

Aracaju, SE / Dezembro, 2024



Impactos da seleção da genética *FecG^E* em rebanhos ovinos

Hymerson Costa Azevedo⁽¹⁾, Rafael Adriano Trentim⁽²⁾, Flávio Cristiano Marques Melo⁽³⁾, Fabrício Fini Rosales⁽⁴⁾, José Eduardo Matos⁽⁵⁾, Evandro Neves Muniz⁽¹⁾, Tânia Valeska Medeiros Dantas⁽¹⁾, Amaury Apolonio de Oliveira⁽¹⁾, Julio Constantino Jeri Molina⁽⁶⁾, Barbara Lydiê Silva Campos⁽⁷⁾, Danielle Assis de Faria⁽⁸⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽⁹⁾

⁽¹⁾ Pesquisador, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE. ⁽²⁾ Economista, Instituto Via Agronegócio, Osvaldo Cruz, SP. ⁽³⁾ Médico Veterinário, Instituto Via Agronegócio, Osvaldo Cruz, SP. ⁽⁴⁾ Zootecnista, Instituto Via Agronegócio, Osvaldo Cruz, SP. ⁽⁵⁾ Zootecnista, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE. ⁽⁶⁾ Veterinário, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE. ⁽⁷⁾ Veterinária, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE. ⁽⁸⁾ Zootecnista, Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal, Brasília, DF. ⁽⁹⁾ Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

Resumo – O estudo, realizado entre 2021 e 2023, avaliou o impacto da seleção genética *FecG^E* em ovinos Santa Inês de diferentes rebanhos da Embrapa Tabuleiros Costeiros (R1) e seis rebanhos comerciais (R2 a R7). A metodologia envolveu a coleta de amostras de sangue para genotipagem e identificação da mutação *FecG^E*, seguida da seleção e multiplicação dos animais portadores. O trabalho mensurou o incremento da genética *FecG^E* pelo número de animais mutantes e pela frequência do alelo E (*FG^E*), e o desempenho produtivo, pela prolificidade e pela produção de cordeiros por ovelha ao parto (PCP) durante o período do trabalho. Houve um aumento da disponibilidade de animais mutantes em todos os rebanhos durante o trabalho. No R1 a *FG^E* permaneceu estável de forma proposital e foram observados aumentos da prolificidade (29,27%) que alcançou o valor de 2,12 e do PCP (11,70%). Nos rebanhos R2 e R6 houve aumento da *FG^E* (4,14% e 24,84%), prolificidade (15,70% e 47,45%) alcançando 1,4 e 1,74 e PCP (15,23% e 32,17%), respectivamente. Conclui-se que a seleção da genética *FecG^E* incrementa a disponibilidade de animais mutantes, elevando a prolificidade e a produção de cordeiros com considerável potencial para aumentar a produtividade e a produção da ovinocultura.

Termos para indexação: Alelo, eficiência reprodutiva, frequência gênica, GDF-9, mutação, *Ovis Aires*, prolificidade.

Impacts of *FecG^E* genetic selection on sheep herds

Abstract – The study, conducted between 2021 and 2023, evaluated the impact of *FecG^E* genetic selection in Santa Inês sheep across different herds of Embrapa Coastal Tablelands (H1) and six commercial herds (H2 to H7). The methodology included collecting blood samples for genotyping and *FecG^E* mutation identification, followed by the selection and multiplication of mutant animals. The study measured the increase in *FecG^E* genetics

Embrapa Tabuleiros Costeiros

Av. Gov. Paulo Barreto de Menezes, nº 3250
CEP 49025-040, Aracaju, SE
<https://www.embrapa.br/tabuleiros-costeiros>
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Amaury da Silva dos Santos

Secretária-executiva

Aline Gonçalves Moura

Membros

Aldomario Santo Negrissoli Junior,

Marcos Aurélio Santos da Silva,

Fabio Enrique Torresan, Ana

Veruska Cruz da Silva Muniz,

Viviane Talamini, Amaury Apolonio

de Oliveira, Joézio Luiz dos Anjos,

Altiene Moura Lemos Pereira e

Josué Francisco da Silva Júnior

Edição executiva e diagramação

Aline Gonçalves Moura

Revisão de texto e normalização

bibliográfica

Josete Cunha Melo (CRB-5/1383)

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Publicação digital: PDF

Todos os direitos reservados à Embrapa.

by assessing the number of mutant animals and the E allele frequency ($^E F$), as well as productive performance indicators such as prolificacy and total lamb birth weight per ewe at lambing (LBW) throughout the study period. An increase in the availability of mutant animals was observed across all herds during the study. In H1, $^E F$ deliberately kept stable, while prolificacy increased by 29.27%, reaching 2.12, and LBW also increased by 11.70%. In herds H2 and H6, there were increases in $^E F$ (4.14% and 24.84%), prolificacy (15.70% and 47.45%) reaching 1.4 and 1.74, and LBW (15.23% and 32.17%), respectively. The results indicate that *FecG^E* genetics selection enhances the availability of mutant animals, improving prolificacy and lamb production with considerable potential to increase productivity and efficiency in sheep farming.

Index Terms: Allele, GDF-9, gene frequency, mutation, *Ovis Aires*, prolificacy, reproductive efficiency.

Introdução

Boa parte da demanda atual e potencial por carne ovina no Brasil não é suprida devido à baixa produtividade e produção dos rebanhos, especialmente daqueles localizados na região Nordeste, detentora do maior efetivo desta espécie no país (IBGE, 2022). Na tentativa de reverter este cenário, esforços concentrados no fomento ao melhoramento genético, como preconiza a política nacional para a ovinocaprinocultura, podem permitir avanços produtivos por promover mudanças nos genótipos ovinos existentes no país (Brasil, 2019). Assim, para que a ovinocultura brasileira possa se desenvolver, são necessárias ações de seleção e multiplicação de genótipos apropriados aos diversos sistemas de produção encontrados no Brasil (Lôbo et al., 2017).

O emprego de técnicas de genética molecular em ovinos para identificação de genes cuja função biológica está associada a características de interesse econômico na pecuária tem permitido a

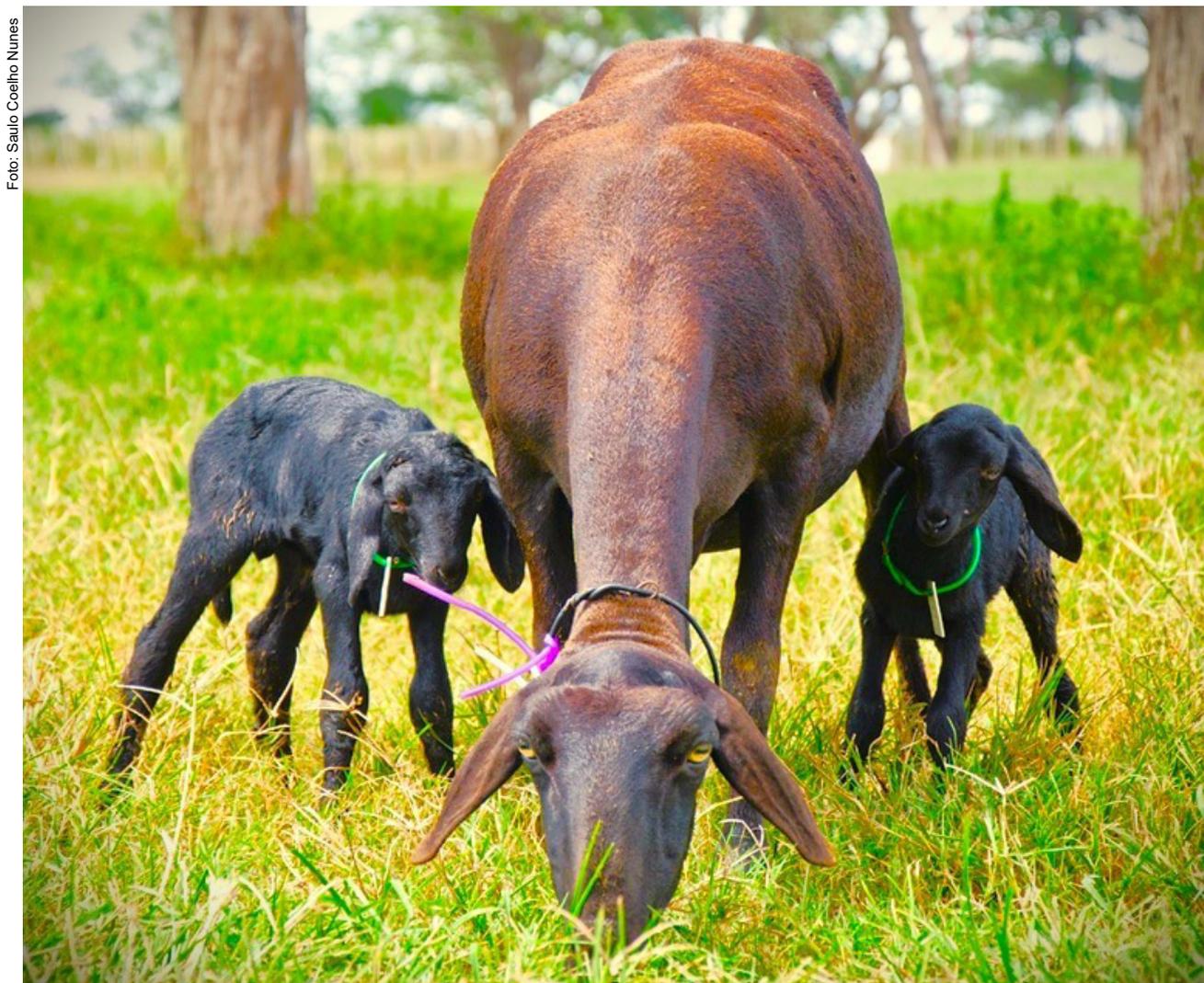


Foto: Saulo Coelho Nunes

Figura 1. Ovelha prolífica portadora da genética *FecG^E* e seus cordeiros nascidos de parto gemelar.

seleção de indivíduos melhorados para acasalamento e multiplicação com repercussão positiva nos índices de produtividade e produção. A seleção assistida por marcadores genéticos relacionados à prolificidade surgiu nos últimos anos como uma ferramenta poderosa de aumento de eficiência produtiva já que esta é uma das características que mais impactam a produção de ovinos por aumentar a produção de cordeiros e, conseqüentemente, de carne (Santos et al., 2010; Silva et al., 2011; Moraes; Souza, 2014; Azevedo et al., 2015; Moraes; Souza, 2018; Moraes et al., 2020; Azevedo et al., 2024; Senes et al., 2024).

Exemplos de marcadores com grande potencial para uso na seleção de ovinos prolíficos têm sido aqueles relacionados a polimorfismos de genes que determinam a taxa de ovulação, a exemplo da mutação *FecG^E* do gene GDF-9 (growth differentiation factor 9) descoberta pela Embrapa pela primeira vez no mundo em ovinos Santa Inês. Ovelhas Santa Inês homocigotas para a mutação *FecG^E* apresentaram taxa de ovulação 82% maior e produziram 58% a mais de cordeiros ao parto que aquelas sem a mutação (Silva et al., 2011). Diante dos seus efeitos e seu potencial para aumentar a produtividade e produção de ovinos, a genética *FecG^E*, como tem sido denominada a mutação, pode ser considerada uma das mais importantes ferramentas de melhoria e desenvolvimento da ovinocultura brasileira dos tempos atuais. Esta importância é ainda maior se considerarmos que a genética *FecG^E* está naturalmente presente no Santa Inês que é a raça ovina mais numerosa, que mais cresce e que está mais espalhada pelo Brasil em decorrência da sua boa adaptabilidade e bom desempenho em ambientes tropicais e subtropicais (Azevedo et al., 2015).

A genética *FecG^E* também tem sido encontrada naturalmente em outras raças de pelo que estão presentes no território brasileiro a exemplo da Morada Nova (Lacerda et al., 2016) e em outras raças como a Pelibuey e seus cruzamentos (Pérez-Ruiz et al., 2020; Muñoz-García et al., 2021; Miranda-Carrasco et al., 2023) e em ovinos sem raça definida de outros países (Sae-Foo et al., 2024). Mas também é possível introduzir esta genética através do processo de introgressão gênica, usando-se, em várias gerações sucessivas, cruzamentos absorventes com reprodutores e matrizes mutantes de raças portadoras como a Santa Inês assim como é feito para o gene Booroola (Sagar et al., 2017).

A partir da sua descoberta e da confirmação dos seus efeitos, a Embrapa Tabuleiros Costeiros realizou um trabalho de seleção assistida pelo marcador

genético *FecG^E* segregando animais portadores deste alelo e formando uma coleção biológica de animais mutantes dentro do rebanho do seu Núcleo de Conservação In Situ de Ovinos Santa Inês. Projetos foram desenvolvidos para continuar o processo de identificação, seleção e multiplicação de animais mutantes no rebanho da Embrapa, a fim de gerar mais informações sobre seu impacto, aumentar a sua disponibilidade e desenvolver manejos específicos para estes animais. Além disso, foi firmada parceria entre a Embrapa Tabuleiros Costeiros e o Instituto Via Agronegócio para validar a genética *FecG^E* em ambiente privado e que contou com o envolvimento de produtores de ovinos espalhados pelo Brasil.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto da seleção da genética *FecG^E* sobre a produção de ovinos Santa Inês em rebanhos monitorados pela Embrapa.

Por conta de seu apelo para elevação da autonomia na produção de carne e por ser uma tecnologia relativamente acessível e com elevado potencial de adoção por pequenos e grandes criadores, a publicação alinha-se aos ODS 2 (Metas 2.3 e 2.4) e 15 (Meta 15.6).

Material e Métodos

Locais, período e rebanhos utilizados no trabalho

As atividades deste trabalho compreenderam o período entre os anos de 2021 e 2023 sendo utilizados os dados dos ovinos Santa Inês do rebanho da Embrapa Tabuleiros Costeiros (R1) e de seis rebanhos comerciais (R2 a R7) espalhados em quatro regiões brasileiras. O R1 localiza-se no Campo Experimental Pedro Arle (CEPA), no município de Frei Paulo (Longitude: 37° 38' 30,41" Oeste, Latitude: 10° 36' 12,63" Sul), estado de Sergipe região Nordeste (NE). Os rebanhos comerciais localizam-se na região Sul (S) nos municípios de Iomerê e Ipuimirim, estado de Santa Catarina (R2, R3 e R5), na região sudeste (SE) no município de Aracruz estado de Espírito Santo (R4), na região NE no município de Graccho Cardoso em Sergipe (R6), e na região Centro-Oeste no município de Diamantino no estado do Mato Grosso (R7). Além de estarem em diferentes localidades, os rebanhos analisados neste trabalho variaram em outros aspectos e suas características básicas estão expostas na Tabela 1.

Tabela 1. Caracterização básica de todos os rebanhos comerciais de ovinos R1, R2 e R6.

Rebanho	Caracterização básica dos rebanhos			
	Porte	Base	Sistema	Finalidade
R1	Médio	Experimental	Semi-intensivo	Pesquisa e desenvolvimento
R2	Pequeno	Empresarial	Intensivo	Produção de carne e venda de animais para reprodução
R3	Pequeno	Familiar	Intensivo	Produção de carne e venda de animais para reprodução
R4	Pequeno	Familiar	Intensivo	Produção de carne e venda de animais para reprodução
R5	Pequeno	Familiar	Intensivo	Produção de carne
R6	Pequeno	Familiar	Semi-intensivo	Produção de carne e venda de animais para reprodução
R7	Médio	Empresarial	Semi-intensivo	Produção de carne

Para este trabalho foi possível realizar análises mais aprofundadas nos rebanhos R1, R2 e R6 que, durante o período do trabalho, foram capazes de

gerar maior volume e mais completo conjunto de informações. A caracterização destes rebanhos está detalhada na Tabela 2.

Tabela 2. Caracterização detalhada dos rebanhos comerciais de ovinos R1, R2 e R6.

	Rebanho		
	R1	R2	R6
Manejo Geral	- Rebanho mantido no pasto durante o dia e em estábulos para pernoitar.	- Rebanho mantido durante o dia inteiro em estábulos com acesso a piquetes como solário.	- Rebanho mantido no pasto durante o dia e em estábulos para pernoitar.
Manejo alimentar das ovelhas	- Pastagem em áreas com espécies do gênero <i>Digitaria decumbens</i> L (pangola), <i>Cynodon nlemfuensis</i> (estrela), <i>Cenchrus ciliaris</i> (buffel) e <i>Panicum maximum</i> das cultivares Aruana e Green-panic. - Suplementação na época seca de volumoso durante pernoite de silagem de milho e concentrado à base de grãos de milho e soja moídos e misturados com calcário. - Suplementação na gestação: 1/3 inicial com 300g e 1/3 final com 300 a 500 g de concentrado como descrito. - Sal mineral comercial <i>ad libitum</i> .	- Silagem de aveia, trigo, sorgo e milho. - Suplementação com milho moído, farelo e casca de soja, ureia, óleo de algodão e núcleo mineral.	- Pastagem em áreas com espécies do gênero <i>Panicum</i> e áreas de capoeira, com espécies espontâneas do gênero <i>Senna</i> (mata-pasto), <i>Ziziphus</i> (juazeiro), <i>Turnera</i> (relógio amarelo), <i>Prosopis</i> (algaroba) e <i>Ipomoea</i> (jitiranas). - Suplementação no 1/3 final de gestação com milho em grão. - Sal mineral comercial <i>ad libitum</i> .
Pressão de seleção	- Identificação e multiplicação de animais mutantes do próprio rebanho. - Envolvimento de parte e não da totalidade do rebanho no processo de seleção e multiplicação da genética <i>FecG^F</i> para preservar a diversidade genética da raça Santa Inês, missão do Núcleo de conservação da Embrapa.	- Identificação e multiplicação de animais mutantes do próprio rebanho. - Uso de sêmen de carneiros <i>FecG^{EE}</i> da Embrapa em IATF. - Envolvimento de parte e não da totalidade do rebanho no processo de seleção e multiplicação da genética <i>FecG^E</i> .	- Identificação e multiplicação de animais mutantes do próprio rebanho. - Uso exclusivo e sucessivo de carneiros <i>FecG^{EE}</i> da Embrapa em estações de acasalamento. - Manutenção apenas de animais com a genética <i>FecG^F</i> com descarte dos animais não mutantes do rebanho.

Identificação da genética *FecG^E*

Amostras de sangue dos animais dos rebanhos foram colhidas a partir de punção da veia jugular por meio de agulhas acopladas a tubos à vácuo contendo anticoagulante (EDTA). As amostras foram enviadas pelo correio sob refrigeração ou congelamento para os laboratórios da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e Embrapa Tabuleiros Costeiros. O DNA genômico dos animais foi extraído de leucócitos a partir do protocolo modificado de Miller et al. (1988).

A mutação *FecG^E* foi genotipada por sequenciamento direto pela metodologia de Sanger a partir de fragmentos amplificados por PCR. Foram utilizados dois pares de primers: um par para amplificar um fragmento maior de ~900pb (5'-GAGAAAAGGG-CAGAAAGC-3' e 5'-ACGACAGGTACACTTAGT-3; Silva et al., 2011) e um par interno para amplificar um fragmento menor de ~400 pb (5'-CCTCCACCC-TAAAAGGAAGC-3' e 5'-GGTCTTGGCACTGAGGAGTC-3'). As reações de PCR foram realizadas com temperatura de anelamento de 60 °C por 30 ciclos, em um volume final de 10 µL contendo 6 ng de DNA genômico, 1X. QUIAGEN Multiplex PCR Master Mix Mix (Qiagen Inc., Valencia, CA, EUA), 0,5x Q-Solution, 0,1 µM de cada primer e água livre de RNase para completar o volume final da reação. Os produtos de PCR foram purificados com um kit de enzimas EXOSAP-IT e utilizados para sequenciamento, seguindo as instruções do fabricante BigDyeterminator v. 3 (Applied Biosystems). A eletroforese capilar foi realizada em um sequenciador automático ABI3100 (ABI Prism® 3100 Applied Biosystems) e os eletroferogramas foram analisados pelo software SeqScape v 2.5 (Applied Biosystems). Através da análise, os animais foram classificados entre os seguintes genótipos: *FecG^{EE}* = homozigoto mutante;

FecG^{EW} = heterozigoto mutante; *FecG^{ww}* = selvagem não mutante.

As análises das amostras de 2021 e 2022 foram feitas na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. A partir de 2023, a extração de DNA começou a ser feita na Embrapa Tabuleiros Costeiros e as reações de sequenciamento foram terceirizadas para empresa ACTGene Análises Moleculares. Um resumo de todo fluxo de análise pode também ser acessado em Lacerda et al. (2016).

Multiplicação da genética *FecG^E*

À medida que eram identificados carneiros e ovelhas mutantes nos rebanhos, eles eram utilizados na reprodução, seguindo a pressão de seleção escolhida por cada responsável pelo rebanho. Para acelerar a multiplicação da genética *FecG^E* nos rebanhos privados, foram feitos empréstimos de quatro carneiros *FecG^{EE}* da Embrapa (R1) a fim de serem usados em estações de acasalamento no R6 e R7. Também com este propósito foram doadas 760 doses de sêmen congelado de carneiros *FecG^{EE}* do banco genético da Embrapa destinadas às inseminações artificiais em tempo fixo (IALP) no R2, R3 e R7.

Geração e análise dos dados

As informações obtidas dos rebanhos geraram dois grupos de parâmetros, um grupo relacionado ao incremento da disponibilidade da genética *FecG^E* composto pelo número de animais *FecG^{EW}* e *FecG^{EE}* e a frequência gênica do alelo E (*FG^E*) e, outro relacionado ao desempenho produtivo composto pela prolificidade e pela média do peso total de cordeiros produzido por ovelha ao parto (PCP). A frequência alélica e o PCP foram calculados seguindo as seguintes fórmulas abaixo:

$$FG^E = \frac{(2 \times \text{Número de indivíduos } FecG^{EE}) + (\text{Número de indivíduos } FecG^{EW})}{2 \times \text{Número total de indivíduos}}$$

$$PCP = \frac{\text{Peso total de cordeiros produzidos ao parto}}{\text{Número de ovelhas paridas}}$$

Para análise dos dados, foram considerados dois momentos, o início e o final do processo de seleção e multiplicação da genética *FecG^E* dentro de cada rebanho. Desta forma, houve uma padronização dos dados dos rebanhos que foram submetidos e encerraram este processo em momentos diferentes.

Os dados de todos os rebanhos foram utilizados para gerar os resultados do incremento da disponibilidade de animais *FecG^E* tanto na Embrapa como em rebanhos comerciais em consequência do processo de seleção e multiplicação desta genética. Dados do R1, R2 e R6 que possuíam pelo menos duas genotipagens subsidiaram a análise da evolução da *FG^E*, da prolificidade e do peso total de cordeiros por ovelha ao parto durante o período do trabalho, sendo comparados de forma descritiva, considerando as diferenças entre os rebanhos (Tabelas 1 e 2).

Resultados e Discussão

Rebanho da Embrapa

Amostras de sangue de 47 animais do rebanho da Embrapa (R1) foram colhidas para genotipagem. Houve um incremento no número de ovelhas e carneiros portadores da mutação *FecG^E* ao longo do processo de seleção e multiplicação. O número de ovinos com a genética *FecG^E* aumentou no R1 de 40 carneiros e 66 ovelhas *FecG^{EE}* e 10 carneiros e 38 ovelhas *FecG^{EW}* para 46 carneiros e 73 ovelhas *FecG^{EE}* e 21 carneiros e 48 ovelhas *FecG^{EW}*. Apesar disso, a frequência gênica do alelo E (*FG^E*) se manteve estável no período do trabalho (Tabela 3). A prolificidade média do R1 aumentou 29,27% entre os anos de 2021 e 2023 de seleção e multiplicação da genética *FecG^E* assim como a PCP que aumentou 11,70% (Tabela 3).

Tabela 3. Evolução dos parâmetros relacionados à seleção e multiplicação da genética *FecG^E* no rebanho ovino Santa Inês da Embrapa Tabuleiros Costeiros (R1) durante o período de seleção.

	R1	
	Início	Final
FG^E (%)	62,2	61,6
Prolificidade	1,64	2,12
PCP (kg)	3,93	4,39

FG^E = Frequência gênica do alelo E.

PCP = Peso total de cordeiros por ovelha ao parto.

Rebanhos Comerciais

Durante o período do trabalho foram colhidas para genotipagem 523 amostras de sangue dos animais dos rebanhos comerciais (R2 ao R7). Houve um incremento no número de ovelhas e carneiros portadores da mutação *FecG^E* ao longo do processo de seleção e multiplicação em todos os rebanhos comerciais. O aumento foi de um carneiro e uma ovelha *FecG^{EE}* e cinco carneiros e 22 ovelhas *FecG^{EW}* no início, para quatro carneiros e seis ovelhas *FecG^{EE}* e 14 carneiros e 64 ovelhas *FecG^{EW}* no final do período do trabalho.

Na Tabela 4 estão expostos os parâmetros de frequência gênica do alelo E (*FG^E*), prolificidade e peso total de cordeiros por ovelha ao parto (PCP) dos rebanhos R2 e R6. As *FG^E* no período do trabalho aumentaram 4,14% e 24,84% no R2 e R6 respectivamente. As prolificidades do R2 e R6 aumentaram 15,70% e 47,45% ao longo dos anos de seleção e multiplicação da genética *FecG^E*. Os PCP também aumentaram nos dois rebanhos: R2 = 15,23% e R6 = 32,17%.

Tabela 4. Evolução dos parâmetros relacionados à seleção e multiplicação da genética *FecG^E* nos rebanhos R2 e R6 de ovinos Santa Inês.

Parâmetro	Rebanho			
	R2		R6	
	Início	Final	Início	Final
FG^E (%)	4,35	8,49	2,94	27,78
Prolificidade	1,21	1,40	1,18	1,74
PCP (kg)	4,40	5,07	3,73	4,93

FG^E = Frequência gênica do alelo E.

PCP = Peso total de cordeiros por ovelha ao parto.

A discussão dos resultados requer que sejam levadas em consideração as particularidades singulares de cada rebanho que participou do estudo. É necessário considerar que o rebanho da Embrapa Tabuleiros Costeiros (R1) é público, experimental de conservação de recursos genéticos e que por isso, não tem o mesmo manejo e objetivos que os rebanhos comerciais. Assim, a *FG^E* no R1 já estava elevada no início do trabalho em consequência dos anos anteriores de seleção e multiplicação da genética *FecG^E*, praticamente o dobro daquela reportada antes da formação da coleção biológica mutante da Embrapa que foi de 14,26% (Azevedo et al., 2015) ainda assim, considerada maior que a reportada em outros rebanhos Santa Inês (Pereira et al., 2023).

A estabilidade na frequência gênica da mutação *FecG^E* foi mantida de forma intencional no R1 durante o período compreendido pelo trabalho. Esta medida foi tomada para que fosse preservada a diversidade genética do ovino Santa Inês dentro do Núcleo de Conservação In Situ do ovino Santa Inês da Embrapa Tabuleiros Costeiros, do qual também fazem parte animais não portadores da mutação.

Como os rebanhos comerciais nunca haviam sido selecionados para a prolificidade e tão pouco para a genética *FecG^E*, eles apresentaram no início do trabalho frequências gênicas do alelo E mais baixas que o R1. Estas frequências iniciais do alelo E nos rebanhos comerciais foram abaixo daquelas relatadas no R1 antes da descoberta e seleção da mutação neste rebanho (Azevedo et al., 2015). Entretanto, a frequência gênica no R2 no início do trabalho foi semelhante àquela reportada por Pereira et al. (2023) de 4% enquanto aquela do R6 foi abaixo de todos os relatos encontrados na literatura. Como tem sido levantado, produtores de ovinos que criam animais para reprodução geralmente têm selecionado e comercializado carneiros reprodutores que, na maioria das vezes, nasceram de partos simples. Esta predileção se deve ao fato destes animais apresentarem maior média de peso ao nascimento, apresentando vantagens iniciais no desenvolvimento em relação àqueles nascidos de partos gemelares. A recorrência desta prática provavelmente teve como efeito uma seleção negativa para prolificidade com redução da frequência de alelos mutantes prolificos que naturalmente se encontram na população ao longo dos anos a exemplo da mutação *FecG^E*.

Comparando-se os rebanhos comerciais analisados como estudo de caso, percebe-se um aumento da *FG^E* de magnitude bem superior no R6 em relação ao R2 provavelmente em decorrência da forte pressão de seleção ao qual o primeiro rebanho foi submetido durante o período do trabalho. Importante ressaltar aqui a possibilidade que o produtor tem de imprimir a pressão de seleção que melhor lhe convier, regulando assim a velocidade e a intensidade de introdução da genética *FecG^E* e consequentemente aumento da prolificidade e de incidência de partos gemelares em seu rebanho de acordo com sua condição de absorver as demandas desta tecnologia como descrito por Azevedo et al. (2015).

Relatos dão conta de que a prolificidade no Santa Inês naturalmente varia de 1,2 a 1,4 em rebanhos não selecionados (Rajab et al., 1992; Azevedo et al., 2015; Amorim et al., 2018). A prolificidade média do R1 no início do trabalho estava mais elevada do que estes valores. Assim como a frequência gênica do alelo E, a prolificidade também já estava elevada

em decorrência dos anos anteriores de seleção para formação da coleção biológica *FecG^E* da Embrapa (Azevedo et al., 2015). Mesmo assim, a prolificidade do R1 subiu ainda mais após o período do trabalho e alcançou valor consideravelmente maior (2,12) que aquele relatado anteriormente para este mesmo rebanho (1,41), na época da descoberta da mutação *FecG^E* (Silva et al., 2011; Azevedo et al., 2015), o que representou um aumento de 50,35% desde sua origem.

Como era de se esperar, os valores de prolificidade dos rebanhos comerciais R2 e R6 aumentaram ao longo do período do trabalho, acompanhando a elevação da frequência gênica do alelo E. A prolificidade no R2 foi baixa no início do trabalho e, apesar de ter aumentado durante o processo de seleção, este aumento não foi suficiente para que este índice saísse da faixa observada naturalmente em rebanhos ovinos da raça Santa Inês (Rajab et al., 1992; Azevedo et al., 2015; Amorim et al., 2018). O R6 também apresentou uma prolificidade baixa e semelhante ao R2 no início do trabalho, mas, como foi submetido a uma maior pressão de seleção e apresentou um maior aumento da frequência gênica do alelo E, a magnitude do aumento da prolificidade foi maior neste rebanho, rompendo os limites relatados na literatura pelos autores citados. Considerando que a prolificidade do R1 atingiu a marca de 2,12, caso os rebanhos R2 e R6 intensifiquem o processo de seleção e multiplicação da genética *FecG^E*, eles ainda poderão aumentar este parâmetro em 51,43% e 21,84% respectivamente.

O aumento do peso total de cordeiros por ovelha ao parto (PCP) no R1 também era esperado diante do aumento da frequência gênica do alelo E e da prolificidade. O PCP do R1 no final do período do trabalho alcançou a média de 4,39 kg que é maior que 4,00 kg como reportou Rajab et al. (1992) para ovinos Santa Inês. Dados obtidos por Mexia et al. (2004) mostraram que o PCP é maior em ovelhas Santa Inês ou ½ Dorset ½ Santa Inês com partos duplos (6,24 kg) que aquelas com partos simples 3,68 kg, revelando que à medida que a prolificidade aumenta, a produção de cordeiros por ovelha também é elevada.

O aumento do PCP nos rebanhos comerciais durante o período do trabalho também se deu em consequência do processo de seleção e multiplicação da genética *FecG^E* corroborando com os relatos de Mexia et al. (2004) como citado anteriormente. Apesar de em termos percentuais o R2 ter apresentado um menor aumento no PCP, percebe-se claramente seu grande potencial em melhorar este parâmetro

na medida em que continue sendo submetido ao processo de seleção e multiplicação da genética *FecG^E*. Mesmo com valores menores de frequência gênica do alelo E e prolificidade o R2 apresentou PCP semelhante ao R6 com uma pequena superioridade de 140 g no final do período do trabalho. Isto pode ter acontecido em consequência das condições de manejo alimentar mais intensivas ofertadas ao R2 em relação ao R6 (Tabela 2). Este fato é corroborado pelo maior PCP (670 g) do R2 (4,40 kg) em relação ao R6 (3,73 kg) no início do processo de seleção e multiplicação da genética *FecG^E*. Pode ser especulado que se o R6 fosse submetido a uma condição de manejo semelhante ao R2, o incremento da PCD neste rebanho poderia ser ainda maior, visto que possui uma maior prolificidade.

Considerando que o processo de seleção ainda está em andamento, espera-se que a frequência gênica do alelo E e a prolificidade aumentem de forma significativa nos rebanhos comerciais nos próximos anos. Este aumento poderá provocar ainda mais impacto positivo sobre a produtividade e produção de ovinos nestes rebanhos. Maiores receitas foram obtidas em rebanhos de ovinos que introduziram outra genética prolífica (Booroola) em relação àqueles que não fizeram a introdução e, esta vantagem foi significativa a partir do quinto ano do processo de seleção (Moraes et al., 2020). Os primeiros estudos de viabilidade da genética *FecG^E* estão em fase de finalização por nossa equipe e poderão apresentar em breve resultados como estes feitos com outras mutações ligadas à prolificidade para assim, servir como base para o desenvolvimento e transferência desta tecnologia como ferramenta de sustentabilidade para a ovinocultura.

Conclusão

Conclui-se que o processo de seleção da genética *FecG^E* incrementa a disponibilidade de animais mutantes, a frequência gênica do alelo E, a prolificidade e a produção de cordeiros nos rebanhos ovinos, mostrando grande potencial para aumentar significativamente a produtividade e produção da ovinocultura.

Referências

- AMORIM, S. T.; KLUSKA, S.; BERTON, M. P.; LEMOS, M. V. A.; PERIPOLLI, E.; STAFUZZA, N. B.; MARTIN, J. F.; ÁLVAREZ, M. S.; GAVIÑA, B. V.; TORO, M. A.; BANCHERO, G.; OLIVEIRA, P. S.; GRIGOLETTO, L.; ELER, J. P.; BALDI, F.; FERRAZ, J. B. S. Genomic study for maternal related traits in Santa Inês sheep breed, *Livestock Science*, v. 217, p. 76-84, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.09.011>.
- AZEVEDO, H. C.; OLIVEIRA, A. A.; SENES, B. B.; CAMARGO, G. M. F. Desvendando a produtividade ovina pela mensuração da eficiência reprodutiva. *ARCO Revista*, n. 38, p. 58-61, 2024. Disponível em: <https://www.arcoovinos.com.br/Revista>. Acesso em: 13 set. 2024.
- AZEVEDO, H. C.; PAIVA, S. R.; MELO, E. O.; SILVA, B. D. M.; OLIVEIRA, A. A.; MUNIZ, E. N. **Estudos da genética *FecG^E* na prolificidade de ovinos**. Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, Dezembro de 2015. 19 p. (Embrapa Tabuleiros Costeiros. Documentos, 193).
- BRASIL. Política nacional para a ovinocaprinocultura. Lei Nº 13.854, de 8 de julho de 2019. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**. Brasília, DF, 9 jul. 2019.
- IBGE. **Pesquisa da Pecuária Municipal 2022**. Rio de Janeiro: IBGE, 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 12 set. 2024.
- LACERDA, T. S.; CAETANO, A. R.; FACÓ, O.; FARIA, D. A.; MCMANUS, C. M.; LÔBO, R. N.; SILVA, K. M.; PAIVA, S. R. Single marker assisted selection in brazilian Morada Nova hair sheep community-based breeding program. *Small Ruminant Research*, v. 139, p. 15-19, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.04.009>.
- LÔBO, R. N. B.; LÔBO, A. M. B. O.; FACO, O. Melhoramento genético de ovinos. In: SELAIVE-VILLARROEL, A. B.; OSÓRIO, J. C. S. (org.). **Produção de ovinos no Brasil**. ed. São Paulo: Roca, 2017. p. 263-307.
- MEXIA, A. A.; MACEDO, F. A. F.; ALCALDE, C. R.; SAKAGUTI, E. S.; MARTINS, E. N.; ZUNDT, M.; YAMAMOTO, S. M.; MACEDO, R. M. G. Desempenhos reprodutivo e produtivo de ovelhas Santa Inês suplementadas em diferentes fases da gestação. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, n. 3, p. 658-667, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982004000300014>
- MILLER, S. A.; DYKES, D. D.; POLESKY, H. F. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Research*, v. 16, n. 3, p. 1215, 1988. DOI: [10.1093/nar/16.3.1215](https://doi.org/10.1093/nar/16.3.1215).
- MIRANDA-CARRAZCO, C. I.; MARTÍNEZ-QUINTANA, J. A.; CORRAL-LUNA, A.; RODRÍGUEZ-ALMEIDA, F. A. Productivity at weaning of F1 Dorper X Pelibuey ewes carrying the *FecG^E* allele of the ovine GDF9 gene. *Journal of Animal Science*, v. 101, supl. 3, p. 657-658, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skad281.765>.
- MORAES, J. C. F.; SOUZA, C. J. H. **A introdução e o uso do alelo Booroola na ovinocultura brasileira**.

Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2014. 32 p. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos, 140).

MORAES, J. C. F.; SOUZA, C. J. H. **A prolificidade e a produção ovina**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2018. 16p. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos, 160).

MORAES, J. C. F.; SOUZA, C. J. H.; OLIVEIRA, J. C. P. **Valor da introdução do gene Booroola em rebanhos comerciais para produção de carne ovina**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2020. 36 p. (Embrapa Pecuária Sul. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 43).

MUÑOZ-GARCÍA, C.; VAQUERA-HUERTA, H.; GALLEGOS-SÁNCHEZ, J.; BECERRIL-PÉREZ, C. M.; TARANGO-ARÁMBULA, L. A.; BRAVO-VINAJA, A.; CORTEZ-ROMERO, C. Influence of *FecG^F* mutation on the reproductive variables of Pelibuey ewes in the anestrus period. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 328, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02755-7>.

PEREIRA, A. H. R.; SILVEIRA, R. M. F.; CARRARA, E. R.; SILVA, K. M.; LOBO, R. N. B.; FARIA, D. A.; CAETANO, A. R.; PAIVA, S. R.; LANDIM, A. V. Assessment of *FecG^F* genotype son reproductive traits in brazilian Morada Nova and Santa Inês sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 55, n. 413, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03822-x>.

PÉREZ-RUIZ, E.; GALLEGOS-SÁNCHEZ, J.; CORTEZ-ROMERO, C.; SEGURA-LEÓN O. L.; SALINAS-RUIZ, J.; SALAZAR-ORTIZ, J. *FecG^F* mutation in pelibuey sheep. **Animal Genetics**, v. 51, n. 2, p. 346-347, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12912>.

RAJAB, M. H.; CARTWRIGHT, T. C.; DAHM, P. F.; FIGUEREDO E. A. P. Performance of three tropical hair sheep breeds. **Journal of Animal Science**, v. 70, n. 11, p. 3351-3359, 1992. DOI: <https://doi.org/10.2527/1992.70113351x>.

SAE-FOO, P.; TRIWUTANON, S.; RUKKWAMSUK, T. Detection of booroola polymorphism of bone morphogenetic protein receptor 1b and Embrapa polymorphism of growth differentiation factor 9 in sheep in Thailand. **Animals (Basel)**, v. 15, n. 809, 2024. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani14050809>.

SAGAR, G.; KUMAR, S.; BARANWAL, A.; PRASAD, A.R. Introgression of fecundity gene (*FecB*) in non-prolific sheep breeds: a boon for farmers. **International Journal of Science, Environment and Technology**, v. 6, n. 1, p. 375-380, 2017.

SANTOS, J. L. S. dos; BEM e CANTO, V. M. de A. de. **Avaliação dos impactos da tecnologia “Introdução assistida do gene Booroola em rebanhos ovinos”**. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2010. 38 p. (Embrapa Pecuária Sul. Documentos, 105).

SENES, B. B.; CRUZ, V. A. R. da; AZEVEDO, H. C.; COSTA, R. B.; CAMARGO, G. M. F. de. Estimation of genetic parameters for reproductive indices in sheep. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 141, p. 485-490, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbg.12857>.

SILVA, B. D. M.; CASTRO, E. A.; SOUZA, C. J. H.; PAIVA, S. R.; SARTORI, R.; FRANCO, M. M.; AZEVEDO, H. C.; SILVA, T. A. S. N.; VIEIRA, A. M. C.; NEVES, J. P.; MELO, E. O. A new polymorphism in the Growth and Differentiation Factor 9 (GDF9) gene is associated with increased ovulation rate and prolificacy in homozygous sheep. **Animal Genetics**, v. 42, p. 89-92, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02078.x>.