

# Diversidade genética das raças Holandesa, Pardo-Suíça e Jersey no Brasil

M. J. Böck<sup>1</sup>, M. V. G. B. da Silva<sup>2</sup>, J. C. do C. Panetto<sup>2</sup>, M. F. Martins<sup>2</sup>, R. Negri<sup>3</sup> e P. I. Otto<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS, Brasil

<sup>2</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora- MG, Brasil

<sup>3</sup> Departamento de Biologia e Zootecnia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira-SP, Brasil

## Introdução

Os rebanhos de produção de leite no Brasil utilizam diversas raças bovinas, sejam elas de origem europeia ou zebuína, além de seus cruzamentos. Vacas mestiças ou cruzadas apresentam grande importância para a pecuária leiteira, pois são responsáveis por mais de 70% do leite produzido no país. Entretanto, nas regiões Sul e Sudeste, o uso da raça Holandesa (HOL) e Jersey (JER) tem especial destaque entre os produtores; todavia, o mesmo não acontece com a raça Pardo-Suíço (PS), que é pouco explorada nacionalmente em sistemas especializados de produção de leite, sendo mais utilizada como opção de cruzamento com bovinos de corte (ABCGPS, 2023). São registrados na raça HOL 2.003.911 animais, sendo 164.205 touros e 1.839.704 fêmeas (ABCBRH, 2023). Na raça JER, o número de animais puros alcança 379.616 cabeças, dos quais 272 machos e 210.879 fêmeas (ACGJB, 2023). A raça PS apresenta apenas 270.967 indivíduos registrados, dos quais 95.198 são touros e 175.769 são fêmeas, porém, vale ressaltar que, apesar do baixo número de registros, a raça PS é acompanhada por uma população significativa de animais cruzados, ultrapassando a marca de 1 milhão de indivíduos (ABCGPS, 2023). Certamente, objetivando o aumento da eficiência destas raças, é necessário a aplicação do melhoramento genético, de modo a aumentar a rentabilidade das características econômicas e a melhoria da eficiência reprodutiva. Para isso, a aplicação da seleção genômica tem contribuído significativamente, pois fornece informações mais confiáveis e precisas, permitindo, ainda, estudo mais detalhado da diversidade genética e do histórico populacional (Peripolli et al., 2018; Toro Ospina et al., 2019). Sendo assim, o objetivo foi avaliar a diversidade genética das raças Holandesa, Pardo-Suíço e Jersey, no Brasil, por meio da Análise de Componentes Principais (PCA) usando dados genômicos.

## Material e métodos

As informações genótípicas utilizados neste estudo são provenientes do banco de dados da Embrapa Gado de Leite e continham informações

de marcadores moleculares do tipo SNP, obtidos de animais de rebanhos brasileiros das raças HOL, PS e JER, escolhidos de modo a caracterizar a diversidade das três raças analisadas, além da extração de material genético de sêmen de touros vendidos por centrais de inseminação artificial. Todos os animais foram genotipados com o Illumina Bovine SNP50 Genotyping BeadChip (Illumina, San Diego, CA, Estados Unidos). Na análise de controle de qualidade dos genótipos, amostras com call rate  $\leq 0,85$ , marcadores SNP com a menor frequência de um dos alelos (MAF)  $\leq 0,01$  e call rate  $\leq 0,95$  foram excluídos. Um conjunto padronizado de 30.564 SNP, baseados na sobreposição dos marcadores das três populações foi usado para analisar cada raça. A Análise de Componentes Principais (PCA) foi executada considerando um total de 130 animais, sendo 50 HOL, 50 JER e 30 PS, utilizando-se o pacote *dartR* (Paradis et al., 2004) no *software* R.

## Resultados e discussão

Com base nos resultados do PCA foi possível distinguir as raças estudadas em dois grupos distintos: grupo A (HOL e PS) e grupo B (JER). O PCA1 explica 9,9% das diferenças genéticas entre as populações analisadas, enquanto o PCA2 explica 2,6% da diversidade genética dentro de cada uma das raças (Figura 1).

Embora atualmente a raça JER apresenta a menor proporção de touros registrados dentre as raças estudadas (0,07%), os resultados do PCA mostram que esta raça foi menos relacionada ao HOL e PS, e apresenta a maior variabilidade genética das raças avaliadas neste estudo. Isto pode ser justificado pelo uso de sêmen de touros importados de diferentes países. De acordo com Verardo et al. (2019), o JER apresenta o menor Tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), dentre os bovinos taurinos avaliados e por isso, atenção especial deve ser dada aos esquemas de acasalamento da raça, evitando-se o uso massivo de poucos reprodutores, para prevenir perdas na variabilidade genética.

O uso da seleção genômica, em conjunto com o uso da inseminação artificial e outras biotécnicas reprodutivas, simplifica e viabiliza o compartilhamento genético de diferentes animais comercializados no Brasil (Gebrehiwot et al., 2020), podendo resultar no uso repetitivo de poucos reprodutores, conforme comportamento observado na raça HOL, apresentado por Fleming et al. (2022). Neste trabalho foi possível observar que as raças Holandesa e Pardo-Suíço podem estar mais suscetíveis a perdas resultantes da depressão endogâmica, pois os animais apresentam menor variabilidade genética que

animais Jersey. Análises adicionais, como estimativa da endogamia e número efetivo populacional, podem contribuir para uma melhor compreensão da arquitetura genética destas raças.

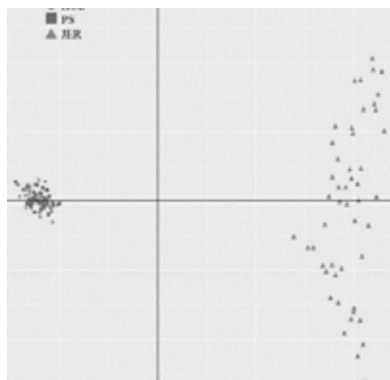


Figura 1: Análise de componentes principais (PCA) mostrando o agrupamento genético de bovinos das raças Holandês (Hol), Pardo Suíço (PS) e Jersey (Jer).

## Agradecimentos

Ao Centro de Ciências Rurais da UFSM, à FAPEMIG (Processo APQ-02750-23), CNPq, CAPES e INCT-CA/Brazil pelo suporte financeiro e técnico e Embrapa Gado de Leite pelo fornecimento dos dados necessários à realização deste estudo.

## Referências

- ABCGPS. 2023. Associação Brasileira de Criadores de Pardo-Suíço.
- Gebrehiwot, N.Z., E.M. Strucken, H. Aliloo, K. Marshall, and J.P. Gibson. 2020. The patterns of admixture, divergence, and ancestry of African cattle populations determined from genome-wide SNP data. *BMC Genomics* 21:869. doi:10.1186/s12864-020-07270-x.
- Paradis, E., J. Claude, and K. Strimmer. 2004. APE: Analyses of Phylogenetics and Evolution in R language. *Bioinformatics* 20:289-290. doi:10.1093/bioinformatics/btg412.
- Peripolli, E., N.B. Stafuzza, D.P. Munari, A.L.F. Lima, R. Irgang, M.A. Machado, J.C. do C. Panetto, R.V. Ventura, F. Baldi, and M.V.G.B. da Silva. 2018. Assessment of runs of homozygosity islands and estimates of genomic inbreeding in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle. *BMC Genomics* 19:34. doi:10.1186/s12864-017-4365-3.
- Toro Ospina, A.M., A.M. Maiorano, R.A. Curi, G.L. Pereira, M.E. Zerlotti-Mercadante, J.N. Santos Gonçalves Cyrillo, R.R. Aspilcueta-Borquis, and J.A.I. V. Silva. 2019. Linkage disequilibrium and effective population size in Gir cattle selected for yearling weight. *Reproduction in Domestic Animals* 54:1524-1531. doi:10.1111/rda.13559.