

## Distância genética de bovinos Curraleiro Pé-Duro em relação a outras raças criadas no Brasil e nos Estados Unidos avaliadas com microssatélites

Geraldo Carvalho<sup>1</sup> ✉  Célia R. Quirino<sup>2</sup> ✉  Samuel R. Paiva<sup>3</sup> ✉  Harvey D. Blackburn<sup>4</sup> ✉ 

Embrapa Meio-Norte. Setor de Gestão de Bibliotecas – SGB. Av. Duque de Caxias, 5650 – Bairro Buenos Aires, Teresina/PI – Brasil

### Genetic distance of Curraleiro Pé-Duro cattle in respect other breeds raised in Brazil and the United States assessed with microsatellites

**Abstract.** The objective of this study was to assess genetic diversity among 4 Brazilian (145 animals) and 15 USA cattle (269 animals) breeds using 34 microsatellite markers. Samples from the United States represented a broad geographic distribution whereas Brazilian samples were from mid north region. Results showed that the degree of differentiation between the studied breeds indicates low gene flow among analyzed populations, which demonstrates reproductive isolation. It is also obvious the wide variation between individuals (75 %) and small variation between breeds (25 %), mainly among North American breeds. Cattle grouped according to their geographical origins. Work involving locally adapted breeds is scarce, since these animals are not as productive as commercial breeds in use today. Genetic differentiation was substantial, suggesting that there is a range of opportunities to use these resources in Western Hemisphere context. All evaluating used methods showed that the genetic differences among Curraleiro Pé-Duro and other evaluated breeds suggest that heterosis can be obtained using this breed in breeding programs. Molecular Genetic Distance between bovine breeds could be used as a reference when choosing mating, with a view to the gains provided by heterosis in terms of adaptability, precocity, good weight performance, good meat production and good interaction with the environment for sustainable livestock production in both countries, Brazil and the United States.

**Key words:** Local breed, Tropically adapted, Genetic structure, Beef cattle, Taurine, Zebu

**Resumo.** O objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética entre 4 raças brasileiras (145 animais) e 15 bovinos norte-americanos (269 animais), utilizando 34 marcadores microssatélites. As amostras dos Estados Unidos representaram uma ampla distribuição geográfica, enquanto as amostras brasileiras foram da região centro-norte. Os resultados mostraram que o grau de diferenciação entre as raças estudadas indica baixo fluxo gênico entre as populações analisadas, o que demonstra isolamento reprodutivo. Também é óbvia a grande variação entre indivíduos (75 %) e pequena variação entre raças (25 %), principalmente entre as raças norte-americanas. Bovinos agrupados de acordo com suas origens geográficas. O trabalho envolvendo raças adaptadas localmente é escasso, uma vez que esses animais não são tão produtivos quanto as raças comerciais em uso hoje. A diferenciação genética foi considerada substancial, sugerindo que existe uma gama de oportunidades para usar esses recursos no contexto do Hemisfério Ocidental. Todos os métodos de avaliação das diferenças genéticas entre Curraleiro Pé-Duro e outras raças sugerem que a heterose pode ser obtida usando esta raça em programas de cruzamento. A “Distância Genética Molecular” entre as raças bovinas poderia ser usada como referência para escolha em acasalamentos, com vistas aos ganhos proporcionados pela heterose quanto a adaptabilidade, precocidade, bom desempenho ponderal, boa produção de carne e boa interação com o meio-ambiente para produção sustentável da pecuária em ambos os países, Brasil e Estados Unidos.

**Palavras chaves:** Raças locais, Tropicalmente adaptadas, Estrutura genética, Gado de corte, Taurino, Zebu

Recibido:2020-07-31. Aceptado: 2021-05-12

<sup>1</sup> Autor para la coreespondencia: geraldo.carvalho@embrapa.br

<sup>2</sup> Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro", UENF, Brasil.

<sup>3</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Final W5 Norte, Brasília, DF, 70770-900, Brazil

<sup>4</sup> USDA-ARS Plains Area: Fort Collins, CO, US

## Introducción

A introdução de bovinos nas Américas ocorreu quase simultaneamente e teve uma evolução semelhante ao longo dos tempos, desde o início da colonização hispano-portuguesa. Os animais fundadores do rebanho bovino do continente Americano são originários da Península Ibérica (Primo, 2010). Por meio de um longo processo de expansão e adaptação aos diversos ecossistemas do Novo Mundo, diversas raças locais se originaram pela seleção natural. As novas populações surgidas foram denominadas de "crioulas" e se espalharam por todo o Continente Americano (Rodero et al., 1992). Por décadas, ocorreu um fluxo gênico entre os rebanhos de animais domésticos em todo o hemisfério ocidental sugerindo que essa região contém uma ampla variedade de diversidade genética para uso em Biomass e sistemas distintos de produção.

A espécie bovina nas Américas, está presente desde a Terra do Fogo, ao sul, até as remotas ilhas do Alaska, ao norte. Contudo o rebanho fundador da atual população teve origem diversa. Segundo Primo (1992), os bovinos originários da Ibéria povoaram desde o Texas, nos Estados Unidos, até o Sul da Argentina e ainda estão presentes em ambientes adversos para raças de elevada produção. Segundo Sponenberg e Olson 1992, o gado bovino da era colonial espanhola no Sudoeste e Sudeste Estados Unidos da América do Norte persistem escassamente em pequenas "ilhas" isoladas que evoluíram em distintos grupos de bovinos, como o Texas Longhorn e Florida Cracker.

A partir da década de 1950, no século 20, deu-se ênfase à produtividade e foi iniciada a especialização, que favoreceu algumas raças e levou outras à extinção. Esse processo foi acelerado pela introdução de técnicas modernas de reprodução e pela globalização. A introdução zebuína no Brasil e os cruzamentos desordenados que se seguiram determinaram a substituição das raças locais em diversas regiões do País, levando à quase total absorção dos rebanhos locais. Nos Estados Unidos, os bovinos locais também foram substituídos, em sua grande maioria, por raças mais produtivas e já melhoradas na Europa e também cederam lugar ao Brahman em ambientes subtropicais

(Primo, 1992). Muitas populações locais foram substituídas ou utilizadas em cruzamentos para produção de carne e leite, sem a manutenção de raças puras para produção de touros. A preocupação humana com a perda da diversidade genética em raças localmente adaptadas e sua conservação tem aumentado, uma vez que a seleção intensa e a redução do tamanho da população em muitas raças vem causando perdas na biodiversidade genética bovina global (Eusebi 2019 et al.).

Algumas raças locais têm diminuído o tamanho efetivo e algumas estão até mesmo em via de extinção. A perda da variabilidade irá restringir as opções disponíveis para as necessidades desconhecidas do futuro.

Algumas pesquisas foram realizadas com o objetivo de caracterizar alguns grupamentos bovinos em diversas regiões (Jordana et al., 2003; Egito et al., 2007; Mcneil et al., 2007; Oliveira et al. 2012; Carvalho et al., 2012; Delgado et al., 2012, Silva Filho et al. 2014; Zinovieva et al., Cardoso et al. 2016; 2019; Bermejo et al. 2020). Todavia existe uma falta de conhecimento acerca de populações atuais entre o Norte e o Sul da América. O presente trabalho foi direcionado para se avaliarem a diversidade genética, a endogamia e as relações entre o Curraleiro Pé-Duro (*Bos taurus taurus*) e raças locais e especializadas criadas no Brasil e nos Estados Unidos. Ambos os países possuem, conjuntamente, o maior rebanho comercial do planeta, Estados Unidos com 94.4 milhões de cabeças (USDA, 2020) e o Brasil com 214.9 milhões de cabeças (IBGE, 2019) podendo apresentar grande complementaridade na pecuária de corte. Os resultados apontam caminhos a seguir em projetos de conservação e melhoramento genético e indicam a possibilidade de uso em cruzamentos com vistas ao ganho da heterose e complementariedade nos produtos.

Assim o objetivo do presente trabalho a investigar a diversidade genética entre quatro raças de bovinos brasileiras (145 animais) e 15 raças bovinas norte-americanas (269 animais) com o uso de 34 marcadores microsatélites.

## Materials and Methods

Um total de 414 amostras de sangue ou sêmen foram coletadas de 4 raças brasileiras e 15 raças norte-americanas para o presente estudo (Tabela 1). As amostras das raças brasileiras foram amostradas na região Meio-Norte do nordeste do Brasil. As amostras foram originadas de rebanhos mantidos pela Embrapa Meio-Norte (Nelore e Curraleiro Pé-Duro) ou de fazendas

particulares (Gir e Caracu), com amostragem de animais oriundos de diversos rebanhos. Duas das raças brasileiras ora analisadas, tiveram origem em raças portuguesas importadas durante o período colonial (Caracu e Curraleiro Pé-Duro). Importações posteriores de zebuínos Nelore e Gir também foram amostradas. As raças Gir, Caracu e Curraleiro Pé-Duro



são de dupla aptidão enquanto a raça Nelore é utilizado para corte e responde por cerca de 80 % do rebanho bovino brasileiro.

Tabela 1. Raças, populações e descrições fenotípicas das raças brasileiras e norte-americanas analisadas.

Raça	Local	No	Origem	Uso	Status
Chirikof	Estados Unidos	24	Rússia	Carne	Em risco
Escocês	Estados Unidos	18	Escócia	Carne	Em risco
Hereford	Estados Unidos	21	Inglaterra	Carne	Comercial
Saler	Estados Unidos	21	França	Carne	Comercial
Limosin	Estados Unidos	17	França	Carne	Comercial
Simetal	Estados Unidos	19	Suíça	Carne	Comercial
Charolês	Estados Unidos	19	França	Carne	Comercial
Tarantase	Estados Unidos	19	França	Carne	Comercial
Black Angus	Estados Unidos	22	Inglaterra	Carne	Comercial
Red Angus	Estados Unidos	18	Inglaterra	Carne	Comercial
Shorthorn	Estados Unidos	15	Inglaterra	Carne	Comercial
Texas longhorn	Estados Unidos	15	Espanha	Carne	Em risco
Florida Cracker	Estados Unidos	15	Espanha	Carne	Em risco
Piney Woods	Estados Unidos	18	Espanha	Carne	Em risco
Crioulo do Novo México	Estados Unidos	30	Espanha	Carne	Em risco
Curraleiro Pé-Duro	Brasil	48	Portugal	Carne/leite	Em risco
Caracu	Brasil	33	Portugal	Carne/leite	Comercial
Gir	Brasil	32	Índia	Carne/leite	Comercial
Nelore	Brasil	32	Índia	Carne	Comercial

As raças norte-americanas analisadas tiveram suas amostras (sêmen) provenientes do banco de Germoplasma animal (National Animal Germplasm Program (NAGP): USDA ARS). As amostras foram selecionadas de origem distinta e algumas raças, com pouca amostragem, possuem poucos indivíduos e se encontram em elevado risco de extinção (Flórida Cracker, Piney Woods e Crioulo do Novo México).

A Ilha Chirikof, assim como todo o Alaska, pertenceu, à Rússia e especula-se que o gado bovino em estado selvagem lá existente seja originário da Sibéria (gado Yakut), segundo relatos na história do rebanho, houve introdução de Escocês da Montanha (foi arrendada por escoceses) e de gado Hereford (um touro importado da Califórnia. Entretanto as atividades pecuárias não prosperaram e o gado e as terras foram abandonados.

Amostras das raças Norte-americanas foram obtidas diretamente de criadores ou associações de criadores, ou como sêmen ou sangue. Ao receber amostras do sêmen ou sangue este foi criopreservado até realização das genotipagens.

Foram avaliados 34 microsátélites na avaliação, sendo eles: AGLA227, BL1029, BL1038, BM2613,

BM719, BM8126, BM827, BMC1013, BMC5227, BMS1247, BMS1282, BMS1315, BMS1316, BMS2177, BMS2533, BMS2614, BMS468, BMS510, BMS574, BMS713, BMS745, BMS836, BP28, CSSM036, CSSM038, IDVGA-2, IDVGA45, ILSTS023, ILSTS028, ILSTS059, INRA063, RM044, RM321, URB14. A genotipagem foi realizada pelo Laboratório de Genética Veterinária do NAGP: USDA ARS, Fort Collins, CO. Nenhum microsátélites ou animais foram excluídos da análise devido à falta de dados. O pacote de software LOSITAN (Antão et al., 2008) foi executado para testar microsátélites que podem ter sido influenciados pela seleção. Nenhum dos microsátélites utilizados foram considerados sob a influência da seleção e excluídos da análise.

O programa GENALEX 6 (Peakall e Smouse, 2006) foi usado para calcular os números médios e efetivos de alelos, frequência de alelos por locus, heterozigosidade observada e esperada, alelos privados de uma raça ou grupo de raças, análise de coordenada principal, e a análise de variância molecular. O Programa STRUCTURE (Pritchard et al., 2000) foi executado usando um "burn-in" de 50.000 e 300.000 iterações por "cluster" (K) e com 3 repetições por K. o Delta K (Evanno et al., 2005) calculado a partir da mudança no logaritmo da verossimilhança - a probabilidade foi calculada e determinado que o

o número de K para avaliar este conjunto de raças era 6. O pacote de software DISTRUCT (Rosenburg, 2004)

foi usado para representar graficamente os resultados do STRUCTURE.

### Resultados y Discusión

Em um cenário de aquecimento global, mais áreas inóspitas irão surgir podendo causar uma mudança nas espécies e raças a serem exploradas nessas novas localidades tropicais, subtropicais e semiáridas do Planeta. Entretanto somente populações avaliadas e caracterizadas terão acesso ao agronegócio da pecuária. Ao se quantificar a diversidade genética dentro e entre populações nas 19 raças bovinas investigadas, usando dados de frequências alélicas obtidas da análise de marcadores moleculares microsatélites, constatou-se que 25 % da variação total foi entre raças e 75 % dentro de raça. Raças bovinas com origens em uma ampla variedade de localizações geográficas estão representadas neste estudo.

#### Diversidade genética entre as populações

Todos os 34 locus investigados se mostraram polimórficos com um total de 438 alelos distintos nas 19 raças investigadas. O número de alelos por locus variou de 5 a 29, com média de 13, utilizando um painel de microsatélites recomendados pela FAO / ISAG para estudos de biodiversidade em bovinos.

O número médio de alelos efetivos por loco verificado no presente trabalho foi maior que o encontrado por Cañon et al., 2001, Egito et al 2007 e por Delgado et al., 2012, que trabalharam com raças locais, provavelmente devido ao menor número de marcadores utilizados por esses autores e a introdução de zebuínos na presente pesquisa.

#### Diversidade genética dentro das populações

A raça Caracu apresentou a menor diversidade (heterozigidade esperada ( $H_e$ ) = 0.54), fato também observado por Egito et al., 2007, enquanto a Gir e o Criollo do Novo México apresentaram a maior diversidade ( $H_e$  = 0.69) (Tabela 2).

Os grupamentos Black Angus e "Red" Angus, Texas Longhorn e Criollo do Novo México apresentaram as menores distâncias ( $F_{st}$ ), respectivamente, de 0.33 e 0.37, sugerindo apenas diferenças fenotípicas.

Já a distância entre as raças locais de origem Ibéricas criadas no Brasil e as criadas nos Estados Unidos se mostrou pequena, variando de 0.22 entre Curraleiro Pé-Duro e Caracu até 0.39 entre Curraleiro Pé-Duro e Texas Longhorn (Tabela 2), provavelmente devido a mesma origem dos rebanhos fundadores.

Tabela 2. Resumo estatístico da frequência alélica em raças brasileiras e norte-americanas.

Pop	N	Na	Ne	Ho	He	UHe	F	Fis
Chirikof	24	4.62	2.81	0.614	0.586	0.599	-0.052	-0.025
Simental	19	5.15	2.97	0.594	0.581	0.597	-0.021	0.005
Escocês	18	4.26	2.52	0.582	0.552	0.568	-0.055	-0.024
Saler	21	5.35	3.15	0.605	0.617	0.634	0.010	0.047
Hereford	21	4.82	2.85	0.582	0.581	0.595	-0.018	0.023
Limosin	17	5.09	3.03	0.600	0.616	0.635	0.026	0.057
Brack Angus	22	4.94	3.00	0.602	0.604	0.618	-0.001	0.026
Charolês	19	5.50	3.14	0.649	0.622	0.640	-0.041	0.014
Red Angus	18	4.82	3.04	0.611	0.612	0.630	-0.009	0.031
Tarantase	19	4.38	3.05	0.682	0.625	0.662	-0.088	-0.032
Shorthorn	15	4.41	2.67	0.542	0.560	0.579	0.008	0.067
Texas Longhorn	15	5.00	3.33	0.674	0.639	0.668	-0.058	-0.01
Piney Woods	18	5.50	3.45	0.608	0.657	0.676	0.079	0.103
Flórida Cracker	15	3.68	2.75	0.637	0.580	0.647	-0.087	0.017
Novo México	30	6.88	3.82	0.674	0.682	0.694	0.021	0.029
Curraleiro Pé-Duro	44	6.35	2.93	0.575	0.606	0.613	0.050	0.061
Caracu	33	4.74	2.63	0.512	0.538	0.547	0.051	0.065
Gir	29	6.29	3.56	0.589	0.675	0.687	0.124	0.144
Nelore	20	5.12	2.93	0.560	0.602	0.617	0.079	0.095
Média		5.10	3.03	0.605	0.607	0.627	0.001	5.10

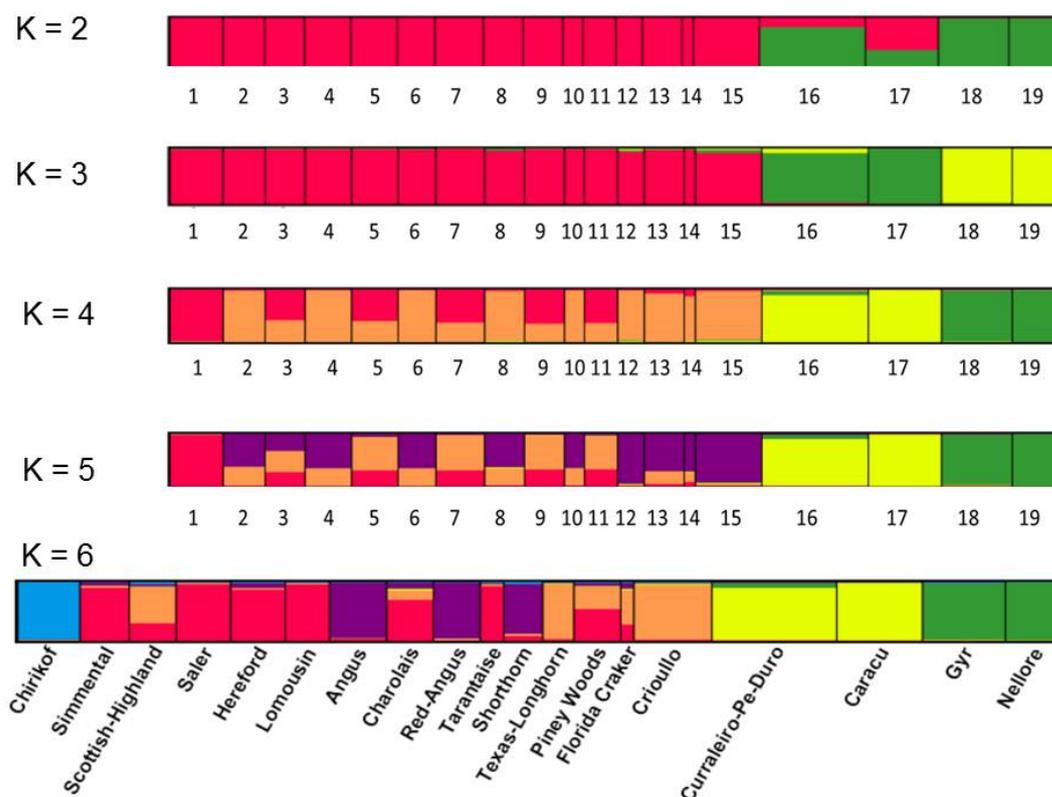
Onde, N: número de indivíduos analisados, Na: número de alelos observados, Ne: número de alelos esperados, Ho: heterozigidade observada, He: heterozigidade esperada, Uhe: heterozigidade esperada não viciada, F: alelos fixos, Fis: consanguinidade.



Analisando a estrutura das populações pelo método Bayesiano STRUCTURE (Prichard et al. 2000) pode-se assumir que o número verdadeiro de populações (K) em 19 populações analisadas seja igual a 6. Quando assumimos o K = 2, agrupam-se de um lado os bovinos Norte-Americanos e do outro os brasileiros, entretanto o Caracu e o Curraleiro Pé-Duro apresentaram pequena introgressão zebuína.

Segundo Primo (1992), as raças locais do Brasil apresentam genes zebuínos desde os seus primórdios, podendo-se afirmar também que as raças locais serviram de base para a formação das raças zebuínas no País. A evolução das raças, quando se assume que o

número de clusters (K) seja igual a 2, 3, 4, 5 e 6 é mostrada na Figura 3. Os seis grupos ficaram assim definidos: os zebuínos Gir e Nelore formaram o primeiro grupo; seguido das raças locais Curraleiro Pé-Duro e Caracu; As britânicas Angus (preto e vermelho) e Shorthorn; Hereford, Escocês de Montanha e Chirikof; as de origem francesa (Saler, Simental, Tarantase, Limosin e Charolês) e as locais de origem espanhola (Texas Longhorn, Crioulo no Novo México, Piney Woods e Flórida Cracker). Os grupos formados nos rebanhos norte-americanos conferem com os resultados de Macneil et al. (2007) que analisaram a relação entre o gado Chirikof e outras raças nos Estados Unidos.



Onde: 1: Chirikof; 2: Simental; 3: Escocês de Montanha; 4: Saler; 5: Hereford; 6: Limosin; 7: Angus; 8: Charolês; 9: Angus Vermelho; 10: Tarantase; 11: Shorthorn; 12: Texas Longhorn; 13: Piney Woods; 14: Flórida Cracker; 15: Novo México; 16: Curraleiro Pé-Duro; 17: Caracu; 18: Gir e 19: Nelore.

Figura 1. Estrutura racial quando o número de populações assumida (K) foi igual a 2, 3, 4, 5 e 6. O tamanho de cada segmento é definido pelo tamanho da amostra.

A análise das estruturas moleculares das 19 populações mostrou a existência de apenas 6 (seis) grupos assim constituído:

- Grupo 1: Zebuínos (Nelore e Gir);
- Grupo 2: Locais Brasileiras (Curraleiro Pé-Duro e Caracu);
- Grupo 3: Chirikof, Escocês de Montanha e Hereford;
- Grupo 4: Britânicas (Shorthorn, Angus (Preto e Vermelho);
- Grupo 5: Locais norte-americanas (Texas Longhorn,

Crioulo do Novo México, Flórida Cracker e Piney Woods); e

Grupo 6: Francesas (Saler, Limosin, Charolês, Simental, Tarantase). A maioria das raças se agruparam com aquelas mais intimamente relacionadas que compartilharam o mesmo agrupamento e outras misturadas, principalmente entre as norte-americanas.

Texas Longhorn e Florida Cracker apresentam estruturas semelhantes, assim como o Curraleiro Pé-

Duro e Caracu, porém todas diferem dos taurinos comerciais e zebuínos analisados indicando possível heterose em cruzamentos dirigidos. Em concordância com Sponenberg e Olson 1992, são raças raras e valiosas, que podem contribuir para a pecuária em regiões tropicais húmidas e semiáridas.

A análise dos componentes principais foi construída incluindo todos os animais de todos os grupamentos e suas frequências alélicas para resumir o relacionamento entre as 19 raças analisadas (Figura 2).

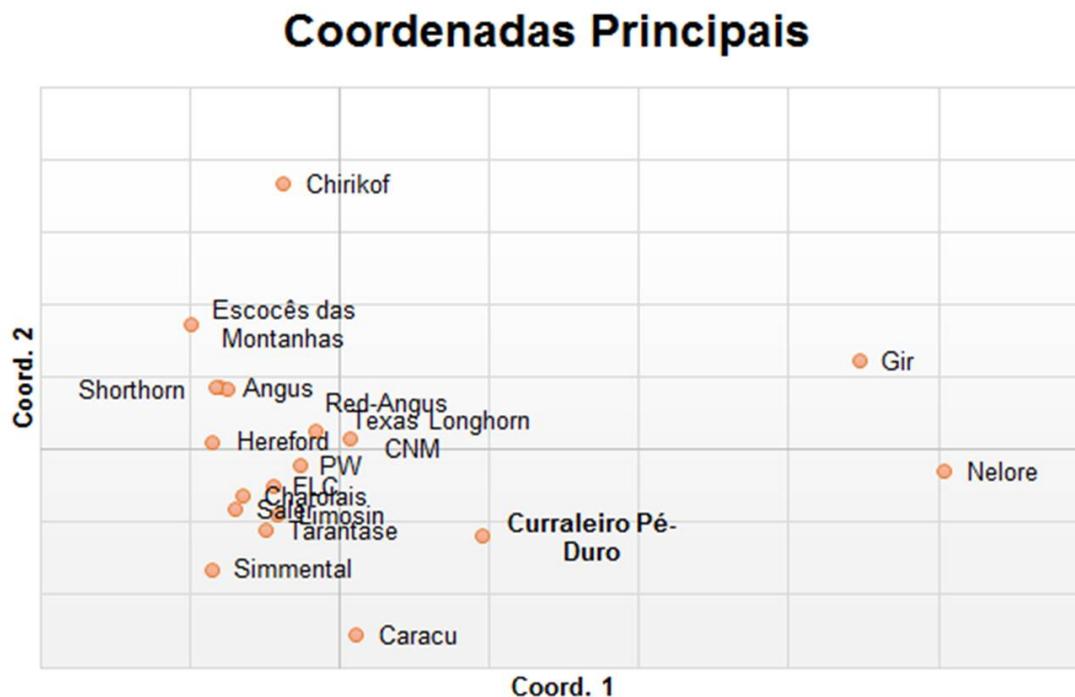


Figura 2. Análise correspondente da frequência alélica através de 34 marcadores microssatélites em 19 raças bovinas criadas no Brasil e nos Estados Unidos.

No eixo 1 formaram quatro grupos, o Chirikof, as raças de origem britânica (Escocês de Montanha, Hereford, Angus Vermelho, Angus Preto e Shorthorn), as de origem Ibéricas (Texas Longhorn, Novo México, Flórida Cracker e Piney Woods) e as de origem francesa (Charolês, Saler, Limosin, Tarantase e Simental). No eixo 2 os zebuínos (Gir e Nelore) e as locais brasileiras (Caracu e Curraleiro Pé-Duro) se isolaram em relação às demais raças Norte-americanas. As raças bovinas, locais e exóticas, criadas no Brasil e nos Estados Unidos se agruparam segundo sua origem histórica e geográfica.

O gráfico de parentesco de distância genética (Nei et al. 1983) descreve a interpolação dos relacionamentos (Figura 3).

As raças se agruparam conforme sua origem geográfica, as raças brasileiras zebuínas se isolaram, seguidas das brasileiras localmente adaptadas, no mesmo ganho da árvore estão ainda os bovinos norte-americanos de origem ibéricas, como o crioulo do

Novo México e Texas Longhorn, próximos aos grupos de Florida Cracker e Piney Woods. Os bovinos de origem inglesa e francesa também se agruparam próximos respectivamente. Já a proximidade de Hereford e Escocês e Chirikof pode ser explicado pelo uso de touros daquelas raças na formação do gado da Ilha Chirikof.

Quando a estrutura das populações foram modelada em uma árvore de parentesco, o gado da Ilha Chirikof se mostrou ser único e fortemente diferenciado em relação às outras raças que foram amostradas. O agrupamento bayesiano para atribuição de múltiplos locus a grupos genéticos indicou baixos níveis de mistura na população da Ilha Chirikof. Assim, a população da Ilha Chirikof pode ser um novo recurso genético de alguma importância para a conservação e a indústria, em conformidade com McNeil et al. 2007.

As Figuras 4 e 5 apresenta a similaridade e a distância genética entre Curraleiro Pé-Duro e 18 raças comparadas aos pares, respectivamente.

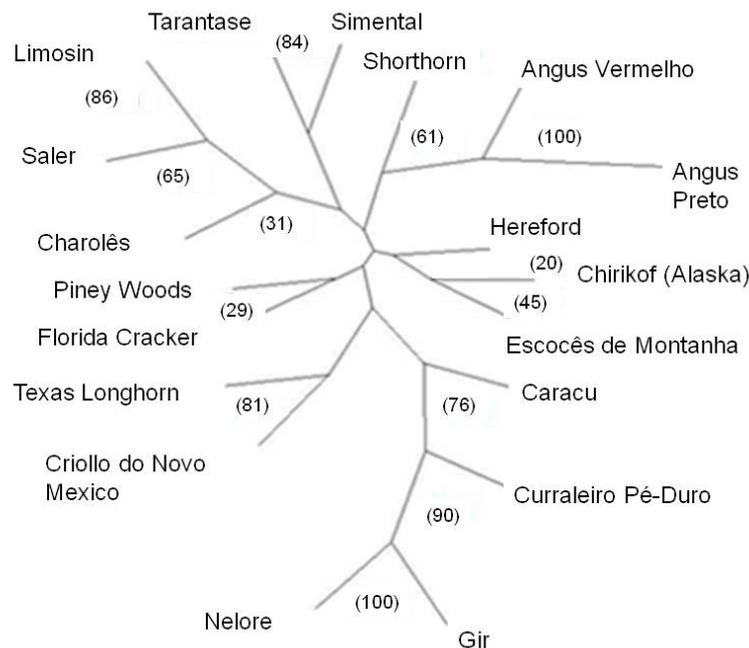
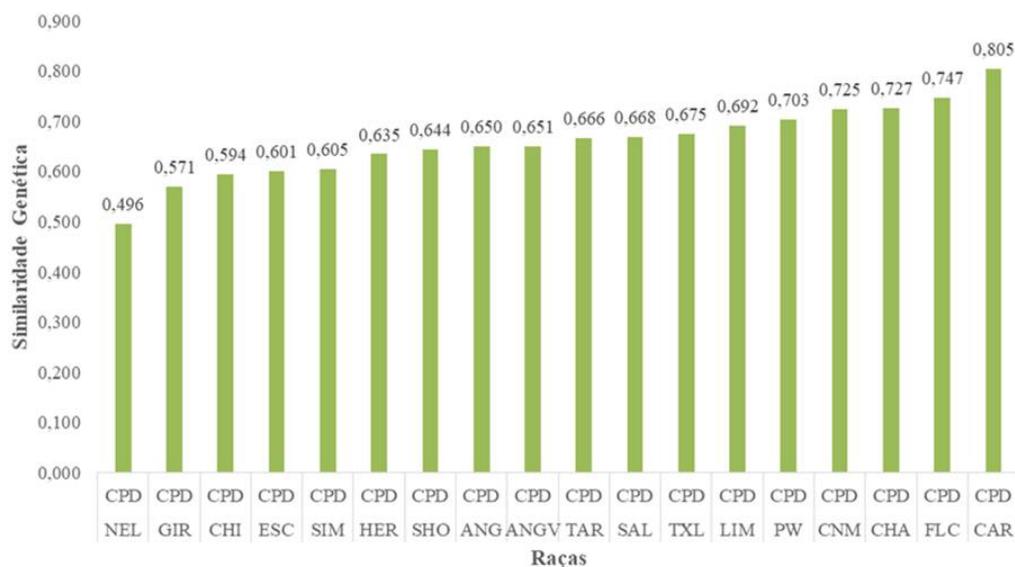


Figura 3. Árvore de parentesco, construída com base na distância genética de Nei, entre raças bovinas brasileiras e norte-americanas. Número entre parênteses representa a percentagem de repetições em 1.000 análises.

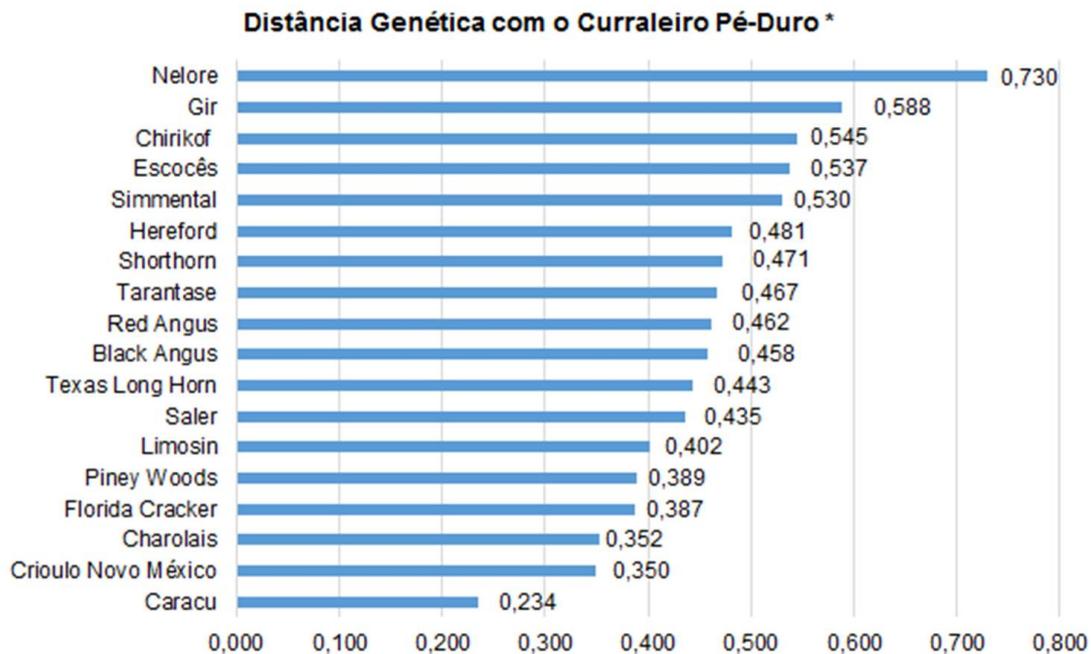


Onde, CPD: Curraleiro Pé-Duro, Nel: Nelore, Gir, Chi: Chirikof, Sim: Simental, Esc: Escocês de Montanha, Sal: Saler, Her: Hereford, Lim: Limosin, AnP Angus Preto, Cha: Charolês, AnV: Angus Vermelho, Tar: Tarantase, Sht: Shorthorn, TXL: Texas Longhorn, PW: Piney Woods, FLC: Flórida Cracker e NM: Novo México. OBS: todos os indivíduos de cada população foi comparado a todos os indivíduos da outra população analisadas aos pares em relação ao Curraleiro.

Figura 4. Similaridade genética entre Curraleiro Pé-Duro e demais raças analisados aos pares.

Como era de se esperar, o Curraleiro Pé-Duro se encontra mais próximo do Caracu (raça local brasileira) e das raças locais norte-americanas, seguida pelas raças de origem francesas. Por outro lado, mostra-se mais distante dos zebuínos (Nelore e Gir), dos bovinos da Ilha Chirikof e por último das raças de origem britânicas.

A similaridade entre raças brasileiras e norte-americanas pode ser explicada pela proximidade geográfica (Península Ibérica, Grã-Bretanha, França) entre esses países e seus respectivos rebanhos bovinos, fundadores das raças bovinas do novo mundo, com exceção dos zebuínos.



\*: todos os indivíduos do grupo do Curraleiro Pé-Duro foi comparado com cada indivíduo do outro grupo aos pares.

Figura 5. Distância genética entre Curraleiro Pé-Duro e demais grupamentos analisados aos pares

A distância genética apresenta elevados índices de heterose no produto de cruzamento entre raças distantes entre si (Carvalho e Blackburn 2011; Carvalho et al. 2012). Quanto maior a distância genética entre os grupamentos, maiores índices de heterose são observados em cruzamentos. Carvalho et al. (2013) e Carvalho et al. (2017) apresentaram elevados índices de heterose em cruzamentos entre Nelore e Curraleiro Pé-Duro no desenvolvimento ponderal e no rendimento de carcaça. Baseado na distância entre as populações há de se esperar bons resultados nos cruzamentos de Curraleiro Pé-Duro com Nelore, Escocês de Montanha, Chirikof, Simental, Shorthorn, Hereford e Angus (Preto ou vermelho). Os resultados mostram também distância moderada entre Curraleiros Pé-Duro e Saler, Limosin, Texas Longhorn, Flórida Cracker e maior proximidade com Caracu, Crioulo do Novo México, Charolês e Piney Woods, respectivamente.

A “Distância Genética Molecular” entre as raças bovinas poderia ser usada como referência para escolha em acasalamentos, com vistas aos ganhos proporcionados pela heterose quanto a adaptabilidade, precocidade, bom desempenho ponderal, boa produção de carne e boa interação com o meio-ambiente para produção sustentável da pecuária em ambos os países, Brasil e estados Unidos.

Em estudos comparativos de raças taurinas da Eurásia, foi detectada alta distância genética do das demais raças com o grupamento Yakut (Zinovieva et al. 2019). O gado Chirikof do Alasca tem como rebanho fundador a raça Yakut, originária da Sibéria na Rússia, e os resultados do presente trabalho também mostra grande distância genética desse grupamento com as demais raças norte-americanas e brasileiras, sugerindo sua conservação pela sua singularidade. A Figura 6 mostra a relação genética entre as populações de bovinos brasileiras e norte-americanas de origem Ibéricas analisadas no presente estudo.

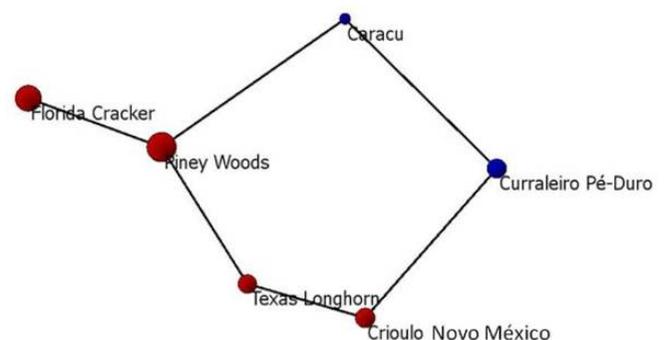


Figura 6. Distribuição espacial das relações e diversidade genética entre e dentro de populações bovinas locais criadas no Brasil (Caracu e Curraleiro Pé-Duro) e nos Estados Unidos (Flórida Cracker, Piney Woods, Texas Longhorn e Crioulo do Novo México). O diâmetro dos nós indica a variabilidade dentro de raças e as ligações indicam proximidade estrutural.

O Caracu foi o grupamento com menor variabilidade entre as raças avaliadas, indicando consanguinidade no rebanho analisado. Dentre as raças analisadas, o resultado observado nessa análise comprova que o Caracu e o Crioulo do Novo México são as raças mais próximas do Curraleiro Pé-Duro, também entre as raças de origem ibéricas isoladamente.

Os grupamentos Caracu e Curraleiro Pé-Duro, apresentam pequena introgressão de sangue zebuínio.

As raças locais brasileiras e norte americanas não se agrupam estruturalmente com taurinos comerciais nem com os zebuínos, formando um grupamento

É fundamental selecionar e manter animais dentro de cada grupo em seu estado de pureza para se evitar a introgressão de genes indesejáveis e a perda de alelos privados ou raros que conferem adaptabilidade aos diversos biomas das Américas. Urge a criação de núcleos de conservação *in situ* que incluam todas essas raças nativas em risco de extinção que serão de fundamental importância na nova pecuária sustentável e integrada ao meio-ambiente.

#### Conclusão

singular, que poderá ser explorado em cruzamentos comerciais no Brasil e nos Estados Unidos.

Mais programas de conservação *in situ* devem ser implantados com vistas a manutenção da diversidade dos rebanhos localmente adaptados, como reserva estratégica para a pecuária em ambos os países.

#### Literatura Citada

- Cañon, J., P. Alexandrino, I. Bessa, C. Carleos, Y. Carretero, S. Dunner, N. Ferran, D. Garcia, J. Jordana, D. Laloe, A. Pereira, A. Sanchez, K. Moazami-Goudarzi. 2001. Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection Evolution*, Paris. 33(3): 311-332. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-33-3-311>
- Cardoso, C. C., F. G. Lima, M. C. Fioravanti, A. A. Egito, F. C. Silva, C. B. Tanure, V. Peripolli, and C. McManus. 2016. Heat Tolerance in Curraleiro Pé-Duro, Pantaneiro and Nelore Cattle Using Thermographic Images. *Animals*: 6(2), 9. <https://doi.org/10.3390/ani6020009>
- Carvalho, G. M. C., D. M. M. R. Azevedo, A. F. Lima Neto, H. T. S. do Nascimento, S. R. Paiva, A. da S. Mariante, and H. D. Blackburn, 2012. Similaridade genética entre bovinos Curraleiro e Pé-Duro por marcadores microssatélite. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 49., 2012, Brasília, DF. A produção animal no mundo em transformação: anais. Brasília, DF: SBZ, 3 p. 1 CD-ROM.
- Carvalho, G. M. C. and H. D. Blackburn, 2011. A Novel use of Curraleiro Pé-Duro cattle for increased productivity in tropics. Workshop de Pesquisadores Brasileiros nos Estados Unidos, 1., Fort Collins. Proceedings... Fort Collins: USDA/ARS.
- Carvalho, G. M. C., L. R. Fé Da Silva, M. J. O. Almeida, A. F. Lima Neto, M. L. Beffa. 2013. Avaliações fenotípicas da raça Curraleiro Pé-Duro do Semiárido do Brasil. *Archivos de Zootecnia*. 62(237): 2-12. <https://dx.doi.org/10.4321/S0004-05922013000100002>
- Carvalho, G. M. C., M. N. L. Frota, A. F. Lima Neto, D. M. M. R. Azevedo, R. B. Araujo Neto, A. M. Araujo, E. S. Pereira, M. S. S. Carneiro. 2017. Live weight, carcass, and meat evaluation of Nelore, Curraleiro Pé-Duro, and their crossbred products in Piauí State. *R. Bras. Zootec.*, 46(5): 393-399. <http://dx.doi.org/10.1590/s1806-92902017000500004>
- Delgado Bermejo, J. V., C. J. Barba Capote, E. L. Aguirre Riofrío, R. Cabezas Congo, O. F. Cevallos Falquez, L. G. Rizzo Zamora, J. C. Vargas Burgos, F. J. Navas González, L. Á. Álvarez Franco, Consorcio Biobovis, A. Martínez Martínez. 2020. Molecular inference in the colonization of cattle in Ecuador. *Research in Veterinary Science*. 132: 357-268. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.07.011>
- Delgado, J. V., A. M. Martínez, A. Acosta, L. A. Alvarez, E. Armstrong, E. Camacho, J. Cañón, O. Cortés, S. Dunner, V. Landi, J. R. Marques, I. Martín-Burriel, O. R. Martínez, R. D. Martínez, L. Melucci, J. E. Muñoz, M. C. T. Penedo, A. Postiglioni, J. Quiróz, C. Rodellar, P. Sponenberg, O. Uffo, R. Ulloa-Arvizu, J. L. Vega-Pla, A. Villalobos, D. Zambrano, P. Zaragoza, L. T. Gama, C. Ginja. 2012. Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, Oxford. 43: 2-10. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02207.x>
- Egito, A. A. 2007. Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças bovinas no Brasil com base em Microssatélites e Haplótipos de DNA Mitocondrial: subsídios para a conservação. 246 p. Tese (Doutorado em Biologia Molecular) - Universidade de Brasília, Brasília, DF. <https://repositorio.unb.br/handle/10482/1136>

- Egito, A. A., S. R. Paiva, M. do S. M. Albuquerque, A. S. Mariante, L. D. Almeida, S. R. Castro, D. Grattapaglia. 2007. Microsatellite based genetic diversity and relationships among Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics*, London. 8 (83). <https://bmcgenomdata.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2156-8-83>
- Eusebi, P. G., A. Martinez, O. Cortés. 2019. Genomic Tools for Effective Conservation of Livestock Breed Diversity. *Diversity*, 12(1), 8. <https://doi.org/10.3390/d12010008>
- Felsenstein, J. 2007. Phylip - Phylogeny Inference Package. versão 3.67. Seattle: Department of Genome Sciences, University of Washington, 2007. <https://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>
- Gansner, E. R., S. C. North. 2000. An open graph visualization system and its applications to software engineering. *Software Practice and Experience*, London. 30: 1203-1233. [https://doi.org/10.1002/1097-024X\(200009\)30:11<1203::AID-SPE338>3.0.CO;2-N](https://doi.org/10.1002/1097-024X(200009)30:11<1203::AID-SPE338>3.0.CO;2-N)
- IBGE. 2019. Efetivo dos rebanhos por tipo de rebanho. <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>
- Jordana, J., P. Alexandrino, A. Beja-Pereira, I. Bessa, J. Cañon, Y. Carretero, S. Dunner, D. Laloé, K. Moazami-goudarzi, A. Sanchez, N. Ferrand. 2003. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds by comparative F-statistics analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 120: 73-87. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00384.x>
- Macneil, M. D., M. A. Cronin, H. D. Blackburn, C. M. Richards, D. R. Lockwood, L. J. Alexander. 2007. Genetic relationships between feral cattle from Chirikof Island, Alaska and other breeds. *Animal Genetics*, Oxford. 38: 193-197. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01559.x>
- Minch, E., A. Ruiz-Linares, D. B. Goldstein, M. W. Feldman, 1995. Microsat (Version 1.4d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data. Stanford: University of Stanford. <http://lotka.stanford.edu/microsat.html>
- Oliveira, A. P. F., J. H. Carvalho, M. M. Miretti, M. A. C. Lara, E. P. B. Contel. 2012. Genetic diversity of the Brazilian Creole cattle Pé-duro assessed by microsatellites and mitochondrial DNA. *R. Bras. Zootec.* 41: 2316-2322. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982012001100003>
- Peakall, R. O. D., and P. E. Smouse. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, Malden. 6: 288-295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
- Primo, A. T. 2010. América: conquista e colonização. Porto Alegre: Movimentos. 184.
- Primo, A. T. 1992. El ganado bovino ibérico en las Américas: 500 años después. *Archivos de Zootecnia*, Córdoba. 41: 421-432. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=278746>
- Pritchard, J. K., M. Stephens, P. Donnelly. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Rodero, A., J. V. Delgado, E. Rodero. 1992. Primitive Andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de Zootecnia*, 41: 383-400. <https://www.researchgate.net/publication/43801304>
- Silva Filho, E., M. H. Silva, J. E. G. Campelo, M. R. DeRosia, L. M. L. Pinheiro, M. J. O. Almeida. 2014. Genetic characterization of Curraleiro Pé-Duro bovine breed from a conservation herd of Brazilian Semiarid. *Genetics and Molecular Research*. 13: 2149-2154.
- Sponenberg, D. P., T. A. Olson. 1992. Colonial Spanish cattle in the USA. *Archivos de Zootecnia*. 41(extra): 401-414. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=278744>
- USDA. National Agricultural Statistics Service, 2020. [https://nass.usda.gov/Publications/Todays\\_Reports/reports/cat10120.pdf](https://nass.usda.gov/Publications/Todays_Reports/reports/cat10120.pdf)
- Zinovieva, N. A., A. A. Sermyagin, A. V. Dotsev, O. I. Boronetslaya, L. V. Petrikeeva, A. S. Abdelmanova, and G. Brem. 2019. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds – Minireview. *Agricultural Biology*. 54: 631-641. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2019.4.631eng>