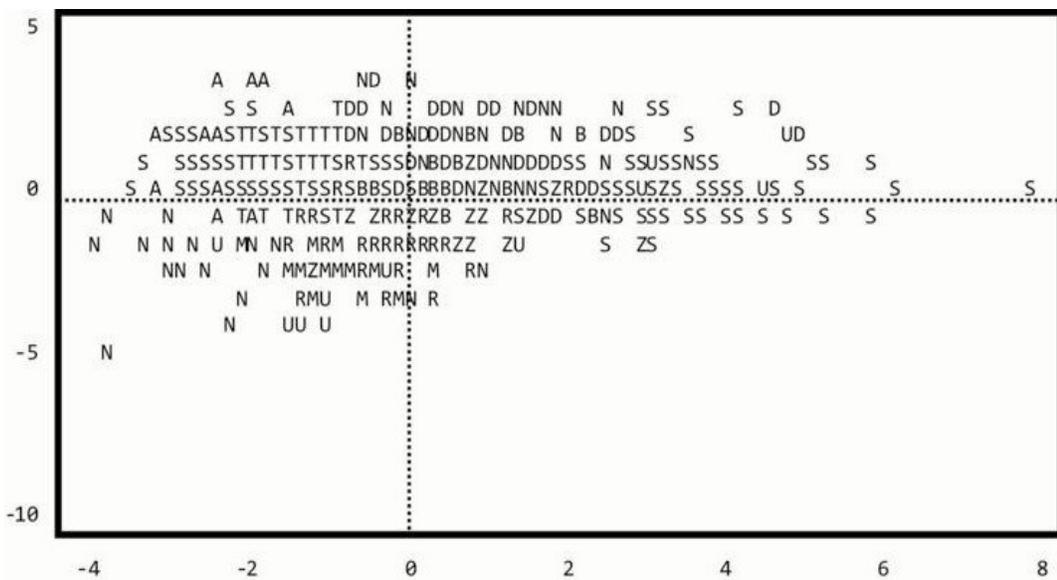


Figura 2. Dispersão gráfica dos escores de 12 grupos genéticos caprinos no Brasil e no Marrocos, em relação aos componentes principais (CP) 1 (abscissa) e 2 (coordenada).

Grupos genéticos: T=Toggenbourg, S=Saanen, N=Anglo-nubiana, A=Alpina, B=Boer, D=Drâa, Z=Zagora, R=Rhâali, U=Azul, M=Marota, N=Nambi, S=SRD PI

Na representação gráfica da distribuição dos indivíduos segundo os componentes principais 1 e 2 (Figura 2), observa-se que os indivíduos das raças europeias leiteiras Alpina, Saanen e Toggenbourg ocuparam predominantemente o quadrante superior esquerdo. Este resultado corrobora as relações entre raças caprinas leiteiras de origem europeia no agrupamento entre Saanen e Alpina e do conjunto destas com Toggenbourg, observadas tanto por eletroforese de proteínas

séricas e eritrocitárias quanto por marcadores microssatélites por Igarashi *et al.* (2000) e por Oliveira *et al.* (2007).

As cabras marroquinas se separaram em dois grupos (Figura 2). Drâa nos quadrantes superiores, principalmente o direito. Zagora e Rhâali no centro de ambos os quadrantes inferiores. Alguns indivíduos Drâa estão entre as européias leiteiras. Estes resultados estão de acordo com Machado *et al.* (2000), que utilizaram frequências alélicas de caracteres morfológicos, em que Zagora e Rhâali foram as mais próximas entre si dentre as marroquinas, enquanto a cabra do Drâa agrupou-se com cabras européias mediterrâneas. Estes resultados estão parcialmente de acordo com os de Ouafi *et al.* (2002) que compararam cabras marroquinas e francesas através de marcadores microssatélites INRA e polimorfismo da α -caseína. Estes autores observaram que a amostra composta Drâa-Zagora agrupou-se com Rhâali separadamente das cabras francesas; dentre estas, a cabra dos Pirineus constituiu ramo a parte de Saanen, Alpina e Poitevine. Considerando os dados deste experimento e os de Machado *et al.* (2000), o pré-agrupamento arbitrário das amostras de Drâa e Zagora seria desaconselhável.

A Boer ocupou a área central dos quadrantes superiores, especialmente o direito com Zagora, Drâa e Anglo-nubiana. A raça Boer foi formada na África do Sul a partir de cruzamento de caprinos locais e caprinos oriundos de países orientais (Erasmus, 2000; Malan, 2000), enquanto a Anglo-nubiana foi formada na Inglaterra, a partir de cabras orientais de orelhas pendentes e cabras inglesas comuns (Mason, 1988). Esta distribuição na ACP remete, portanto, aos históricos e às origens destas populações.

A raça Anglo-nubiana e a cabra SRD PI estão predominantemente no quadrante superior direito. Alguns indivíduos Anglo-nubianos estão entre as raças européias leiteiras, enquanto alguns SRD PI dividem o quadrante inferior direito com Zagora e Rhâali. A SRD PI ocupou, contudo, os quadrantes à direita em posição mais extrema que as demais populações. Em oposição à SRD PI, a Nambi ocupou o extremo esquerdo do quadrante inferior esquerdo.

Os tipos Marota e Azul se colocaram, também, no quadrante inferior esquerdo, em posição intermediária entre Nambi e as marroquinas. A cabra Azul,

entretanto, teve alguns indivíduos espalhados pelos quadrantes à direita, denotando menor padronização que as demais. Nisto, a ACP por dispersão dos indivíduos se prestou à visualizar a variabilidade intra-população, além da variabilidade entre populações.

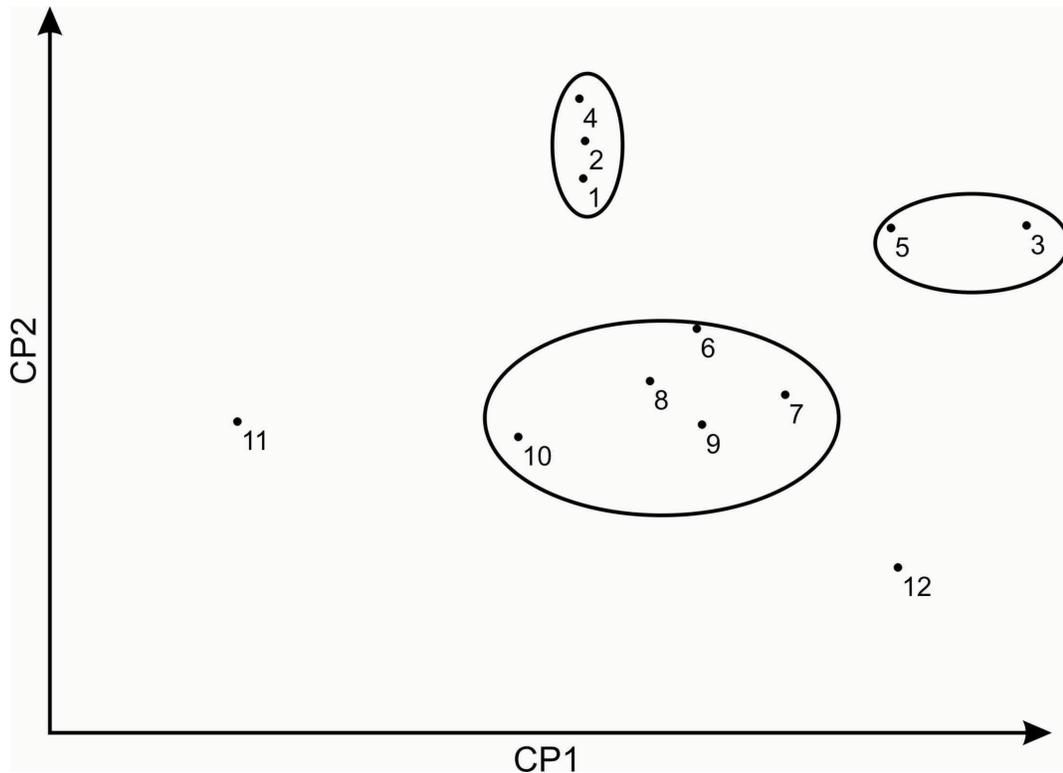


Figura 3a. Distribuição dos 12 grupos genéticos caprinos no Brasil e no Marrocos, em relação aos componentes principais 1 e 2.

Grupos genéticos: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD PI

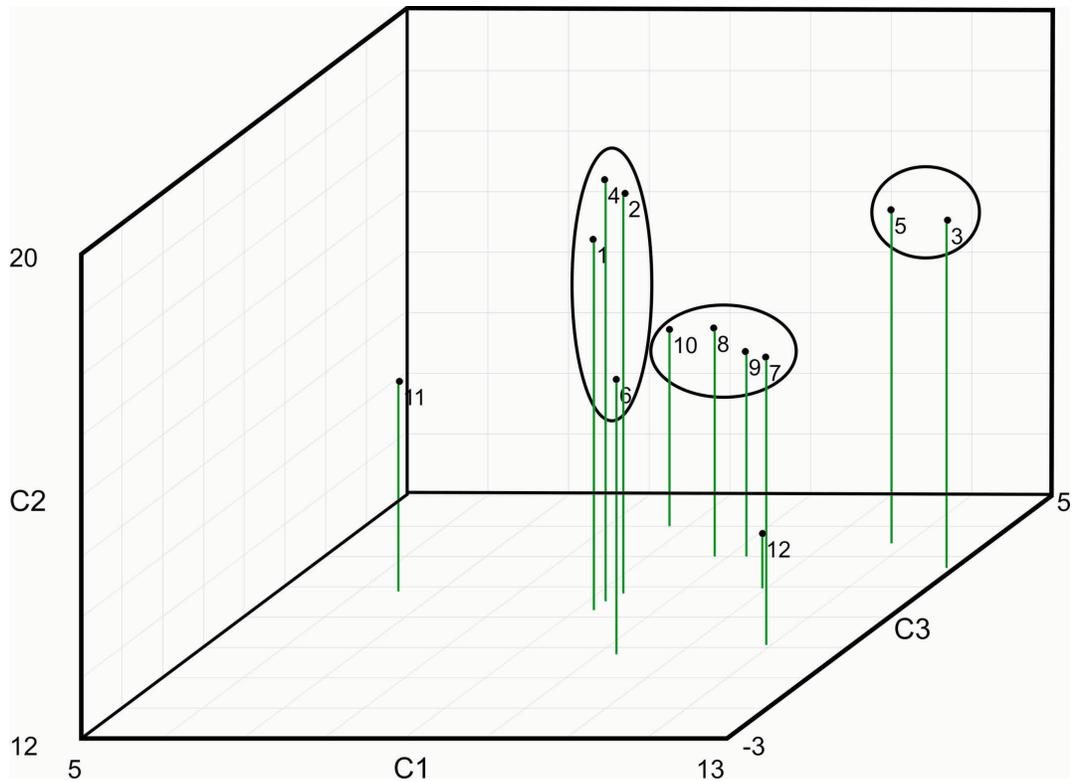


Figura 3b. Distribuição dos 12 grupos genéticos caprinos no Brasil e no Marrocos, em relação aos componentes principais 1, 2 e 3.

Grupos genéticos: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD PI

Na distribuição das populações em função dos componentes (Figura 3a e 3b), observa-se que as raças europeias leiteiras (Alpina, Saanen e Toggenbourg) agruparam com a população marroquina Drâa, de acordo com a literatura já mencionada. As raças Anglo-Nubiana e Boer ficaram próximas entre si. O ecótipo Nambi ficou afastado de todos os grupos por apresentar características biométricas particulares em relação aos demais tipos considerados. A SRD PI também ficou afastada dos outros grupos, porém em maior proximidade ao grupo formado pelas marroquinas Rhâali e Zagora, e os tipos Azul e Marota.

Conclusão

A distribuição espacial dos indivíduos, pelos componentes principais, permitiu identificar os grupos genéticos entre os mais similares/dissimilares.

Permitiu, ainda, uma primeira visualização do grau de uniformidade/desuniformidade entre indivíduos dentro de cada população.

É através da altura de patas (AP) que se calcula a profundidade torácica (PT), uma vez que PT é menos prática de ser mensurada a campo. Todas as medidas tomadas a campo se mostraram, portanto, úteis. Com base neste conjunto de dados, preconiza-se, nas análises multivariadas, abandonar PT em função de AP e não trabalhar com os mencionados índices entre duas medidas corporais.

Referências Bibliográficas

ABREU, N.M.V.; SILVA, M.A.; CRUZ, C.D. et al. Capacidade de combinação de características de produção de ovos de linhagens de matrizes de corte usando componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.955-959, 1999.

BAKER, J.F.; STEWART, T.S.; LONG, C.R. et al. Multiple regression and principal components analysis of puberty and growth in cattle. **Journal of Animal Science**, v.66, n.9, p.2147-2158, 1988.

BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZI, A.J. et al. Avaliação de características de qualidade da carne de suínos por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 1639-1645, 2006.

BEDOTTI, D.; GÓMEZ CASTRO, A.G.; SÁNCHEZ RODRIGUEZ, M. et al. Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra colorada pampeana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.261-271, 2004.

BRUFORD, M.W.; BRADELEY, D.G.; LUIKART, G. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. **Nature Reviews Genetics**, v.4, p.900-910, 2003.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética**. Viçosa: UFV, versão 6.0, 2008.

DOMINGUES, O. **Introdução à Zootecnia**. Rio de Janeiro: SIAMA, 1941. (Série Didática,5).

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v.73, p.150-159, 2007.

EDING, J. H.; LAVAL, G. Measuring genetic uniqueness in livestock. **In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources.** Lelystad: J.K. Oldenbroek. ID.DLO, 1999. p.33-58.

EPSTEIN, H. **The origin of the domestic animals in Africa.** v.2. New York/ London/ Munich: Africana Publishing Corporation, 1971. 719p.

ERASMUS, J.A. Adaptation to various environments and resistance to disease of the improved Boer goat. **Small Ruminant Research**, v.36, n.2, p.179-187, 2000.

HALL, S.J.G.; BRADLEY, D.G. Conserving livestock breed diversity. **Trends Ecol. Evol**, v.10, p.267-270, 1995.

HERRERA, M.; RODERO, E.; GUTIERREZ, M.J.; et al. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. **Small Ruminant Research**, v.22, p.39-47, 1996.

IGARASHI, M.L.S.P.; MACHADO, T.M.M.; FERRO, J.A.; et al. Structure and genetic relationship among naturalized and imported goat breeds. **Biochemical Genetics**, v.38, n.11/12, p. 353-365, 2000.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Applied Statistics**, v.22, p. 21-31, 1973.

JORDANA, J.; RIBO, O.; PELEGRIN, M. Analysis of genetic relationships from morphological characters in Spanish goat breeds. **Small Ruminant Research**, v.12, p.301-314, 1993.

JORDANA, J.; PARÉS, P.M. Relaciones genéticas entre razas ibéricas de caballos utilizando caracteres morfológicos (protótipos raciales). **Agri**, v.26, p.75-94, 1999.

KHATTREE, R.; NAIK, D.N. **Multivariate data reduction and discrimination with SAS software.** Cary: SAS Institute Inc., 2000. 574p.

LAUVERGNE, J.J. **Populations traditionnelles et premières races standardisées d'Ovicaprinæ dans le Bassin Méditerranéen.** Paris: INRA, 1988. 298p. (Colloques de l'INRA, 47).

LAUVERGNE, J.J; BOURZAT, D.; MINVILLE, F. **Using morphobiometric indices to map goat resources in África.** In: RM BLECH, KC MacDONALD (eds), 2000: The Origins and Development of African Livestock: archaeology, genetics, linguistics and ethnography. London , New York: UCL Press, p. 290-301.

MACHADO, T.M.M.; LAUVERGNE, J.J.; CHAKIR, M. et al. Morfo-biometria no estudo comparativo de populações caprinas. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.21, n.3. (supplement), p.363, 1998. (Comunicação no CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 44.).

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 region (Europe and Africa). **Genetics and Molecular Biology**, v.23, n.1, p.121-125, 2000.

MALAN, S.W. The improved Boer goat. **Small Ruminant Research**, v.36, n.3, p.165-170, 2000

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

OLIVEIRA, J.D. de; IGARASHI, M.L.S. de P.; MACHADO, T.M.M.; et al. Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat (*Capra hircus*) breeds based in microsatellites. **Genetic and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.356-363, 2007.

OUAFI, A.T.; BABILLIOT, J.M. ; LEROUX, C.; et al. Genetic diversity of the two main Moroccan goat breeds: phylogenetic relationships with four breeds reared in France. **Small Ruminant Research**, v.45, n.3, p.225-233, 2002.

QUITTET, E. 1978. **La cabra. Guia practica para el ganadero**. 1.ed. Madrid: Mundi-Prensa, 1978. 321p.

ROCHA, L.L. da; BENÍCIO, R.C.; OLIVEIRA, J.C.V. et al. Avaliação morfoestrutural de caprinos da raça Moxotó. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.483-488, 2007.

RODERO, E.; HERRERA, M.; GUTIÉRREZ. Morphostructural evolution of the Blanca Serrana caprine breed based of their crossing for milking aptitude. **Archivos de Zootecnia**, v.41 (extra), p. 519-530, 1992.

SAS/STAT. **User's guide**. Versão 8.0. Cary: SAS Institut Inc., 1999.

CAPÍTULO 2

Análise de agrupamento na divergência genética entre populações caprinas no Brasil e no Marrocos por meio de dados biométricos

Resumo: O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes técnicas multivariadas no estudo da diversidade genética de 12 populações caprinas (n=796) mediante caracteres biométricos. Mensurou-se altura de cernelha, altura da maçã do peito ao chão e comprimento de orelha (CO). A distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a distância euclidiana média padronizada (D) foram adotadas e agrupadas pelos métodos hierárquicos do vizinho mais próximo e das médias aritméticas não ponderadas (UPGMA) e do método de otimização de Tocher. O agrupamento das populações foi alterado em função dos diferentes métodos usados. Entre os métodos hierárquicos, o UPGMA apresentou melhor ajuste (CCC=0,82) utilizando a D. O método de Tocher possibilitou a formação de quatro diferentes grupos segundo o uso de D^2 ou D. Com base em D^2 , promoveria maior heterose os cruzamentos entre os grupos II (Anglo-nubiana e Boer) e IV (Nambi), seguido do cruzamento entre III (Sem Raça Definida) e IV (Nambi). Com base em D, promoveria maior heterose o cruzamento entre III (Marota e Nambi) e IV (Anglo-nubiana), seguido do cruzamento entre II (européias leiteiras e Drâa) e III (Marota e Nambi). A medida CO apresentou maior contribuição relativa para a divergência (61,9%), o que fez indicar o cruzamento da cabra de orelhas compridas (Anglo-nubiana) com a cabra de orelhas reduzidas (Nambi) tanto por D^2 como por D. Apesar de discordantes na formação de grupos, os métodos hierárquicos e o de Tocher contribuíram para a interpretação da divergência de grupos genéticos. Sugere-se a inclusão de outros grupos genéticos para análise comparativa, o uso de maior número de caracteres e de indivíduos visando maior acurácia no estudo da diversidade genética.

Palavras-chave: análise de agrupamento, biometria, cabras, discernimento genético, medidas corporais, recursos genéticos

Introdução

Os caprinos podem ser classificados quanto ao tipo, aptidão e distribuição geográfica. Dentre as raças européias leiteiras destacam-se a Saanen, Alpina e Toggenbourg. A Saanen é uma raça suíça de pelagem branca (Mason, 1988). A Alpina, ou cabra dos Alpes, tem pelagem vermelha com patas e chanfro riscados de negro, existindo uma variedade com manchas brancas. A Toggenbourg é uma raça suíça marrom ou cinza com listras claras no chanfro e nas patas (Mason, 1988). A Anglo-nubiana, considerada de dupla aptidão, foi formada na Inglaterra, a partir de cabras orientais de orelhas pendentes e cabras inglesas comuns (Mason, 1988). A Boer é uma raça de corte formada na África do Sul, com pelagem corporal branca e cabeça, orelhas e pescoço vermelhos (Almeida & Schwalbach, 2000; Casey & Van Niekerk, 1988) e com chanfro riscado de branco.

No Marrocos, cabras de pelagem heterogêneas, chamadas Drâa, são criadas principalmente ao longo de 200 km entre Ouarzate e Zagora, no vale do Drâa, mas são também encontradas fora deste vale em Tazarine, Skoura e Foum-Zguid. Caprinos de pelagem preta são chamados Rhâali. Para alguns, Rhâali seria a cabra do Atlas e discute-se sua relação com a raça Mambrina (Hossaini-Hilari & Mouslish, 2002).

Os caprinos do Nordeste do Brasil são, na maioria, constituídos de animais Sem Padrão Racial Definido (SRD) que não possuem padrão pelagem ou conformação, e inclui a população caprina tradicional oriunda de cruzamentos desordenados (mestiçada). Dentre alguns tipos caprinos também encontrados na região Nordeste destacam-se Marota, Azul e Nambi. A cabra Marota é um ecótipo de pelagem branca, particularmente do Estado da Bahia, descrita desde a década de 1940 (Freitas, 1941; Santiago, 1944). O ecótipo Azul designa caprinos de pelagem ruão sobre um padrão pigmentar eumelânico, que a torna acinzentada ou 'azulada' (Machado, 1995). O registro de Azul na literatura aparece no final dos anos 1980, para a região Nordeste (Santos, 1987; Barros, 1987). A

característica da cabra chamada ‘Nambi’, no Brasil, é ter orelhas de tamanho reduzido (Santos, 1987; Barros, 1987).

As medidas biométricas são tomadas com base no conhecimento de que há grupos genéticos caprinos peraltas e anões, assim como caprinos de orelhas longas e caídas e outros de orelhas eretas e curtas. Poder-se-ia trabalhar ainda com convexidade/concavidade do chanfro, que varia entre grupos genéticos e também se presta à identificação racial (Epstein, 1953; Mason, 1988). Estas medidas prestaram à classificação de caprinos desde a segunda metade do século passado. Esta metodologia foi aprimorada com a mensuração simultânea de várias características e no estabelecimento de índices entre duas medidas corporais (Bourzat et al., 1993; Bouchel, 1995; Bouchel et al., 1997).

Quanto ao comprimento de orelhas, por exemplo, a raça LaMancha têm dois padrões aceitos pela American Dairy Goat Association, um com o máximo de 2,5cm e outro com no máximo 5,1cm (ADGA, s.d.). As orelhas reduzidas têm comprimento de 6,4 cm nas cabras da Provence e 6,7 cm naquelas de Haute-Roya, França (Audiot, 1985; Martrès & Benadjaoud, 1986) e 7,2cm nas cabras da Espanha (Paredes, 1952). As orelhas dos caprinos brasileiros Moxotó e Canindé medem, respectivamente, 12 e 13cm (Machado, 1995). As raças Jamnapari e Bhuj (ou Kutchi) na Índia apresentam, respectivamente, 26,8 e 22,0cm de comprimento de orelhas (Acharya, 1982).

Os métodos estatísticos apropriados para estudos em que muitas variáveis são consideradas simultaneamente são as técnicas de análise multivariada (James & McCulloch, 1990; Franci *et al.*, 2001). Para muitos tipos de dados biológicos, há correlação entre as variáveis e informações providas por análises univariadas podem ser incompletas em se tratando de um conjunto de variáveis (Viana *et al.*, 2000; Ferreira *et al.*, 2003).

Os pesquisadores normalmente tendem a avaliar maior número de características, gerando acréscimo considerável de trabalho e a possibilidade que muitas variáveis contribuam pouco para a discriminação dos indivíduos avaliados, representando, conseqüentemente, aumento no trabalho de

caracterização, sem melhoria na precisão, e tornando mais complexa a análise e interpretação dos dados (Liberato *et al.*, 1999).

Para melhor aproveitar as vantagens fornecidas pela heterose, a identificação de genótipos divergentes vem sendo satisfatoriamente explorada por técnicas de análise multivariada como, por exemplo, análise de agrupamento. Este modelo tem por finalidade reunir, por algum critério de classificação, os indivíduos em vários grupos, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos. Alternativamente, as técnicas de análise de agrupamento têm por objetivo, ainda, dividir um grupo original de observações em vários grupos, segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade. Este processo envolve, basicamente, duas etapas, a primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre as populações e a segunda, com a adoção de técnica de agrupamento para formação dos grupos (Cruz & Carneiro, 2006).

A segunda fase do processo consiste na escolha de um método de agrupamento. Dentre os métodos, os mais utilizados; em estudos de divergência genética; são os hierárquicos e os de otimização, sendo o método de otimização, apresentado por Tocher, mais usado nesses estudos (Piassi, 1994).

Grupos genéticos os mais dissimilares são usados, por exemplo, na formação de gado dito ‘composto’, onde os cruzamentos são programados para se manter a heterose ou diversidade gênica. Em populações de pequeno tamanho efetivo, geralmente endogâmicas, pode-se aconselhar os acasalamentos para promover a heterose. Evidencia-se, assim, como o estudo da diversidade entre populações e intra-população pode ser útil tanto no melhoramento genético quanto na conservação, guiando políticas públicas e a iniciativa privada (Machado *et al.*, 2009).

Objetivou-se neste trabalho testar algumas metodologias de discernimento entre e intrapopulações caprinas por meio de dados biométricos com vistas a identificação das mais dissimilares.

Material e Métodos

Material

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes 796 fêmeas caprinas, acima de dois anos de idade de diferentes rebanhos no Brasil e no Marrocos. As coletas foram realizadas entre 1995 a 2008. Em cada rebanho se preencheu um formulário de pesquisa que reúne informações do fenótipo de cada animal amostrado, da propriedade e proprietário.

No Brasil, amostrou-se cabras de raças exóticas, sendo 34 Toggenbourg, 86 Saanen, 28 Anglo-nubiana, 78 Alpina e 26 Boer, em rebanhos de Minas Gerais e do Distrito Federal. Em Minas Gerais, incluiu-se os municípios de Belo Horizonte, Carandaí, Coronel Pacheco, Rio Pomba, Muriaé e Contagem. No Estado do Piauí, amostrou-se 29 cabeças do tipo Azul, 32 Marota, 35 Nambi e 123 Sem Raça Definida ou SRD.

No Marrocos, foram amostradas por Mohamed Chakir 102 cabras locais do tipo Drâa no Centro de Pesquisas Caprinas e no vilarejo de Sidi Flah, em Skoura; 34 cabras designadas por Zagora e localmente consideradas mestiças de Drâa, em Demnate, Ouarzazate, no Centro de Pesquisas Caprinas de Tahannaout e na região de Marrakech; 189 cabras Rhâali, em Zagora.

A comparação fenotípica com base em caracteres biométricos podem fornecer, em certa medida, uma representação da diferença genética entre as populações. Foram mensurados três caracteres morfológicos em cada cabra: altura de cernelha (AC) é a distância da parte mais alta da cernelha até a extremidade distal do membro anterior com o animal mantido em posição correta de aprumos; altura das patas ou maçã do peito ao chão (AP), e comprimento de orelha (CO), que vai da base até a extremidade da orelha. A profundidade torácica (PT) foi calculada pela diferença entre duas medidas (AC-AP). Foram estabelecidos índices entre duas medidas, como PT/AC, CO/PT e CO/AC, para cada indivíduo. As medidas lineares corporais foram obtidas em centímetros utilizando uma fita métrica e as cabras foram mantidas em posição correta de aprumos, permanentemente na vertical. Além das medidas, a informação sobre a origem das cabras foi obtida dos proprietários dos animais medidos.

Objetivou-se avaliar quais dados biométricos são os mais discriminantes entre populações, a distância que melhor expressa a relação de similaridade e dissimilaridade entre elas para tais dados, os métodos de agrupamento mais eficazes, bem como contribuir para o conhecimento da divergência entre as populações caprinas consideradas.

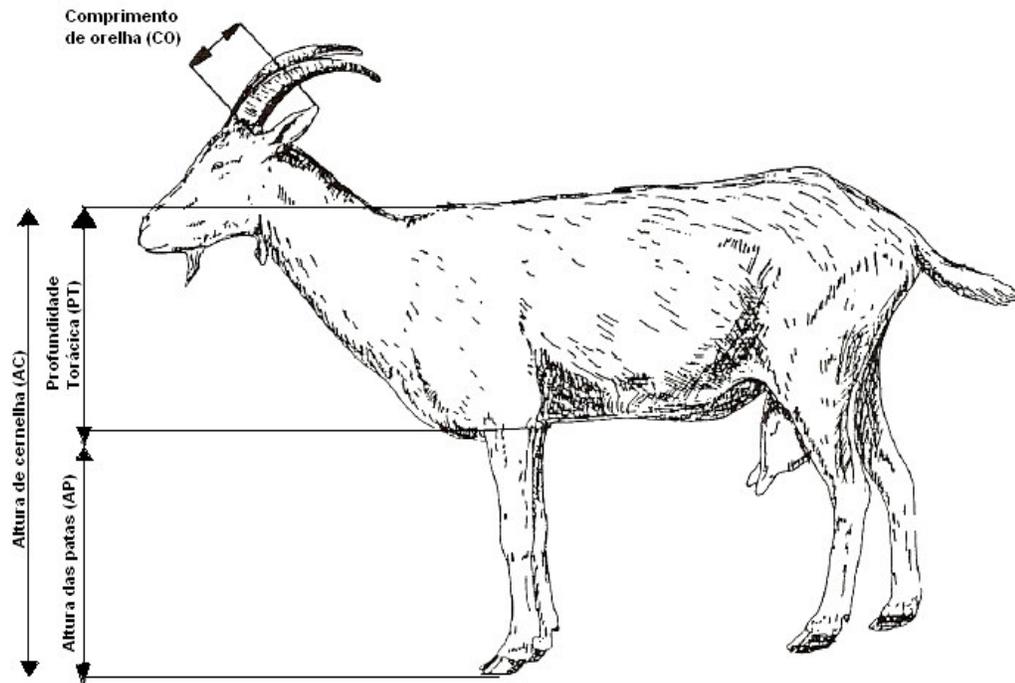


Figura 1. Medidas biométricas coletadas nas cabras em estudo. Fonte: Traduzido de Lauvergne *et al.* (2000)

Métodos

Os dados fenotípicos foram tabulados em planilhas do Excel e posteriormente analisados, através da estatística descritiva simples (média, desvio-padrão e coeficiente de variação), análise da variância e o teste Student Newman Keuls – SNK ($P < 0,05$) para comparação das médias dos diferentes grupos genéticos caprinos através do procedimento GLM do SAS ®. Na análise de variância foi examinado o efeito do grupo genético sobre as medidas biométricas. Realizou-se o teste para diagnóstico do efeito da multicolinearidade ou dependência linear entre as variáveis, que pode levar à formação de matrizes singulares ou mal condicionadas. Esta multicolinearidade se faz presente quando existe algum nível de inter-relação entre as variáveis estudadas. Somente quando

o grau de multicolinearidade é considerado fraco, não constitui problema sério para análise segundo Carvalho *et al.* (1999).

Na realização da análise de variância multivariada (MANOVA), adotou-se para avaliação da diferença entre os vetores de médias dos grupos genéticos caprinos, o critério de Wilks, citado por Johnson & Wichern (1998). Na presença de diferenças significativas entre grupos, espera-se sempre obter $\Lambda < 1$, e tanto mais significativo quanto menor for seu valor estimado (Ferreira & Souza, 1997).

As análises de agrupamento foram conduzidas, adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis ao quadrado (D^2) e a distância Euclidiana média padronizada (D) como medidas de dissimilaridades, e foram empregados três métodos de agrupamento, sendo dois deles hierárquicos (Vizinho Mais Próximo e UPGMA-*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*), e de otimização de Tocher.

Conforme Arunachalam (1981), em estudos sobre a diversidade genética, avalia-se vários caracteres com graus significativos de correlações, sendo desaconselhável a quantificação da diversidade genética pela distância Euclidiana. Nessas situações, o procedimento aconselhável é a utilização da estatística D^2 , que leva em consideração as associações entre as características por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais entre as variáveis.

Cruz & Carneiro (2006), para contornar o problema de escala apresentado pela distância Euclidiana, tem sido recomendada a padronização dos dados e, para contornar a influência do número de caracteres, utilizar a distância euclidiana média

A padronização dos dados foi realizada através $X_i = \frac{x_i}{\sigma(x_i)}$, em que $\sigma(x_i)$

é o desvio-padrão da característica (Cruz & Carneiro, 2006).

A distância generalizada de Mahalanobis (ao quadrado) para as populações i e i' é dada por $D_{ii'} = (\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})R^{-1}(\bar{X}_i - \bar{X}_{i'})$, em que R é a matriz de covariância residual; e $\bar{X}_i - \bar{X}_{i'}$, são vetores p -dimensionais de médias dos progenitores i e i' , respectivamente (Mahalanobis, 1936; Cruz & Carneiro, 2006).

A distância euclidiana média padronizada (D) para as populações i e i' é dado por $d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (X_i - X_{i'})^2}$, em que v é o número de características avaliadas (Cruz & Carneiro, 2006).

No método hierárquico do vizinho mais próximo, as populações (raças e tipos caprinos) foram agrupadas, por meio das menores distâncias D^2 , através de um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou diagrama de árvore. Neste caso, não houve preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse está na “árvore” e nas ramificações que são obtidas. As delimitações poderiam ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliariam pontos de alta mudança de nível, tornando-os em geral como delimitadores do número de populações para determinado grupo (Cruz & Carneiro, 2006). A utilização de dendrogramas necessita de uma avaliação mais cuidadosa, embora os resultados sejam representados de maneira a serem facilmente interpretáveis, as deduções do número de grupos ótimos pode ser de difícil visualização (Barbosa *et al.*, 2005). Estes métodos apresentam dificuldade na determinação do número ideal de grupos.

O método de “ligação média” ou UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) é não ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre as populações consideradas, ou seja, este método se baseia no agrupamento sucessivo de pares de táxons de acordo com o nível de similaridade. Define-se, assim, a distância entre agrupamentos como a distância média entre os pares.

Conforme Abreu *et al.* (2002), acessos alocados nos últimos grupos, quando comparados com os primeiros grupos, revelam maior divergência, sendo possível sua utilização em programas de cruzamentos entre grupos mais produtivos.

No método hierárquico é importante que sejam efetuadas medidas do grau de ajuste entre a matriz original dos coeficientes de distância (matriz fenética - f)

e a matriz resultante do processo de agrupamento (matriz cofenética - c). Deste modo, foi utilizado o coeficiente de correlação cofenética (CCC) proposto por Sokal & Rohlf (1962), cuja estimativa é dada pela seguinte expressão:

$$CCC = r_{cof} = \frac{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})(f_{jj'} - \bar{f})}{\sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (c_{jj'} - \bar{c})^2} \sqrt{\sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n (f_{jj'} - \bar{f})^2}}$$

em que:

$$\bar{c} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n c_{jj'} \quad e \quad \bar{f} = \frac{2}{n(n-1)} \sum_{j=1}^{n-1} \sum_{j'=j+1}^n f_{jj'}$$

n = número de indivíduos.

Quanto maior o valor obtido para CCC, menor será a distorção provocada pelo agrupamento de progenitores. Segundo Rohlf (1970), na prática, dendrogramas com CCC menor que 0,7 indicam a inadequação do método de agrupamento para resumir a informação do conjunto de dados.

No método de otimização de Tocher, citado por Rao (1952), adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. A decisão de incluir uma população em um grupo foi tomada por meio de comparações entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o valor máximo (θ) da distância encontrada no conjunto das menores distâncias envolvendo cada população.

Na matriz de distância identificou-se, inicialmente, o par de populações que apresentava o menor valor de $D_{ii'}^2$, para formar o primeiro grupo, quando essa distância não superava o limite estabelecido. Na seqüência, de acordo com o critério adotado, avaliou-se a possibilidade de inclusão de outras populações no grupo ou se haveria necessidade de formação de outros grupos, seguindo o mesmo critério. O acréscimo médio no valor da distância intragrupo foi obtido pela razão da distância entre a população a ser inserida e o grupo que poderia recebê-la, e o número de populações no grupo.

Esquemáticamente, mostra-se o critério para formação do agrupamento:

$$D_{(ij)k}^2 = D_{ik}^2 + D_{jk}^2 \quad \text{ou} \quad D_{(ijk)l}^2 = D_{(ij)l}^2 + D_{kl}^2$$

Se $\frac{D^2(\text{Grupo})_i}{g} \leq \theta \Rightarrow$ inclui-se a população no grupo;

Se $\frac{D^2(\text{Grupo})_i}{g} > \theta \Rightarrow$ não se inclui a população no grupo;

em que:

θ = limite de acréscimo adotado;

j, k, l = populações do grupo;

i = população a ser incluída, ou não, no grupo;

g = número de populações que constitui o grupo que está sendo formado.

Esse método diferencia-se dos hierárquicos por serem os grupos formados mutuamente exclusivos ou, sob contexto de teoria de conjuntos, por subdividir o grupo original em subgrupos não-vazios, cuja interseção é nula e a união reconstitui o conjunto total (Cruz, 1990).

A consistência do padrão do agrupamento obtido pelo método de otimização foi avaliada aplicando análise discriminante baseada na metodologia de Anderson (1958). Avaliou-se, também, a importância relativa das características para a divergência segundo metodologia de Singh (1981).

Para dar um intervalo de confiança aos dendrogramas construídos através dos métodos hierárquicos, o *bootstrap* (1000 repetições) foi realizado fornecendo a porcentagem de replicadas similares aos dados originais.

As análises foram realizadas pelos programas SAS System for WindowsNT, versão 8.0, licenciado pela Universidade Federal de Viçosa (SAS, 1999) e GENES-versão 6.0 (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

Os resultados da análise de variância univariada (ANOVA), referentes às medidas e índices biométricos avaliados em 12 populações caprinas mostrou a existência de diferença significativa pelo teste F ($P < 0,05$) entre as populações para todas as medidas e índices avaliados (Tabela 1). O coeficiente de variação

(CV) das características e índices mostrou precisão das estimativas. As medidas biométricas apresentaram valores de CV inferiores a 13%. As variáveis que obtiveram maiores coeficientes de variação foram CO (12,8%) e os índices que contém CO: CO/PT e CO/AC (18,2% e 13,0%, respectivamente). Esta maior variabilidade de CO ocorreu porque na amostra há um grupo caprino que apresenta orelhas reduzidas, o tipo Nambi, e grupos que apresentam orelhas de medianas a longas. Os valores de CV de AC, CO e PT foram similares aos encontrados por Dossa *et al.* (2007), ao estudarem populações caprinas do oeste africano, encontrando 6,3% para AC, 10,5% para CO e 11,1 para PT.

A ocorrência de diferenças significativas entre as populações caprinas (Tabela 1) de certa forma já era esperada, tendo em vista que se trata de animais que possuem características fenotípicas contrastantes. Esta situação é uma indicação favorável ao estudo da divergência genética (Cruz & Carneiro, 2006).

Para todas as características onde a análise de variância foi significativa (Tabela 1), ($P < 0,05$), realizou-se o teste de Student Newman Keuls – SNK, sendo observada a formação de cinco a oito grupos de médias (Tabela 2).

Tabela 1. Resumo da análise de variância (ANOVA) para os caracteres biométricos de populações caprinas no Brasil e no Marrocos

Caracteres	Quadrado médio		Média (cm)	Desvios-Padrão (cm)	Coeficiente de variação (%)
	Grupo genético	Resíduo			
AC	2671,1400*	19,6268	68,0014	7,5043	6,5149
AP	841,6252*	11,1470	36,6146	4,7579	9,1185
CO	806,5983*	4,3290	16,2940	3,9281	12,7693
PT	1269,0500*	10,3510	31,3868	5,2702	10,2546
PT/AC	0,0946*	0,0014	0,4606	0,0520	8,1521
CO/PT	1,6692*	0,0095	0,5379	0,1803	18,1588
CO/AC	0,2224*	0,0010	0,2421	0,0636	12,9756

* significativo em nível de 5% de probabilidade pelo teste F

Legenda: AC: altura de cernelha, AP: altura das patas, CO: comprimento de orelhas; PT: profundidade torácica

Tabela 2. Médias das características biométricas de diferentes populações caprinas comparadas pelo teste de SNK a 5% de probabilidade

Grupos genéticos	Variáveis						
	AC	AP	CO	PT	PT/AC	CO/PT	CO/AC
Alpina	77,72 ^a	40,40 ^{ab}	14,15 ^g	37,31 ^a	0,48 ^{bc}	0,38 ^e	0,18 ^h
Saanen	75,80 ^b	39,02 ^b	14,28 ^g	36,78 ^a	0,48 ^b	0,39 ^e	0,19 ^h
Toggenbourg	75,18 ^b	40,48 ^a	14,38 ^g	34,74 ^b	0,46 ^c	0,41 ^e	0,19 ^h
Anglo-nubiana	74,00 ^b	36,68 ^{cd}	24,59 ^a	37,32 ^a	0,50 ^a	0,67 ^b	0,33 ^a
Boer	71,40 ^c	34,35 ^{ef}	21,40 ^b	37,05 ^a	0,52 ^a	0,58 ^c	0,30 ^b
Drâa	71,21 ^c	41,48 ^a	16,75 ^e	29,73 ^d	0,42 ^e	0,57 ^c	0,24 ^f
Zagora	65,74 ^d	35,21 ^{de}	18,5 ^d	30,53 ^{cd}	0,46 ^{bc}	0,61 ^c	0,28 ^c
Rhâali	64,04 ^e	33,19 ^f	15,69 ^f	30,85 ^c	0,48 ^{bc}	0,51 ^d	0,25 ^e
Azul	62,57 ^{ef}	32,38 ^f	16,55 ^e	30,19 ^{cd}	0,48 ^{bc}	0,56 ^c	0,26 ^d
Marota	59,35 ^g	29,63 ^g	12,69 ^h	29,71 ^{cd}	0,50 ^a	0,43 ^e	0,21 ^g
Nambi	61,10 ^{fg}	34,15 ^{ef}	7,03 ⁱ	26,96 ^e	0,44 ^d	0,38 ^e	0,12 ⁱ
SRD	61,87 ^g	37,07 ^c	20,07 ^c	24,80 ^f	0,40 ^f	0,83 ^a	0,33 ^a

*Médias seguidas de mesmas letras, na mesma característica, não diferem ($P>0,05$) significativamente pelo teste SNK. Legenda: AC: altura de cernelha, AP: altura das patas, CO: comprimento de orelhas; PT: profundidade torácica

De acordo com as médias das características biométricas das diferentes populações caprinas comparadas pelo teste de SNK (Tabela 2), as raças leiteiras Saanen e Alpina apenas divergiram quanto a AC, em que a Alpina é a mais alta entre todas. A Toggenbourg foi similar a Saanen e Alpina quanto a CO e diferiu de ambas quanto a PT, que foi inferior a elas e superior aos demais grupos analisados. A média para AC na raça Anglo-nubiana foi similar ao encontrado por Mello & Schmidt (2008), ao estudarem cabras puras de origem (PO) desta mesma raça do estado do Rio Grande do Sul (75,4 cm). A Anglo-Nubiana diferiu das européias leiteiras quanto o CO e CO/PT que foram os maiores entre todas as populações. Boer e Drâa se assemelham-se apenas quanto a AC e CO/PT. Boer e Anglo-nubiana se assemelham apenas quanto a PT e PT/AC. Drâa, Zagora e Rhâali diferem completamente entre si quanto a AC, AP e CO/AC. Dentre as cabras nordestinas, a cabra SRD do Piauí caracteriza-se por

ser pernalta com PT (24,8cm) inferior e estatisticamente diferente das demais, e ter o maior comprimento de orelha. Dentre os tipos, o CO (7,3 cm) da Nambi diferiu dos demais tipos caprinos amostrados. Este comprimento é bastante próximo aos valores encontrados para as cabras de orelhas reduzidas da França e da Espanha e maiores que as da raça LaMancha americana (Paredes, 1952; Audiot *et al.*, 1985; Martrès & Benadjaoud, 1986; Adga, s.d.). O CO da Marota é o mesmo descrito para a raça Moxotó e muito similar descrito para a da Canindé (Machado, 1995; Rocha *et al.*, 2007). A SRD do Piauí tem menor porte e comprimento de orelhas similar ao caprino SRD do Ceará (Machado, 1995).

Na comparação entre os grupos genéticos nordestinos em estudo, a cabra Azul tem maior altura de cernelha (62,6 cm) e apresenta-se mais profunda (PT = 30,2 cm). Os tipos Azul e Marota diferiram dos demais quanto a maior profundidade torácica. A Marota tem as menores alturas de patas (29,6 cm) e de cernelhas (59,3 cm), e as menores orelhas excetuando as da Nambi. As diferenças entre um antigo tipo naturalizado como a Marota e as atuais SRD, divergentes para todas as variáveis exceto PT/AC, sugerem uma possível influência de animais pernaltas, orelhudos e de pouca profundidade torácica sobre a SRD. Estas características são apresentadas pelas raças indianas Jamnapari e Bhuj, que foram empregados em cruzamentos de caprinos no Nordeste (Machado, 2001). Há também outras raças de grande estatura como a Mambrina e Anglo-nubiana e tem relatos da presença delas em exposições agropecuárias no Nordeste desde a década de 40 (Pinheiro Júnior, 1985). A raça Anglo-nubiana pura de origem e pura por cruzamento (PC) no Sudeste do Brasil apresentou, respectivamente, 80,0 e 75,6 cm de AC, 81,1 e 76,3 cm de altura de garupa, 86,7 e 82,1 cm de comprimento corporal (Caldas *et al.*, 1987).

Por meio da análise de variância multivariada (MANOVA), foram evidenciadas também diferenças significativas ($P < 0,05$) entre os vetores de média dos grupos genéticos (Tabela 3). Dessa forma, com a rejeição da hipótese de que os vetores de médias de grupos genéticos são iguais, justifica-se o uso de outras técnicas multivariadas, objetivando a redução da dimensão e, ou descarte de variáveis.

Tabela 3. Análise de variância multivariada (MANOVA) para diferentes grupos genéticos caprinos

Teste de Wilks			
Fonte de variação	Λ	F	Pr>F
Grupo genético	0,0464	128,18	<0,0001

Através do diagnóstico de multicolinearidade, segundo Montgomery & Peck (1981), a avaliação do número de condição da matriz de correlação entre as variáveis (AC, AP, CO e PT) e os índices (PT/AC, CO/PT, CO/AC) foi considerado severo ($NC \geq 1000$). As variáveis que provocaram maiores problemas de multicolinearidade foram PT e os índices (PT/AC, CO/PT e CO/AC) por serem formadas pela combinação das outras variáveis e apresentarem alta correlação com as demais variáveis. Assim, as medidas consideradas nas análises de agrupamento foram AC, AP e CO que apresentaram fraca multicolinearidade ($NC < 100$) na amostra. Resultado semelhante foi encontrado em rebanhos espanhóis de caprinos nativos (Herrera *et al.*, 1996) em que a profundidade torácica não foi discriminante, não devendo, portanto, ser tomada na consideração da elaboração de estudos de diferenças raciais.

Observando-se as matrizes de medidas de dissimilaridade (Tabela 4), pode-se verificar que o valor máximo da D^2 entre as populações Anglo-nubiana e Nambi ($D^2 = 79,94$) e o valor mínimo entre Saanen e Alpina ($D^2 = 0,26$) seguida de Rhâali e Azul ($D^2=0,40$), mostram que as populações Saanen e Alpina; e Rhâali e Azul são as mais similares e que Anglo-nubiana e Nambi são mais divergentes (Tabela 4). Para a distância euclidiana média padronizada (Tabela 4), o valor máximo também foi verificado para as populações Anglo-nubiana e Nambi ($D = 2,54$) e o valor mínimo entre Rhâali e Azul ($D = 0,21$).

Segundo Silveira Neto (1986), é importante salientar que para qualquer medida de dissimilaridade os valores só serão comparáveis dentro do mesmo estudo, não tendo validade a comparação de semelhança de indivíduos ou amostras que não estiverem envolvidos na sua determinação.

No método do vizinho mais próximo, as populações foram agrupadas por meio das menores distâncias D^2 e D . As junções das populações caprinas para construção dos dendrogramas, através do método do Vizinho Mais Próximo, ocorreram conforme apresentado nas Tabelas 5 e 6.

Tabela 4. Distância Euclidiana média padronizada (D) na diagonal superior e as distâncias generalizadas de Mahalanobis ao quadrado (D²) na diagonal inferior entre doze populações caprinas avaliadas

	Toggenbourg	Saanen	Anglo-nubiana	Alpina	Boer	Drâa	Zagora	Rhâali	Azul	Marota	Nambi	SRD
Toggenbourg	0	0,2309	1,4329	0,2256	1,3527	0,4895	1,2827	1,5135	1,7084	2,2102	1,8426	1,4762
Saanen	0,5414	0	1,3739	0,2762	1,2305	0,642	1,1977	1,3945	1,5914	2,0791	1,7649	1,4637
Anglo-nubiana	31,2064	29,8381	0	1,4897	0,5924	1,2763	1,0884	1,5345	1,5866	2,2785	2,5407	1,2143
Alpina	0,6865	0,2581	32,93	0	1,4387	0,6828	1,4451	1,6661	1,8619	2,3508	1,9833	1,6703
Boer	19,9991	18,2386	2,4127	21,3817	0	1,2689	0,6353	0,9914	1,0403	1,706	2,0442	0,957
Drâa	4,0743	6,6965	24,3138	7,7488	16,6121	0	1,1209	1,455	1,6218	2,199	1,9126	1,1559
Zagora	11,9865	12,8816	12,1388	16,0714	5,8513	5,6364	0	0,5008	0,5805	1,2783	1,5269	0,4921
Rhâali	8,8829	9,2315	21,077	12,376	10,5362	6,2148	1,9059	0	0,2128	0,7945	1,1438	0,8492
Azul	12,5692	12,9716	18,7039	16,6378	9,2416	7,9887	1,2442	0,3992	0	0,7141	1,2524	0,8662
Marota	14,0247	14,0228	36,7952	17,7512	21,4957	13,5479	8,6081	2,6331	3,5328	0	1,0252	1,5184
Nambi	18,392	20,4909	79,9380	22,0447	57,4795	22,9524	32,4851	20,2771	24,9348	12,592	0	1,7263
SRD	23,7567	27,1984	18,7241	30,9802	14,9728	9,6347	4,0078	8,7861	6,7288	16,9914	42,0248	0

Tabela 5. Resumo do método do vizinho mais próximo através da D^2 para medidas biométricas de populações caprinas

Passo	Junção das populações	Distância em %
1	2; 4	2,05
2	8;9	3,17
3	1;2	4,30
4	7; 8	9,88
5	3; 5	19,16
6	7; 10	20,91
7	7; 12	31,82
8	1; 6	32,36
9	1; 7	44,76
10	1; 3	46,47
11	1; 11	100,00

Legenda: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD

Tabela 6. Resumo do método do vizinho mais próximo através da D para medidas biométricas de populações caprinas

Passo	Junção das populações	Distância em %
1	8; 9	18,99
2	1; 4	20,12
3	1;2	20,59
4	1; 6	43,67
5	7; 12	43,90
6	7; 8	44,68
7	3; 5	52,85
8	3; 7	56,68
9	3; 10	63,71
10	3; 11	91,46
11	1; 3	100,00

Legenda: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD

A forma como se procedeu às junções (Tabela 5 e 6) entre as populações através do método do vizinho mais próximo foram parcialmente discordantes entre si, ao se utilizar as diferentes medidas de dissimilaridades D^2 e D . Por meio

das junções pelas distâncias entre as populações foi gerado os dendrogramas através dos valores da D (Figura 2a) e da D^2 (Figura 2b)

Os valores de *bootstrap* acima de 50% demonstram confiança na formação dos nódulos do dendrograma apresentados.

Através dos dendrogramas, que representam a similaridade/dissimilaridade genética das populações pelo método do vizinho mais próximo, houve formação de dois grupos concordantes utilizando as duas medidas de dissimilaridade (Figuras 2a e 2b). Um deles foi formado pelas raças européias leiteiras (Saanen, Alpina e Toggenbourg) e a população marroquina Drâa com *bootstrap* superior a 90%; o segundo foi formado pelas raças Anglo-nubiana e Boer com *bootstrap* superior a 70% .

Observa-se entre métodos, além destes dois grupos comuns, a formação de agrupamentos distintos. No agrupamento gerado a partir de D^2 (Figura 2b), houve um grupo foi formado por duas das populações marroquinas (Rhâali e Zagora) e pelas populações piauienses (Azul, Marota e SRD) com *bootstrap* de 60%. Já no agrupamento gerado a partir da D (Figura 2a) houve a formação de outro grupo distinto, sendo formado pelas populações marroquinas (Rhâali e Zagora) e populações piauienses (Azul e SRD) com 67% de *bootstrap*.

O achado de similaridade entre raças caprinas leiteiras de origem européia aos marcadores biométricos está de acordo com o agrupamento entre Saanen e Alpina, do conjunto destas com Toggenbourg (Figura 2b) observado tanto por eletroforese de proteínas séricas e eritrocitárias quanto por marcadores microssatélites (Igarashi *et al.*, 2000; Oliveira *et al.*, 2007).

Com base em dados biométricos, observa-se (Figura 2b) que Nambi é um tipo a parte dos demais e que Azul e Marota são as mais próximas entre si.

Com a possibilidade da ocorrência de considerável simplificação das informações originais e distorções sobre o padrão de similaridade entre as populações estudadas com a formação do dendrograma, tornou-se necessário, conforme Cruz & Carneiro (2006), julgar a adequação dos resultados.

Para se avaliar o grau de ajuste entre as matrizes de dissimilaridade e as matrizes resultantes dos agrupamentos, para a formação dos dendrogramas dos

três métodos, comparou-se as estimativas dos coeficientes de correlação cofenética (CCC). Quanto maior o valor do coeficiente, menor é a distorção provocada para agrupar as populações. No presente estudo o CCC foi de 0,66 para o método do vizinho mais próximo através da D^2 e de 0,73 através da D. A partir desses coeficientes, conclui-se que a distância euclidiana média padronizada foi mais adequada para resumir a informação do conjunto de dados, visto que se tem recomendado valores de CCC acima de 0,70 (Rohlf, 1970).

A utilização da distância euclidiana média padronizada no estudo de diversidade genética nas populações é procedente, de acordo com Cruz & Carneiro (2006).

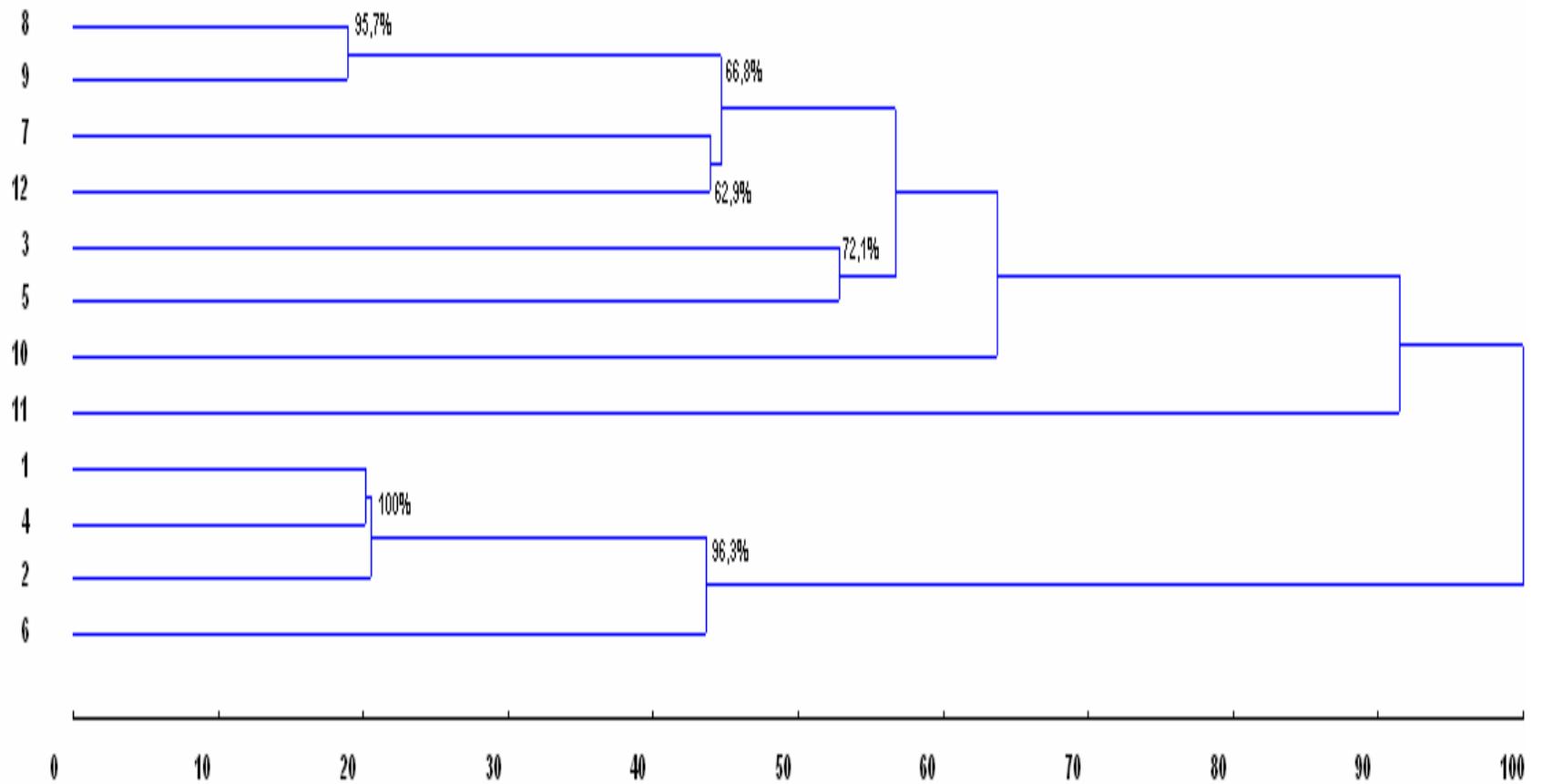


Figura 2a. Dendrograma obtido a partir da distância euclidiana média padronizada e o método de agrupamento do vizinho mais próximo, com base em caracteres biométricos evidenciando as relações entre 12 populações caprinas. As D estão expressas em porcentagens na linha abaixo ao dendrograma e apenas os valores e *bootstrap* acima de 50% são indicados em cada nó. Legenda: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD

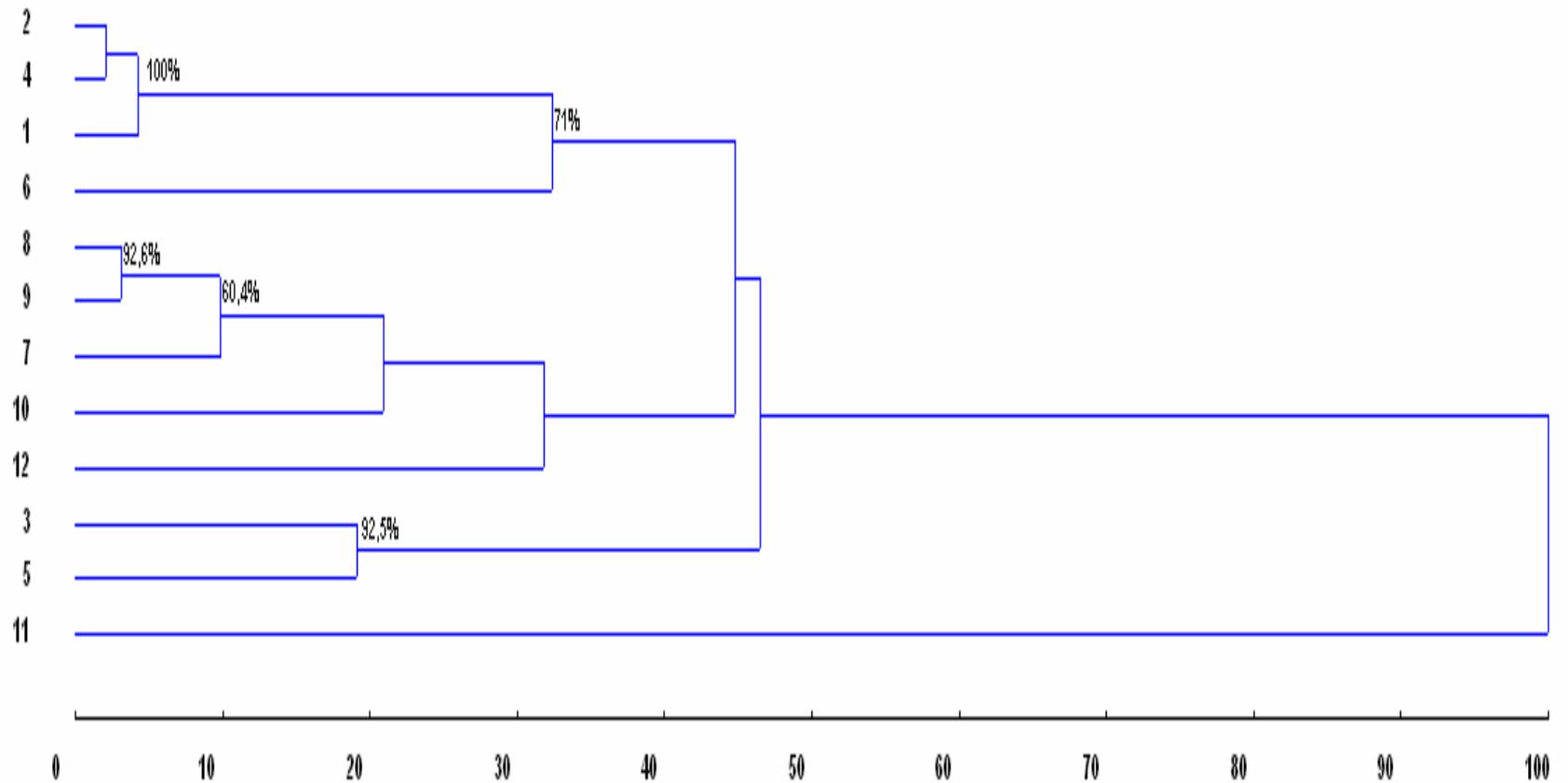


Figura 2b. Dendrograma obtido a partir da distância generalizada de Mahalanobis e o método de agrupamento do vizinho mais próximo, com base em caracteres biométricos evidenciando as relações entre 12 populações caprinas. As D^2 estão expressas em porcentagens na linha abaixo ao dendrograma e apenas os valores e *bootstrap* acima de 50% são indicados em cada nó. Legenda: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD

Com a utilização do método de agrupamento UPGMA, obteve-se melhor CCC utilizando a distância euclidiana média padronizada (0,82) (Figura 3) em comparação a utilização da distância Generalizada de Mahalanobis (0,70). Logo, o método UPGMA proporcionou uma representação gráfica mais lógica das distâncias na forma de dendrograma, seguido pelo método do vizinho mais próximo. A melhor medida de dissimilaridade em ambos os métodos foi a distância euclidiana média padronizada. Quanto à técnica de agrupamento, a superioridade do UPGMA já havia sido relatada por Dias (1998).

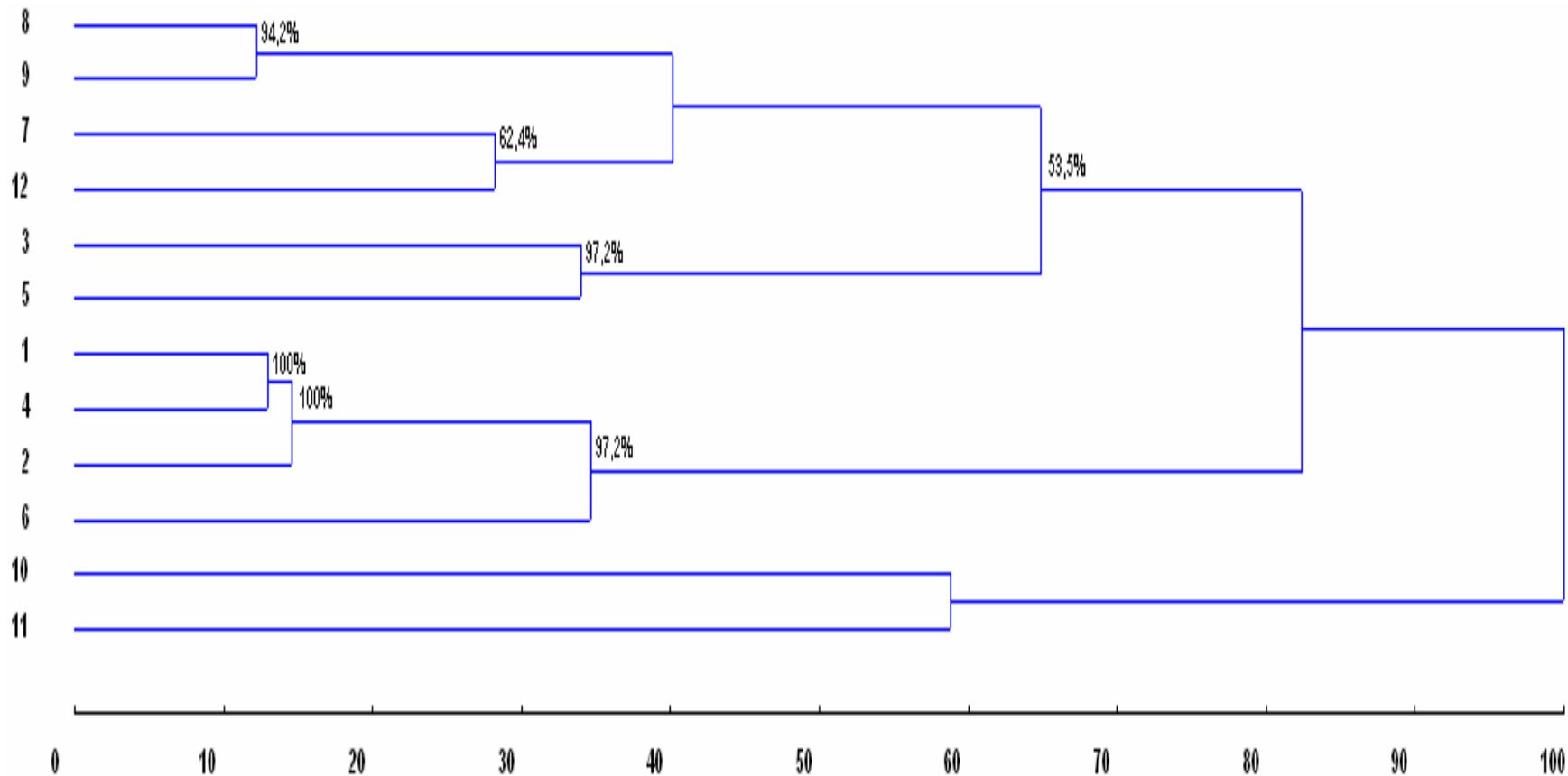


Figura 3. Dendrograma obtido a partir da distância euclidiana média padronizada e o método de agrupamento *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*, com base em caracteres biométricos evidenciando as relações entre 12 populações caprinas. As D estão expressas em porcentagens na linha abaixo ao dendrograma e apenas os valores e *bootstrap* acima de 50% são indicados em cada nó. Legenda: 1=Toggenbourg, 2=Saanen, 3=Anglo-nubiana, 4=Alpina, 5=Boer, 6=Drâa, 7=Zagora, 8=Rhâali, 9=Azul, 10=Marota, 11=Nambi, 12=SRD.

O dendrograma obtido através do método UPGMA (Figura 3) formou agrupamentos semelhantes ao obtido pelo método do vizinho mais próximo utilizando D (Figura 1a). A maioria dos *bootstraps* obtidos na formação dos grupos foram acima de 50% evidenciando confiabilidade nas inferências.

Conforme as junções obtidas neste estudo, há indicativos de alta similaridade entre as populações européias leiteiras com a população marroquina Drâa. Em estudos de diversidade genética por meio de marcadores de microssatélites, Araújo *et al.* (2006), também obteve similaridade alta entre rebanhos puros e não puros das raças Saanen e Alpina. A formação de um ramo que incluiu as raças Toggenbourg, Alpina e Saanen em todos os dendrogramas (Figura 2a, 2b e 3) está de acordo com a literatura (Igarashi *et al.*, 2000; Oliveira *et al.*, 2007) e reflete a origem comum das mesmas (Igarashi *et al.*, 2000).

A população Anglo-nubiana ficou separada das leiteiras. Este fato poderia ser justificado, em parte, pela amostra de Anglo-nubiana em estudo conter cabras mestiças e por ser de pequeno tamanho. A Anglo-nubiana, contudo, diferentemente das demais raças leiteiras, por não ter origem essencialmente européia. Ela é uma raça sintética formada por caprinos de origem européia, do Oriente Médio e provavelmente também asiática, proveniente da Índia (Jeffery, 1977; Mason, 1988). A Anglo-nubiana agrupou com a raça Boer (*bootstrap* de 97%), formada na África do Sul a partir de cruzamento de caprinos locais e oriundos de países orientais, inclusive da Índia (Eramus, 2000; Malan, 2000).

O agrupamento das populações marroquinas Zagora e Rhâali nos dendrogramas (Figuras 2a, 2b e 3) denota que a proximidade geográfica de ambas foi mais importante que a suposta relação de parentesco entre as populações Zagora e Drâa. As frequências alélicas de caracteres visíveis também permitiram Machado *et al.* (2000) agrupar Zagora e Rhâali como as próximas entre si dentre as marroquinas, enquanto a cabra do Drâa agrupou-se com cabras mediterrâneas. Quando comparadas cabras marroquinas e francesas através de marcadores microssatélites INRA e polimorfismo da α -caseína, observou-se que a amostra composta por Drâa-Zagora agrupou-se com Rhâali separadamente das

cabras francesas; dentre estas, a cabra dos Pirineus constituiu ramo a parte de Saanen, Alpina e Poitevine (Ouali *et al.*, 2002).

As cabras Azul e SRD agruparam primeiramente com as populações marroquinas Zagora e Rhâali e depois com as raças Anglo-nubiana e Boer. Nambi e Marota são tipos a parte, e Azul e SRD são as mais próximas entre si (Figura 3). Estes resultados podem estar relacionados ao isolamento genético da população Marota através de acasalamentos controlados, possivelmente causando efeito de deriva genética e ao ecótipo Nambi que apresenta características biométricas particulares em relação aos demais tipos considerados.

Os resultados dos dendrogramas foram facilmente interpretáveis, mas não foi possível saber ao certo o número ótimo de grupos. Para contornar esta deficiência utilizou-se o método de otimização de Tocher.

A análise de agrupamentos pelo Método de Otimização de Tocher possibilitou a formação de quatro grupos distintos utilizando as D^2 (Tabela 7) e as D (Tabela 8). Sabe-se que diversos métodos com base em diferentes medidas de dissimilaridade podem levar a distintos padrões de agrupamento (Cruz & Carneiro, 2006). De fato, verificou-se, que o método de otimização de Tocher e o método hierárquico foram discordantes na partição dos grupos, o que corrobora os resultados encontrados por outros autores (Sakaguti *et al.*, 1996; Barbosa *et al.*, 2005).

Tabela 7. Formação dos grupos de populações caprinas através do método de otimização de Tocher pelas D^2

Grupo	Populações
I	Saanen, Alpina, Toggenbourg, Drâa, Rhâali, Zagora, Azul e Marota
II	Anglo-nubiana e Boer
III	Sem Raça Definida
IV	Nambi

Tabela 8. Formação dos grupos de populações caprinas através do método de otimização de Tocher pelas D

Grupo	Populações
I	Rhâali, Azul, Zagora, Sem Raça Definida e Boer
II	Toggenbourg, Alpina, Saanen e Drâa
III	Marota e Nambi
IV	Anglo-nubiana

A distância média dentro do grupo (intra grupo) foi calculada através da média das distâncias entre cada par de populações que o constitui. Ela não existe, portanto para grupos constituídos de uma única população. As distâncias médias entre grupos foram obtidas pela média das distâncias entre pares de populações pertencentes aos diferentes grupos (Tabelas 9 e 10). Observa-se, a distância média intragrupo é sempre menor que a distância média intergrupo (Tabelas 9 e 10). Uma maior variabilidade entre indivíduos dentro de populações que entre populações foi encontrada por Spritze *et al.* (2003) e por Serrano *et al.* (2004) em bovinos naturalizados brasileiros, por Paiva *et al.* (2005) em ovinos, e por Albuquerque *et al.* (2006) em búfalos.

Tabela 9. Distâncias médias (D^2) intra e entre grupos caprinos a partir de dados biométricos

Grupos	I	II	III	IV
I	10,84	18,81	17,94	31,45
II		3,23	27,96	75,03
III			*	52,78

Legenda: I = Saanen, Alpina, Toggenbourg, Drâa, Rhâali, Zagora, Azul e Marota; II = Anglo-nubiana e Boer; III = Sem Raça Definida; IV = Nambi; *=composta só por uma população

A distância intragrupo pela D^2 variou de 3,23 (grupo II) a 10,84 (grupo I) (Tabela 9). A presença no grupo I das populações marroquinas (Rhâali e Zagora) e dos ecótipos brasileiros (Azul e Marota) explicam esta maior distância. A distância intergrupo variou de 17,94 (grupo I e III) a 75,03 (grupo II e IV). A maior distância entre os grupos II e IV é justificada pela presença do ecótipo Nambi no grupo IV, enquanto o grupo II é constituído pelas raças (Anglo-nubiana e Boer) que se agruparam em todos os dendrogramas (Figuras 2a, 2b e 3). O valor máximo da D^2 foi entre as populações Anglo-nubiana e Nambi ($D^2 =$

79,94) (Tabela 4) denotando o peso da variável CO. O tipo Nambi é um tipo a parte dos demais, enquanto Azul e Marota são as mais próximas entre si (Figura 2b e Tabela 9).

Tabela 10. Distância euclidiana média padronizada (D) intra e entre grupos caprinos a partir de dados biométricos

Grupos	I	II	III	IV
I	0,71	1,45	1,37	1,20
II		0,43	2,04	1,39
III			1,02	2,41

Legenda: I = Rhâali, Azul, Zagora, Sem Raça Definida, Boer; II = Toggenbourg, Alpina, Saanen, Drâa; III = Nambi e Marota; IV = Anglo-nubiana

A distância intragrupo pela D (Tabela 10) variou de 0,43 (grupo II) a 1,02 (grupo III) (Tabela 10). A presença no grupo III do ecótipo Nambi explica esta maior heterogeneidade intragrupo. O grupo II foi similar ao encontrado pelos métodos hierárquicos (Figura 2a ,2b e 3). A distância intergrupo variou de 1,20 (grupo I e IV) a 2,41 (grupo III e IV). Esta maior distância entre os grupos III e IV é devido a presença do ecótipo Nambi no grupo III e da raça Anglo-nubiana no grupo IV. Anglo-nubiana e Nambi foram, mais uma vez, mais divergentes (D=2,54) (Tabela 4).

Todos os caracteres biométricos mensurados (AC, AP e CO) contribuíram para a determinação da divergência genética entre as populações, em maior ou menor proporção. Quanto à importância relativa das características para a divergência segundo a metodologia de Singh (1981) (Tabela 11), a medida comprimento de orelha apresentou maior contribuição relativa para a divergência (61,9%), seguida das características altura de cernelha e altura das patas. O CO foi mais discriminante porque esta variação não se deu apenas entre indivíduos para o conjunto das populações, mas porque a variação se deu especialmente entre populações para esta variável em particular. Verifica-se, que juntas as características CO e AC contribuíram com 92% na avaliação da diversidade entre populações. Resultados semelhantes foram encontrados em rebanhos espanhóis de caprinos nativos espanhóis (Herrera *et al.*, 1996) e em caprinos do oeste

africano (Dossa *et al.*, 2007) em que uma das variáveis mais discriminativas em estudo foi a altura de cernelha.

Tabela 11. Importância relativa das características (S_j) para estudo da divergência genética em doze populações caprinas

Características	S_j	S_j (%)
Altura de cernelha	324,97	30,11
Altura das patas	86,75	8,04
Comprimento de orelha	667,57	61,85

A partir da obtenção dos grupos genéticos formadas pelo método de otimização de Tocher, estratégias de cruzamento entre as populações podem ser traçadas para maximização da heterose e da complementaridade das características desejáveis em cabras para cada sistema de criação. Considerando-se que a análise multivariada possibilita a predição da heterose, alguns cruzamentos podem ser sugeridos, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com as melhores características. Portanto, se o objetivo for obter heterose, e com base nos resultados obtidos, recomenda-se com base em D^2 (Tabela 9), os cruzamentos entre os grupos II (Anglo-nubiana e Boer) e IV (Nambi), seguido do cruzamento entre III (Sem Raça Definida) e IV (Nambi). Vê-se que este resultado é fortemente influenciado pela variável CO. Segundo D (Tabela 10), preconiza-se o cruzamento entre III (Marota e Nambi) e IV (Anglo-nubiana), seguido do II (Toggenbourg, Saanen, Alpina e Drâa) e III (Marota e Nambi).

A variabilidade observada no ecótipo Nambi a faz passível de responder à seleção. Estes resultados preliminares permitem estabelecer um bom prognóstico para a criação e melhoramento genético deste tipo caprino.

Fica evidente que as poucas variáveis consideradas influenciaram os resultados e que a recomendação de cruzamentos a serem preconizados aos produtores precisam se basear em um maior número de marcadores. Por outro lado, sabendo-se que os grandes agrupamentos geográficos caprinos discernem

por características biométricas, os vínculos intragrupo encontrados merecem ser investigados em trabalhos complementares. Lembra-se que populações em risco de desaparecimento, as chamadas ‘raças raras’ devem, antes de serem destinadas a programas de cruzamento, serem multiplicadas para sua conservação. Os cruzamentos apontados são, portanto, hipotéticos.

Para um outro conjunto de populações diverso do desta amostragem, ou usando-se outros marcadores, a importância das características para o estudo da divergência entre elas pode diferir destes resultados, onde é preciso investigar tal importância a cada situação.

Conclusões

Todas as medidas corporais tomadas nos caprinos para este trabalho foram úteis na avaliação de similaridade/dissimilaridade entre populações. A profundidade torácica calculada permitiu o cálculo de altura de patas, mas foi desnecessária na análise da diversidade entre estas populações.

Para o conjunto de medidas biométricas avaliadas, o método preconizado para cálculo de distância entre populações é a Distância Euclidiana Média Padronizada em detrimento da Distância Generalizada de Mahalanobis.

O uso de diferentes tipos de análise multivariada em diferenciação de populações caprinas mostrou-se eficaz no estudo das variáveis biométricas. Os métodos hierárquicos de agrupamento, do vizinho mais próximo e o UPGMA-*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Means*, foram ambos satisfatórios para estas variáveis biométricas.

Apesar de discordantes na formação de grupos na avaliação da diversidade entre populações caprinas, os métodos hierárquicos do vizinho mais próximo e UPGMA e o de Otimização de Tocher contribuem para a interpretação da divergência de grupos genéticos.

Sugere-se considerar em trabalhos futuros um maior número de marcadores biométricos, acrescentar pelo menos duas medidas da cabeça para se

averiguar a convexidade do chanfro, bem como o uso marcadores de outras naturezas.

A inclusão de outros grupos genéticos para análise comparativa, o uso de maior número de marcadores e um maior número de indivíduos também trarão maior acurácia no estudo da diversidade genética.

Referências Bibliográficas

ABREU, F.B.; MARIM, B.G.; MANDELLI, M.S. et al. Divergência genética entre acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV, baseada em descritores de fruto. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.2, jul.2002. Suplemento 2. CD-ROM..

ACHARYA, R. M. **Shepp and Goats Breeds of Índia**. FAO Animal Production and Health Paper N°30, FAO, Rome, 1982, 190p.

ADGA **Breed standards for the six currenty registered ADGA breeds**. s.d. Disponível em: <http://www.adga.org/breedstandards.html>, último acesso 18/12/2008.

ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO, A.A.; MARQUES, J.R.F. et al. Variabilidade genética de búfalos estimada pela técnica de RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.4, p.623-628, 2006.

ALMEIDA, A. M. de; SCHWALBACH, L. Breves considerações sobre a raça caprina Boer. **Revista do Sindicato Nacional de Medicina veterinária**, Lisboa, n.2, p.10-15, 2000.

ANDERSON, T.W. **An introduction to multivariate statistical analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1958. 581 p.

ARAÚJO, A. M.; GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M. et al. Genetic diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized Brazilian Moxotó breed. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.29, n.1, p.67-74, 2006.

ARUNACHALAM, V. Genetic distance in plant breeding. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, n.2, p.226-236, 1981.

AUDIOT, A. La variant 'oreilles raccourcies' de la chèvre provençale. **Recueil de Medicine Vétérinaire**, v.161, p.683-684, 1985.

BARBOSA, L.; REGAZZI, A.J.; LOPES, P.S. et al. Evaluation of genetic divergence among lines of laying hens using cluster analysis. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.7, p. 79-83, 2005.

BARROS, A.C. **Caprinos nativos : privilégio do Nordeste**. Aracaju: SUDAP, 1987, 194p.

BOUCHEL, D. **Contribution à l'étude des indices morpho-biométriques et leur condition d'emploi pour la cartographie des ressources génétiques caprines**. Tours: Université François Rabelais, 1995. 40p. (Rapport d'Initiation à la Recherche Scientifique).

BOUCHEL, D.; LAUVERGNE, J.J.; GUIBERT, E. et al. Étude morpho-biométrique de la chèvre du rove. I. Hauteur au garrot (HT), profondeur du thorax (PT), vide sous-sternal (VSS) et indice de gracilité sous-sternale (IGs) chez femelles. **Revue Méd. Vét.**, v.148, n.1., p.37-46, 1997.

BOURZAT, D.; SOUVENIR-ZAFINDRAJAONA, P.; LAUVERGNE, J.J. et al. Comparaison morpho-biométrique dès chèvres au Nord Cameroun et au Tchad. **Revue Élev. Méd. Vét. Pays Trop.**, v.46, n.4, p.667-674, 1993.

CALDAS, R.P.; FERNANDES, M.A; MACHADO, T.M.M. et al. 1987. Goat biometry in the Brazilian southeast region. I. Anglo-Nubian breed - pubered of imported origin and their progeny. In: INTERNACIONAL CONFERENCE ON GOATS, 4., 1987, Brasília. **Proceedings...** Brasília: International Goat Association, 1987a, p. 1341.

CARVALHO, S.P. de; CRUZ, C.D.; CARVALHO, C.G.P. de. Estimating gain by use of a classic selection under multicollinearity in wheat (*Triticum aestivum*). **Genetics and Molecular Biology**, vol.22, p. 109-113, 1999.

CASEY, N.H; VAN NIEKERK, W. A. The Boer goat. I. Origin, adaptability, performance testing, reproduction and milk production. **Small ruminant research**, v. 1, p. 291-302, 1988.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1990. 188p. Tese (Doutorado em Melhoramento Genético)- Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 1990.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. revisada, v.2, Viçosa: UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética**. Viçosa: UFV, versão 6.0, 2008.

DIAS, L.A. dos S. Análises multidimensionais. IN: ALFENAS, A.C. (Ed.). **Eletoforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa: UFV, 1998, p.405-475.

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v. 73, p.150-159, 2007.

EPSTEIN, H. **The origin of the domestic animal in Africa**. New York, London, Munich: Africana Publishing Corporation, v.2, 1953. 719p.

ERASMUS, J.A. Adaptation to various environments and resistance to disease of the improved Boer goat. **Small Ruminant Research**, v.36, n.2, p.179-187, 2000.

FERREIRA, R.L.C.; SOUZA, A.L. **Técnicas de análise multivariada aplicadas ao manejo florestal**. Viçosa: UFV, 1997. 21p. (Boletim Técnico SIF, 14).

FERREIRA, C.A.; FERREIRA, R.L.C.; SANTOS, D.C. et al. Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética entre clones de palma forrageira (*Opuntia ficusindica mill.*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, (Supl. 1), p.1560-1568, 2003.

FRANCI, O.; PULGLIESE, C.; BOZZI, R. et al. The use of multivariate analysis for evaluating relationships among fat depots in heavy pigs of different genotypes. **Meat Science**, v.58, p.259-266, 2001.

FREITAS, H. de. **O caprino no Nordeste**. Bol. Minist. Agricult., Rio de Janeiro, 1941. 19p.

HERRERA, M.; RODERO, E.; GUTIERREZ, M.J.; PEÑA, F.; RODERO, J.M. Application of multifactorial discriminant analysis in the morphostructural differentiation of Andalusian caprine breeds. **Small Ruminant Research**, v.22, p.39-47, 1996.

HOSSAINI-HILARI, J.; MOUSLISH, Y. La chevre Drâa. Potentiel de production et caracteristiques d'adaptation aux contraintes de l'environnement aride. **Animal Genetic Resources Information**, n.32, p.49-56, 2002.

IGARASHI, M.L.S.P.; MACHADO, T.M.M.; FERRO, J.A. et al. Structure and genetic relationship among naturalized and imported goat breeds. **Biochemical Genetics**, v.38, n.11/12, p. 353-365, 2000.

JAMES, F.C.; McCULLOCH, C.E. Multivariate analysis in ecology and systematics: Panacea or pandora's box? **Annual Review Ecology systematic**, v.21, p.129-166, 1990.

- JEFFERY, H.E. A history of the Anglo-Nubian breed. **Dairy Goat. J. March**: p.40-49, 1977.
- JOHNSON RA, WICHERN DW. **Applied multivariate statistical analysis**. 4. ed., Englewood Cliffs: Prentice Hall, 1998. 642p.
- LIBERATO, J.R.; VALE, F.X.R., CRUZ, C.D. Técnicas estatísticas de análise multivariada e a necessidade de o fitopatologista conhecê-las. **Fitopatologia Brasileira**, v.24, p.5-8, 1999.
- MACHADO, T. M. M. **Le peuplement des animaux de ferme et l'élevage de la chèvre au Brésil avec une étude du polymorphisme visible de la chèvre du Ceará**. PhD Thesis, University of Paris XI, Paris, 1995.
- MACHADO, T.M.M. Raças raras de pequenos ruminantes. **Revista Ação Ambiental**, Viçosa, v.3., n.15., p.19-23, 2001.
- 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 region (Europe and Africa). **Genetics and Molecular Biology**, v.23 , n.1, p.121-125, 2000.
- MACHADO, T.M.M., PIRES, L.C., ARAUJO, A.M. **Conservação e melhoramento genético de caprinos com o auxílio de caracteres morfológicos e biométricos**. In: Caprinos e ovinos: tecnologias para produção lucrativa no nordeste. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2009. (no prelo)
- MAHALANOBIS, P.C. On the generalized distance in statistics. **Proceedings of Natural Institute of Sciences**, v.2, p.49-55, 1936.
- MALAN, S.W. The improved Boer goat. **Small Ruminant Research**, v.36, n.3, p.165-170, 2000
- MATRÈS, J.P.; BENADJAOU, A. **Profils génétiques visibles de la chèvre de Haute Roya**. In: J.J. Lauvergne (Éd.) Populations traditionnelles et premières races standardisées d'*Ovicaprinae* dans le Bassin Méditerranéen. Paris: INRA, 1986, p. 153-158. (Colloques de l'INRA, 47).
- MASON, I.L. **A world dictionary of livestock breeds, types and varieties**. Wallingford: CAB International, 1988. 348p.
- MELLO, F.A. DE; V. SCHMIDT. Caracterização biométrica de caprinos Anglo-Nubianos nascidos no Brasil, no período de 1993 a 2001. **Archivos de Zootecnia**, v.57, p. 525-535, 2008.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons, 1981. 504 p.

OLIVEIRA, J.D. de; IGARASHI, M.L. S. de P.; MACHADO, T.M.M. et al. Structure and genetic relationships between Brazilian naturalized and exotic purebred goat (*Capra hircus*) breeds based in microsatellites. **Genetic and Molecular Biology**, v.30, n.2, p.356-363, 2007.

OUAFI, A.T.; BABILLIOT, J.M. ; LEROUX, C.; MARTIN, P. Genetic diversity of the two main Moroccan goat breeds: phylogenetic relationships with four breeds reared in France. **Small Ruminant Research**, v.45, n.3, p.225-233, 2002.

PAIVA, S.R.; SILVÉRIO, V.C.; EGITO, A.A. et al. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.9, p.887-893, 2005.

PAREDES, R.J. Tipos de oreja y su herencia en la cabra. **Archivos de Zootecnia**, v.1, n.1, p.24-39, 1952.

PIASSI, M.A. **Avaliação do desempenho de linhagens de postura mantidas na Universidade Federal de Viçosa, em competição com marcas comerciais**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1994, 86p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, 1994.

PINHEIRO JÚNIOR, G.C. **Caprinos no Brasil**. Belo Horizonte: Itatiaia, 1985. 177 p.

RAO, C.R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 400p.

ROCHA, L.L. da; BENÍCIO, R.C.; OLIVEIRA, J.C.V. et al. Avaliação morfoestrutural de caprinos da raça Moxotó. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.483-488, 2007.

ROHLF, F.J. Adaptive hierarchical clustering schemes. **Systematic Zoology**, v.19, n.1, p.58-82, 1970.

SAKAGUTI, E.S.; SILVA, M.A.; REGAZZI, A.J. et al. Análise de divergência genética entre nove grupos genéticos de coelhos. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**. v.25, n.3, p.647-660, 1996.

SANTIAGO, A.A. **A criação de caprinos**. São Paulo: Sec. Agric. Indust. Comérc. Est. São Paulo, 1944. 121p.

SANTOS, R. **O Berro**. Uberaba: Agropecuária Tropical, v.2, n.11, p.1-90, 1987.

SAS/STAT. **User's guide**. Versão 8.0. Cary: SAS Institut Inc., 1999.

SERRANO, G.M.; EGITO, A.A. do; McMANUS, C.; MARIANTE, A. da S. Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.6, p.543-549, 2004.

SILVEIRA NETO, S. Análise fenética. *In*: ALVES, S.B. (Ed.) **Controle microbiano de insetos**. São Paulo: Ed. Manole, 1986, p.384-407.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Jornal of Genetics**, v.41, n.2, p. 237-245, 1981.

SOKAL, R.A., ROHLF, F.J., The comparison of dendograms by objective methods. **Taxonomy**, v.11, p. 33-40, 1962.

SPRITZE, A.; EGITO, A.A. do; MARIANTE, A. da S. et al. Caracterização genética da raça bovina Crioulo Lageano por marcadores moleculares RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.10, p.1157-1164, 2003.

VIANA, C.F.A.; SILVA, M.A.; PIRES, A.V. et al. Estudo da divergência genética entre quatro linhagens de matrizes de frangos de corte utilizando técnicas de análise multivariada. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p. 1074-1081, 2000.

CAPÍTULO 3

Comparação de métodos multivariados na análise da diversidade genética entre populações caprinas com base em caracteres morfológicos

Resumo: Neste trabalho, objetivou-se avaliar as relações fenéticas existentes entre 21 diferentes populações (n=2938) caprinas no Brasil, África, Europa continental e ilhas mediterrâneas a partir das análises de caracteres morfológicos de herança genética conhecida, através da construção do dendrograma e de componentes principais (ACP). Foram utilizadas frequências alélicas em cada população para a presença ou ausência dos caracteres orelhas reduzidas, chifres, pêlos longos, brincos, barba, pelagem ruão, eumelanina marrom e padrão pigmentar eumelânico. As distâncias genéticas de Nei (1972) foram as menores entre as cabras Saanen e Marota (0,0014); e Boer e Azul (0,0069); as maiores distâncias entre as populações Sardenha e Nambi (0,5458). As SRD do Ceará e Piauí são similares entre si ($D=0,0532$). No dendrograma observou-se a divisão de dois grandes grupos (83% de *bootstrap*). O primeiro composto pelas raças européias leiteiras, ecótipos do Piauí (exceto Nambi que ficou excluído de ambos os ramos) e pela raça Boer. O segundo ramo foi formado pelas cabras SRD do Ceará e Piauí, pelos tipos locais marroquinos e pelas populações mediterrâneas a exceção de Sardenha e Malta. Na ACP, os cinco primeiros componentes principais foram selecionados, explicando 89,89% da variação total. A ACP reiterou alguns dos agrupamentos obtidos pelo método não ponderado por médias aritméticas, porém o dendrograma foi mais esclarecedor que a ACP. As técnicas multivariadas utilizadas foram úteis na observação do grau de relacionamento entre as populações. Os caracteres morfológicos permitiram agrupar populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos.

Palavras-chave: componentes principais, dendrograma, distância genética de Nei, frequências alélicas, recursos genéticos, traços fenotípicos

Introdução

Os primeiros caprinos foram introduzidos no Brasil pelos colonizadores portugueses. Hoje é difícil identificar com exatidão a origem dos animais domésticos brasileiros, bem como se desconhece toda a extensão de sua diversidade (Machado *et al.*, 2000).

A conservação dos recursos genéticos está relacionada à manutenção da variabilidade, sendo que a variabilidade inter-racial evita a extinção das raças e a variabilidade intra-racial, evita a erosão genética. Então, tanto a conservação quanto o melhoramento genético de animais domésticos dependem do número total de raças e da diversidade entre indivíduos de mesma raça.

As características ou caracteres, mesmo as morfológicas, são usadas como marcadores da diversidade entre populações e também entre indivíduos de uma mesma população. Os marcadores morfológicos são aqueles que expressam os genes para presença ou ausência traços corporais e apresentam como vantagens sua praticidade e baixo custo na coleta e processamento da informação (Machado, 2003).

As informações fornecidas pelos caracteres morfológicos podem ser de grande ajuda para complementar os estudos realizados nas diversas populações caprinas, graças aos avanços das técnicas estatísticas de análise multivariada assim como a aplicação dos métodos de taxonomia numérica (Sneath & Sokal, 1973). Como os caracteres morfológicos utilizados como marcadores são autossômicos e, geralmente, de herança simples, calcula-se as frequências alélicas com base no teorema de equilíbrio gênico de Hardy-Weinberg (Lauvergne, 1988; Machado *et al.*, 2000; Oliveira *et al.*, 2006).

As distâncias genéticas quantificam o grau de diferenciação entre dois grupos populacionais. Sob determinada ótica, podem ser consideradas como mecanismos para reduzir informação, uma vez que transformam todas as informações disponíveis sobre a relação entre duas populações em um único número (Weir, 1996).

A partir das frequências dos caracteres morfológicos, calcula-se uma matriz de distâncias genéticas que permite representações gráficas na forma de árvores também chamadas dendrogramas. O método da distância genética Nei é o único a ter um significado evolutivo sendo frequentemente escolhido nas análises. O método da distância genética desenvolvido por Nei (1972) é a distância entre os vetores de frequências alélicas x_i e y_i :

$$D = -\text{Log} \cos \theta, \text{ where } \theta = \arccos \left(\sum (x_i y_i)^{1/2} \right).$$

A técnica dos componentes principais permite simplificar o conjunto de dados e baseia-se apenas nas informações individuais de cada acesso.

Há necessidade de estudos de caracterização genética dos caprinos naturalizados por meio de marcadores genéticos, para conhecer a diversidade genética existente, visando direcionar melhor os escassos recursos disponíveis para conservação de germoplasma animal no Brasil.

A realização deste trabalho teve como objetivos avaliar as relações fenéticas existentes entre diferentes populações caprinas a partir das análises de caracteres morfológicos de herança genética conhecida, através da construção de dendrograma e da técnica de componentes principais.

Material e Métodos

Material

Os dados utilizados neste trabalho foram provenientes de 3828 fêmeas caprinas, de 21 populações acima de dois anos de idade de diferentes rebanhos no Brasil, Europa continental, Ilhas Mediterrâneas e Marrocos.

No Brasil foram amostradas cabras Sem Raça Definida ou SRD do Ceará (n=447), SRD do Piauí (n=54), ecótipos do Piauí (n=137), européias leiteiras (Alpina, n=133; Saanen, n=134 e Toggenbourg, n=60) e raças sintéticas euro-afro-asiáticas (Anglo-nubiana, n=83 e Boer, n=58).

Na África foram amostradas por Mohamed Chakir cabras marroquinas sendo 102 cabras locais do tipo Drâa no Centro de Pesquisas Caprinas e no

vilarejo de Sidi Flah, em Skoura; 34 cabras designadas por Zagora e localmente consideradas mestiças de Drâa, em Demnate, Ouarzazate, no Centro de Pesquisas Caprinas de Tahnaout e na região de Marrakech; 189 cabras Rhâali, em Zagora.

Na Europa continental foram amostradas por colaboradores de J.J. Lauvergne (INRA), cabras dos Bálcãs (Macedônia na Grécia e Sakhar na Bulgária, n=175), do sul da Itália (Calábria e Basilicato, n=429) e da França (Haute Roye, n=62). Das ilhas mediterrâneas, incluiu-se cabras da Córsega (n=104), Sicília (n=813), Sardenha (n=145) e Malta (n=445).

Para a caracterização fenotípica foram observadas a presença e ausência de características qualitativas de origem morfológicas (pêlo curto, orelha curta, presença ou ausência de chifres, barba, brinco, cor ruão, eumelanina marrom e do padrão pigmentar eumelânico) a partir das descrições de Lauvergne (1998) e Machado *et al.* (2000).

A ausência de escrituração zootécnica na maioria das propriedades pesquisadas no Piauí (Brasil) implicou na necessidade de avaliação da cronologia dentária, conforme descrito por Ribeiro (1998), para estimação da idade sendo que neste estudo foram só estudadas cabras em idade adulta, ou seja, acima de dois anos de idade.

Caracteres morfológicos estudados

A nomenclatura de *loci* tem sido estabelecida, em língua inglesa, por comitês internacionais de nomenclatura genética. As siglas para os *loci* usadas a seguir são aquelas preconizadas pelo Committee on Genetic Nomenclature of Sheep and Goats (Cognosag, 1986, 1989)

O *locus ear length* (EL) é definido pelo alelo mutante de dominância incompleta para orelhas reduzidas "R" e pelo alelo original "+" (Cognosac, 1986). O encurtamento que quase anula a orelha deve-se a condição homozigota para o alelo EL^R (Lauvergne *et al.*, 1988).

O caractere ausência de chifres deve-se à expressão de um locus autossômico de dominância completa. O *locus hornless* (Ho) possui o alelo

mutante para ausência de chifres "P" (dominante) e o alelo original ou primitivo, para presença de chifres, "+" (Cognosag, 1986).

Os brincos são devidos a um *locus* autossômico. O *locus wattles* (Wa) tem os alelos para presença de brincos "W" (dominante) com expressão variável e para ausência "+" (Lauvergne, 1988).

O pêlo longo é devido à presença de um *locus* autossômico. O *locus hair length* (HL) tem alelos para longos "L" de dominância incompleta e o alelo "+" (Lauvergne & Howell, 1978; Lauvergne, 1988).

A barba é determinada pelo *locus beard* (Br) cujo alelo para presença "b" é dominante nos machos e recessivo nas fêmeas (gene autossômico que se expressa segundo os hormônios sexuais) e o alelo para ausência de barba "+" (Cognosag, 1986). Para contornar esta diferença de expressão entre sexos, somente as fêmeas foram consideradas no cálculo das frequências alélicas.

A pelagem ruão se dá pela presença das cores branco, preto e vermelho na mesma pelagem, isto é devido a um *locus* autossômico. O *locus roan* (Rn) tem os alelos ruão "R" com dominância incompleta e o "+" (Queinnec & Queinnec, 1974; Cognosag, 1986).

A eumelanina marrom é uma modificação da eumelanina preta devido a um *locus* autossômico. Sua expressão dá tonalidade chocolate, fixada na raça de Toggenbourg, por exemplo. O *locus brown* (B) (marrom) tem os alelos marrom "b" supostamente recessivo, e o da tonalidade original negra, designado "+" (Berge, 1967; Cognosag, 1989).

O *locus Agouti* controla a distribuição sob padrões fixos herdáveis de distribuição da eumelanina (preta ou marrom) e da feomelanina (vermelha) no pêlo de mamíferos. Nos caprinos, o número total de alelos neste *locus* é desconhecido, mas sabe-se que o alelo que determina o padrão de pelagem completamente eumelânico, dito "a", é recessivo para os alelos que determinam os padrões de coloração das seguintes pelagens: toda vermelha; vermelha com riscas negras na face, na linha dorsal e no ventre, chamada 'selvagem'; vermelha com riscas negras na face, na linha dorsal e todo o ventre negro, chamada 'mascarada'; negra com manchas avermelhadas na face e nas extremidades dos

membros, chamada ‘eumelânica e marrom claro’ (Searle, 1968; Lauvergne, 1993). No *locus Agouti* (A) foi considerado o alelo eumelânico "a" e qualquer outro alelo diferente de "a", a exemplo de Machado *et al.* (2000).

Métodos estatísticos

As frequências gênicas foram determinadas a partir das frequências genotípicas supondo-se que a população estava em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Falconer, 1987). As distâncias genéticas de Nei (Nei, 1972) entre as populações foram geradas a partir de dados de frequências alélicas utilizando-se o pacote estatístico PHYLIP v. 3.68 (Felsenstein, 2008). As distâncias genéticas foram calculadas usando o programa GENDIST e foram utilizadas para a construção de “árvores” como fenogramas, projetados pelo método não ponderado por médias aritméticas (UPGMA) no programa NEIGHBOR. Para testar a confiabilidade dos fenogramas foram geradas 1000 matrizes das frequências alélicas no programa SEQBOOT as quais foram analisadas usando o programa GENEDIST. As 1000 árvores foram criadas a partir das matrizes através do programa NEIGHBOR e foi gerada uma árvore de consenso obtida pelo método do consenso da maioria (ou pela árvore consensual do critério da maioria) através da utilização do programa CONSENSE. Esses programas estão incorporados no pacote PHYLIP v. 3.68 (Felsenstein, 2008).

O método de análise de componentes principais (ACP) foi realizado com a finalidade de demonstrar a formação de grupos e a possibilidade de resumir o conjunto de variáveis originais em poucos componentes. Estas análises foram realizadas pelo programa GENES-versão 6.0 (Cruz, 2008).

Resultados e Discussão

As frequências alélicas para cada população (Tabela 1) foram usadas para obter as suas distâncias genéticas entre elas (Tabela 2) e as árvores taxonômicas (Figura 1) foram construídas posteriormente.

Tabela 1 - Frequências gênicas utilizadas no cálculo da distância de Nei (1972) das populações caprinas

População	Lócus, número de animais (N) e alelos								
	Wa	Ho	EL	Br	HL	Rn	B	A	
	N	(+)	(+)	(+)	b	(+)	(+)	b	a
Alpina	133	0,68	0,88	1,00	0,49	0,83	0,16	0,17	0,17
Boer	58	0,99	0,99	1,00	0,63	0,56	0,00	0,00	0,00
Anglo-nubiana	83	0,97	0,73	1,00	0,44	0,67	0,47	0,58	0,49
Toggenbourg	60	0,56	0,86	1,00	0,94	0,32	0,01	0,73	0,00
Saanen	134	0,93	0,96	1,00	0,82	0,79	0,00	0,00	0,00
Córsega	104	0,68	0,99	1,00	1,00	0,10	0,89	0,57	0,53
Haute Roya	62	0,79	0,85	0,98	0,88	0,77	0,99	0,00	0,74
Bálcãs	175	0,98	0,93	0,99	0,92	0,00	0,99	0,00	0,62
Sul da Itália	429	0,78	0,82	1,00	0,86	0,34	0,81	0,40	0,66
SRD Ceará	447	0,97	0,89	1,00	0,52	0,74	0,89	0,15	0,48
Sicília	813	0,71	0,79	0,97	0,85	0,01	0,87	0,18	0,56
Malta	445	0,66	0,44	0,99	0,46	0,56	0,75	0,51	0,62
Sardenha	145	0,80	0,02	1,00	0,00	0,35	0,75	0,31	0,39
Drâa	102	0,94	0,80	1,00	0,51	0,00	0,30	0,27	0,33
Rhâali	189	0,97	0,99	1,00	0,98	0,99	0,60	0,10	0,90
Zagora	34	0,92	0,75	1,00	0,49	0,96	0,17	0,18	0,69
Marota	32	0,85	1,00	1,00	0,81	0,82	0,00	0,00	0,00
Azul	48	0,91	0,96	0,86	0,66	0,50	0,00	0,14	0,00
Nambi	29	0,98	0,93	0,00	0,69	0,51	0,55	0,26	0,37
Canindé	28	0,98	0,98	0,81	0,57	0,62	0,81	0,63	0,19
SRD Piauí	54	0,99	0,84	1,00	0,53	0,49	0,42	0,27	0,47

Na Tabela 1, observa-se que para o *locus* Wa há predomínio do alelo Wa⁺ para as populações do Piauí (Azul, Nambi, Canindé e SRD do Piauí) e na SRD do Ceará. A presença de brincos foi baixa nas populações estudadas, e ocorreu em maior frequência nas raças leiteiras Toggenbourg e Alpina e nas insulares mediterrâneas de Malta e Sicília.

Observa-se o predomínio do alelo Ho⁺, exceto nas populações Malta e Sardenha. A característica mocho é associada a intersexualidade em caprinos devendo, nestes casos, a frequência do alelo Ho^P ser controlada pelo acasalamento com machos chifrudos. Os resultados demonstram frequências aproximadas para Ho⁺ de 0,89 e 0,84 entre as SRD do Ceará e Piauí respectivamente. Machado *et al.* (2000) observaram frequências para Ho⁺ de 0,89 a 0,94 para caprinos SRD de diferentes regiões do Ceará. O caractere presença de chifres é predominante nos caprinos naturalizados nordestinos Nambi e Azul e está presente na totalidade das cabras Marota.

Para o *locus* EL foi observada maior prevalência de populações com orelhas normais, ou seja, maiores frequências para o alelo EL⁺, exceto para a população Nambi. O alelo que determina orelhas curtas normalmente é raro, mas

no grupo genético Nambi, a característica marcante é justamente a presença do alelo EL^R. As orelhas reduzidas são, também, traço de identificação da raça caprina ‘LaMancha’; formada no Texas, EUA, a partir de cabras espanholas introduzidas através do México (Mason, 1988). A presença de orelhas reduzidas nas cabras brasileiras sem raça definida não deve ser atribuída, obrigatoriamente, como oriunda da raça LaMancha. As orelhas reduzidas também aparecem em populações caprinas da Ásia Central, da Europa e da África (Paredes, 1952; Audiot *et al.*, 1985; Cognosag, 1986; Lauvergne, 1988; Lauvergne, 1993).

Foi observada altas frequências dos alelos Br^b e HL⁺ na maioria das populações em estudo. As populações SRD tanto do Piauí quanto do Ceará obtiveram frequências de 0,53 e 0,52 para o alelo Br^b. Verificou-se predominância de pêlo curto nas populações européias leiteiras (Alpina e Saanen), nas populações marroquinas (exceto na Drâa), caprinos SRD do Ceará e do Piauí, e os ecótipos do Piauí (Azul, Nambi, Marota e Canindé).

A pelagem ruão foi observada em maior frequência nas populações Saanen, Boer, Marota e Azul, seguida de Toggenbourg, Alpina e Zagora. As menores frequências da pelagem ruão foram nas populações dos Bálcãs, Haute Roya, Córsega, Sicília, sul da Itália, Canindé, Malta e Sardenha. As cabras SRD do Ceará foram muito menos ruão que as SRD do Piauí.

No *locus Brown*, o alelo b apresenta-se em maior frequência na raça Toggenbourg, que caracteriza algumas de suas linhagens. Afora esta, o *brown* destaca-se nas populações Canindé, Anglo-nubiana e da Córsega.

No *locus Agouti* ocorre maior frequência do alelo ‘a’ nas populações Rhâali e Haute Roya. A propósito, Rhâali é a cabra negra do Marrocos (Hossaini-Hilari & Benlamlah, 1995), sendo, portanto, caracterizada fenotipicamente pelo alelo ‘A^a’.

Na Tabela 2, apresenta-se a matriz das distâncias genéticas de Nei (1972) entre as 21 populações, onde as menores distâncias genéticas de Nei (D) observadas foram aquelas entre as populações Saanen e Marota (D=0,0014); e Boer e Azul (D=0,0069). As maiores distâncias foram entre as populações

Sardenha e Nambi ($D=0,5458$). As populações SRD do Ceará e Piauí são similares entre si ($D=0,0532$).

Tabela 2- Matriz de distâncias genéticas para 21 populações caprinas, de acordo com Nei (1972).

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	
1	0,0000																				
2	0,0410	0,0000																			
3	0,0943	0,1517	0,0000																		
4	0,1495	0,1436	0,1952	0,0000																	
5	0,0356	0,0130	0,1668	0,1442	0,0000																
6	0,3148	0,3273	0,1834	0,2064	0,3465	0,0000															
7	0,2193	0,2903	0,1673	0,4506	0,2605	0,1495	0,0000														
8	0,3364	0,2872	0,2323	0,3847	0,3271	0,0675	0,0993	0,0000													
9	0,2175	0,2531	0,1003	0,2351	0,2617	0,0273	0,0640	0,0501	0,0000												
10	0,1306	0,1825	0,0720	0,3642	0,1877	0,1635	0,0432	0,1191	0,0756	0,0000											
11	0,2877	0,2779	0,1983	0,2785	0,3155	0,0378	0,1142	0,0186	0,0311	0,1320	0,0000										
12	0,1899	0,3116	0,0604	0,2962	0,3233	0,1578	0,1308	0,2010	0,0764	0,0935	0,1365	0,0000									
13	0,3284	0,4199	0,1947	0,5312	0,4959	0,4328	0,3723	0,3686	0,2980	0,2404	0,2932	0,1019	0,0000								
14	0,1510	0,1013	0,1171	0,1476	0,1646	0,1486	0,2746	0,1295	0,1222	0,175	0,1000	0,1753	0,2333	0,0000							
15	0,1816	0,2375	0,1436	0,3986	0,1936	0,2209	0,0445	0,1898	0,1100	0,0846	0,2177	0,1933	0,5284	0,2993	0,0000						
16	0,0637	0,1242	0,0692	0,2952	0,1119	0,3562	0,1619	0,3283	0,1945	0,1136	0,3136	0,1524	0,3172	0,2037	0,0828	0,0000					
17	0,0304	0,017	0,1745	0,1432	0,0014	0,3508	0,2606	0,3427	0,2683	0,1918	0,3249	0,3283	0,5177	0,1786	0,1945	0,1136	0,0000				
18	0,0453	0,0069	0,1474	0,1013	0,0206	0,2964	0,3134	0,2934	0,2427	0,2036	0,2664	0,3010	0,4243	0,0913	0,2608	0,1419	0,0243	0,0000			
19	0,2919	0,2689	0,2663	0,3898	0,2822	0,3152	0,2883	0,2851	0,2652	0,2408	0,2929	0,3556	0,5458	0,2761	0,2921	0,3102	0,2908	0,2212	0,0000		
20	0,1543	0,1911	0,0619	0,2132	0,2042	0,1279	0,1665	0,1924	0,1034	0,0678	0,1772	0,1315	0,3107	0,1654	0,1985	0,2068	0,2092	0,1736	0,1819	0,0000	
21	0,0699	0,0774	0,0291	0,1826	0,1021	0,1480	0,1251	0,1300	0,0732	0,0532	0,1190	0,0955	0,2213	0,0507	0,1148	0,0638	0,1105	0,0817	0,2167	0,0821	0,0000

1.Alpina, 2.Boer, 3.Anglo-nubiana, 4.Toggenbourg, 5.Saanen, 6.Córsega, 7.Haute Roya, 8. Bálcãs, 9.Sul da Itália, 10.SRD Ceará, 11.Sicília, 12.Malta, 13.Sardenha, 14.Drâa, 15.Rhâali, 16.Zagora, 17.Marota, 18.Azul, 19.Nambi, 20. Canindé, 21. SRD do Piauí.

No dendrograma (Figura 1) houve o surgimento de quatro ramos. Um composto exclusivamente de Nambi, outro de cabras da Sardenha e Malta. O terceiro ramo foi composto (83% de *bootstrap*) pelas raças exóticas leiteiras e os demais ecótipos do Piauí. O quarto ramo foi formado pelos demais tipos marroquinos e demais populações mediterrâneas. A grande diferença em relação às demais populações daquelas de Sardenha e Malta no *locus* 'Ho' e do tipo Nambi no *locus* 'EL' contribuíram para isolá-las das demais. Na separação dos dois grandes ramos as frequências nos *loci* 'Rn' e 'A' foram as que mais contribuíram.

Uniram-se em 88% das árvores, o grupo formado pelas populações Saanen e Marota. Elas têm em comum as frequências dos alelos nos *loci* 'Rn', 'A' e 'B'. Ainda que esta similaridade possa se dever ao acaso, o cruzamento de Saanen com Marota foi documentado. Mestiçagem dos tipos nativos com raças exóticas de padrão de pelagem equivalente ocorreu, além da Marota, com a Caniné (cruzada com Alpina Inglesa, a partir de 1985) (Machado & Machado, 2000; Machado, 2003).

Uniram-se, também, em 77% das árvores, Boer e Azul. Elas têm frequências similares para os alelos dos *loci* 'Wa', 'Ho', 'Br', 'HL', 'Rn' e 'A'. A Azul se caracteriza, sobretudo, pela presença de Rn^R, enquanto a raça Boer possui coloração branca devido a diluição proporcionada por este mesmo alelo.

Uniram-se, em 70% das árvores, Saanen, Marota, Boer e Azul. Elas têm basicamente em comum a coloração branca, proporcionada pela alta frequência do alelo Rn^R. Com isto, a leitura do *locus* 'A' se torna nula para elas.

Por último, em 59% das árvores, uniram-se as SRD do Ceará e Piauí, as cabras marroquinas Zagora e Rhâali, a Anglo-nubiana e a francesa de Haute Roy. Elas apresentam similaridade nas frequências dos alelos nos *loci* 'EL', 'Wa' (à exceção de Haute Roy) e 'B' (à exceção de Anglo-nubiana).

A estes agrupamentos de populações os mais similares não podem ser atribuídos relações de parentesco devido à falta de história em comum entre maior parte delas. Atribui-se, então, tal similaridade à homoplasia, isto é, não relacionada a um ancestral em comum, mas ao acaso.

A avaliação de marcadores moleculares, pelo seu maior número e polimorfismo, constituem metodologias a serem consideradas na complementação deste trabalho.

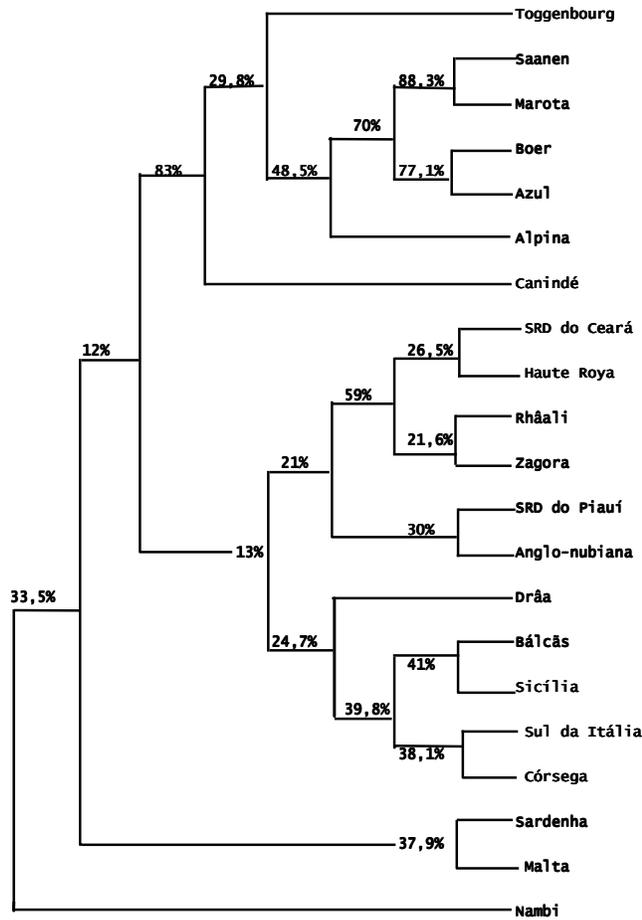


Figura 1 - Árvore consensual projetada com base em oito loci de marcadores morfológicos e no método UPGMA com 21 populações caprinas. Os números nos nós são as porcentagens de 1000 repetições (*bootstraps*)

Na Tabela 3, apresenta-se o número de componentes principais, autovalores e variâncias respectivas. Estabeleceu-se como critério que o número de variáveis candidatas a exclusão deve ser igual ao de componentes cuja variância (autovalor) é inferior a 0,7, conforme recomendações de Jolliffe (1973). Observou-se que dos oito componentes principais, três (37,5%) apresentaram variância inferior a 0,7 (autovalor inferior a 0,7) podendo ser desprezados. Assim, os cinco primeiros componentes principais foram selecionados, explicando 89,89 % da variação total.

Tabela 3 - Componentes Principais (CP), autovalores (λ_i) e porcentagem da variância explicada pelos componentes (%VCP) das características mensuradas

CP	λ_i	%VCP	%VCP (acumulada)
1	2,1832	27,2896	27,2896
2	1,6678	20,8479	48,1375
3	1,4716	18,3951	66,5325
4	1,1174	13,9676	80,5001
5	0,7511	9,3888	89,8889
6	0,5223	6,5284	96,4174
7	0,2083	2,6037	99,0211
8	0,0783	0,9789	100,0000

No presente estudo, os três caracteres sugeridos para descarte por apresentaram maiores coeficientes em valor absoluto a partir do último componente principal, são, respectivamente, em ordem de menor importância para explicar a variação total, os *loci Hornless* (Ho), *Roan* (Rn) e *Brown* (B). Comparados tais *loci* àqueles empregados na discussão do dendrograma, o Rn e B apresentaram uma grande importância, em discordância ao presente resultado. Portanto, estes *loci* não devem ser descartados em futuros estudos.

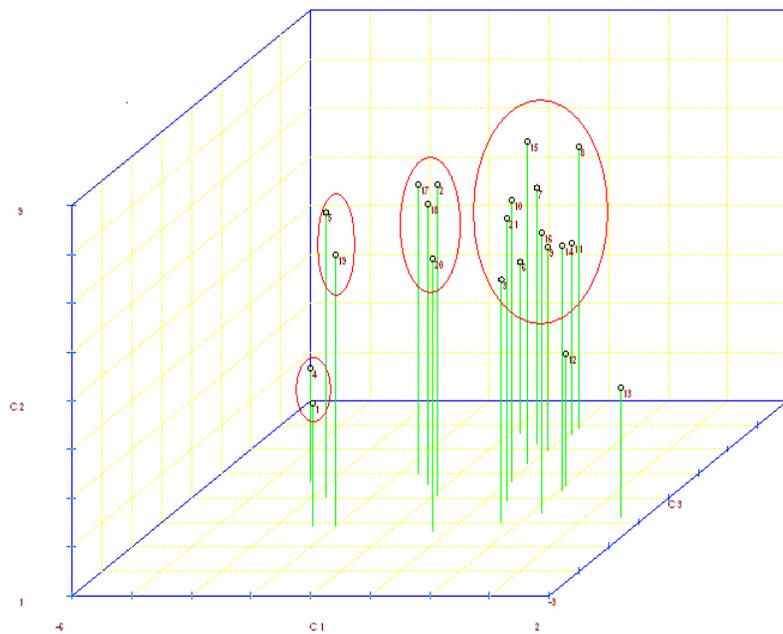
Na Figura 2, representa-se de forma gráfica a distribuição das populações, com dispersão que pode ter sido gerada pela heterogeneidade intra-populações. Um dos agrupamentos dos componentes 1, 2 e 3 inclui as populações 15, 8, 7, 10, 21, 16, 9, 14, 11, 6 e 3 (Rhâali, Balcãs, Haute Roya, SRD do Ceará, SRD do Piauí, Zagora, Sul da Itália, Drâa, Sicília, Córsega e Anglo-nubiana). Este grande grupo corresponde exatamente a um dos grandes ramos da Figura 1 (UPGMA).

Ainda na Figura 2, dos agrupamentos dos componentes 1, 2 e 3, além da formação do grande grupo mencionado acima, formaram outros três agrupamentos. O primeiro formado por 1 e 4 (Alpina e Toggenbourg). O segundo formado por 5 e 19 (Saanen e Nambi). O terceiro constituído de 17, 2, 18 e 20 (Marota, Boer, Azul e Canindé). Considerados estes três últimos agrupamentos em conjunto e excluindo a presença de Nambi, correspondem a outro dos grandes ramos da Figura 1. Este grande conjunto passa a ter o mérito de incluir Nambi entre as demais populações brasileiras. Enquanto subgrupos independentes, não há como discuti-los.

Ficaram a parte dos agrupamentos C1, C2 e C3 (Figura 2) as populações 12 e 13 (Malta e Sardenha), que também ficaram a parte na Figura 1.

Para os componentes 1 e 2, (Figura 2-parte inferior) há maior dispersão das populações que quando considerados os componentes 1, 2 e 3, dificultando a discussão dos resultados.

Conclui-se que os caracteres morfológicos permitiram agrupar populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos. A ACP reiterou alguns dos agrupamentos obtidos com o UPGMA. O dendrograma foi mais esclarecedor e permitiu uma discussão mais pertinente que as representações gráficas da distribuição das populações através da ACP para os agrupamentos formados para este conjunto de dados morfológicos.



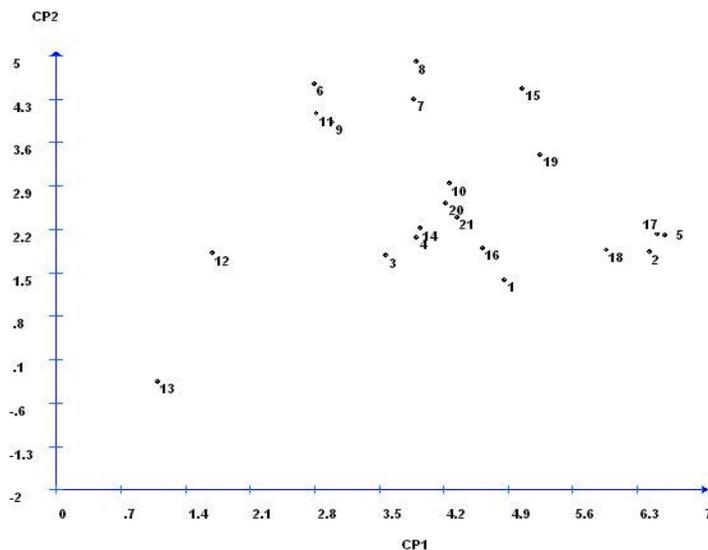


Figura 2 - Distribuição das populações em função dos componentes 1, 2 e 3; e 1 e 2.

Legenda: 1.Alpina, 2.Boer, 3.Anglo-nubiana, 4.Toggenbourg, 5.Saanen, 6.Córsega, 7.Haute Roya, 8. Bálcãs, 9.Sul da Itália, 10.SRD Ceará, 11.Sicília, 12.Malta, 13.Sardenha, 14.Drâa, 15.Rhâali, 16.Zagora, 17.Marota, 18.Azul, 19.Nambi, 20. Canindé, 21. SRD do Piauí

Conclusões e Sugestões

As técnicas multivariadas utilizadas foram úteis na observação do grau de relacionamento entre as populações. Os caracteres morfológicos permitiram agrupar populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos.

Para se obter maior confiabilidade (*bootstrapping*) com os marcadores morfológicos é necessário aumentar o número de caracteres examinados. Para isto, sugere-se que estudos futuros incluam os *loci Spotting* que determina a presença de malhas aleatórias na pelagem e *Frosting* que determina a presença de pequenas malhas ou chitas no focinho e orelhas. Em análise binária, poder-se-ia considerar o perfil facial ou convexidade do chanfro, o formato dos cornos e a coloração da pele.

Faz-se necessário trabalhar com marcadores outros que os morfológicos, incluindo técnicas que permitam avaliar uma possível homologia entre as populações consideradas.

Referências Bibliográficas

- AUDIOT, A. La variant 'oreilles raccourcies' de la chèvre provençale. **Recueil de Médecine Vétérinaire**, v.161, p.683-684, 1985.
- BERGE, S. À propos de la couleur des chèvres. **Rev. Elev**, v. 22, p.111-113, 117-124, 1967.
- COGNOSAG (Committee on Genetic Nomenclature of Sheep and Goats). **Nomenclature génétique standardisée des ovins et des caprins**. Paris: Tec & Doc, 1986. 112p.
- COGNOSAG (Committee on Genetic Nomenclature of Sheep and Goats). **Loci pour la couleur de la robe des ovins et des caprins**. Paris: Tec & Doc, 1989. 184p.
- CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. revisada, v.2, Viçosa: UFV, 2006. 585 p.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética**. Viçosa: UFV, versão 6.0, 2008.
- FALCONER, D.S. Constituição genética das populações. **In : Introdução a Genética Quantitativa**. 2 ed. Viçosa: UFV, 1987. p. 5-8
- FELSENSTEIN, J. P. **Phylogeny Inference Package**. Seattle: University of Washington, version 3.68, 2008.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data - **Applied Statistics**, v.22, p.21-31, 1973.
- HOSSAINI-HILARI, J.; BENLAMLIH, S. La chèvre marocaine. Capacités d'adaptation aux conditions arides. **Animal Genetic Resources Information**, UNEP/FAO, n.15, p.51-56, 1995.
- LAUVERGNE, J.J.; HOWELL, W.E. Un premier inventaire de la chèvre Corse (gènes à effets visibles). **Ethnozootechnie**, v.22, p.86-92, 1978.
- LAUVERGNE, J.J. **Populations traditionnelles et premières races standardisées d'Ovicaprinæ dans le Bassin Méditerranéen**. Paris: INRA, 1988. 298p. (Colloques de l'INRA, 47).
- LAUVERGNE, J.J. Breed development and breed differentiation. *In* :SIMON, D. and BUCHENAUER, D. Data collection, conservation and use of farm animal genetics resources. CEC WORKSHOP AND TRAINING COURSE, 1992,

Hannover. **Proceedings...**Hannover: School of Veterinary Science, p. 53-64, 1993.

LIBERATO, J.R.; VALE, F.X.R.; CRUZ, C.D. Técnicas estatísticas de análise multivariada e a necessidade de o fitopatologista conhecê-las. **Fitopatologia Brasileira**, v.24, p.5-8, 1999.

MACHADO, T. M. M. Le peuplement des animaux de ferme et l'élevage de la chèvre au Brésil avec une étude du polymorphisme visible de la chèvre du Ceará. PhD Thesis, University of Paris XI, Paris, 1995.

MACHADO, T.M.M.; MACHADO, M.M.M. The geographic localization of Brazilian attempts to form synthetic goat breeds. In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., Brasília, 2000. **Proceedings...** Brasília: EMBRAPA and RBI Brazil, 2000. CD ROM.

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 region (Europe and Africa). **Genetics and Molecular Biology**, v.23, n.1, p.121-125, 2000.

MACHADO, T.M.M. Marcadores genéticos na conservação e no melhoramento de caprinos. In: CONGRESSO PERNAMBUCANO DE MEDICINA VETERINÁRIA, 5; SEMINÁRIO NORDESTINO DE CAPRINO-OVINOCULTURA, 6. Recife, 2003. **Anais...** Recife: SPEMVE, 2003. 417p. p.226-231.

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

NEI, M. Genetic distance between populations. **The American Naturalist**, v.106, p.283-292, 1972.

OLIVEIRA, J.C.V. DE; ROCHA, L.L. da, RIBEIRO, M.N et al. Caracterização e perfil genético visível de caprinos Nativos no estado de Pernambuco. **Archivos de Zootecnia**, v. 55, n.209, p. 63-73, 2006.

PAREDES, R.J. Tipos de oreja y su herencia en la cabra. **Archivos de Zootecnia**, v.1, n.1, p.24-39, 1952.

QUEINNEC, B.; QUEINNEC, G. Support génétique de la robe des ovins et des caprins. **Rev. Med. Vet**, v.125, p.1027-1030, 1974.

REGAZZI, A. J. **Análise multivariada**. Universidade Federal de Viçosa, 2007. (Notas de aula - EST 746).

RIBEIRO, S.D. **Caprinocultura**: criação racional de caprinos. São Paulo: Nobel, 1998. 319p.

SEARLE, A.G. **Comparative genetics of coat color in mammals**. London: Logos Press, 1968. 308p.

SNEATH, P.H.A; SOKAL, R.R. **Numerical Taxonomy**. San Francisco: Freeman, 1973. 573p.

WEIR, G.S. **Genetic Data Analysis II**. 2. ed. Sunderland: Sinauer Associates Inc. 1996. 445p.

CONCLUSÕES FINAIS E CONSIDERAÇÕES GERAIS

Os marcadores morfométricos podem ser utilizados para diferenciar as populações caprinas.

Os caracteres morfológicos de herança genética conhecida permitiram agrupar populações mais por suas similaridades fenotípicas que por seus históricos.

O conjunto de dados morfométricos requerem ser testados quanto a consistência, medidas de distância e métodos de agrupamentos os mais indicados em cada caso.

A análise de componentes principais (ACP) mostrou-se adequada para dados biométricos porque foi útil na exclusão de variáveis biométricas, bem como contribuiu para demonstrar a variabilidade intra-população. Através da ACP pode-se visualizar, por exemplo, que o tipo Azul apresenta a menor padronização dentre as populações consideradas.

A distância Euclidiana média padronizada mostrou-se melhor que a Distância de Mahalanobis para os dados biométricos.

O método de agrupamento UPGMA utilizando a distância de Nei mostrou-se mais adequado que a ACP para dados morfológicos.

As análises de divergência permitiram identificar similaridades/dissimilaridades que interessam na manutenção de populações como entidades independentes, e também, no manejo de cruzamentos.