

Padrão de ancestralidade nas raças Holandesa, Jersey e Pardo-Suíça

M. J. Böck¹, M. V. G. B. da Silva², J. C. do C. Panetto², M. F. Martins², R. Negri³ e P. I. Otto¹

¹ Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS, Brasil

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG, Brasil

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

Introdução

Um dos caminhos para o aumento da produtividade leiteira no Brasil é o uso mais intensivo de raças europeias, entre as quais destacam-se as raças Holandesa (HOL), Jersey (JER) e, em algumas regiões, como Paraná, Minas Gerais e Rio Grande do Sul, a Pardo-Suíço (PS). Mediante a aplicação de metodologias adequadas em programas de melhoramento, o conhecimento dos padrões de ancestralidade ao longo das gerações, podem auxiliar na orientação e direcionamento dos melhores reprodutores a serem utilizados. Todavia, o uso massivo de poucos touros destas raças podem ter relação com a diminuição do tamanho efetivo (N_e) populacional. Atualmente, a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (ABCBRH, 2023) apresenta 2.003.911 animais registrados, sendo 164.205 touros, o que representa 8,20% da população registrada. Na raça JER, dos 379.616 registros, 272 (0,07%) são touros (ACGJB, 2023), enquanto a raça PS possui 270.967 indivíduos, com a maior porcentagem de touros registrados, de 35,13% (95.198) (ABCGPS, 2023). Por meio dos avanços tecnológicos é possível obter inovações e implementação de métodos de estimação da composição racial dos animais domésticos utilizando a genômica. Esta ferramenta auxilia nas tomadas de decisões, sendo mais assertivas e acuradas para a conservação da diversidade e seleção de características de interesse (Kuehn et al., 2011). Nessa perspectiva, objetivou-se comparar a ancestralidade de três raças taurinas (HOL, PS e JER).

Material e métodos

As informações genotípicas utilizados foram 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 $\leq 0,85$ foram excluídas, além de marcadores SNP com a menor frequência de um dos alelos (MAF) $\leq 0,01$ e call rate $\leq 0,95$. Um conjunto padronizado de 30.564 SNP, baseados na sobreposição dos marcadores das três populações foi usado como conjunto de dados para analisar cada raça. A análise de ancestralidade foi estimada usando um painel reduzido de marcadores (6.232 SNP), com base no desequilíbrio de ligação entre marcadores subsequentes. Para isso utilizou-se o pacote ADMIXTURE (Alexander et al., 2009) com agrupamentos ancestrais de $K = 2$ a 5.

Resultados e discussão

Diferentes padrões de ancestralidade foram identificados entre as raças HOL, PS e JER, para os agrupamentos de 2 a 5 avaliados (Figura 1). Quando comparadas duas populações ancestrais ($K = 2$), observou-se uma população bem definida compondo as raças HOL e PS, destacada em preto, representando 94% da composição racial, enquanto a raça JER apresentou em sua composição $> 90\%$ da população em branco (Figura 1a). Este resultado mostra que fatores como origem, domesticação e diferentes processos de seleção podem ter contribuído na composição genética. No $K = 3$, foi discriminado uma ancestralidade taurina representada em quadriculado (Figura 1b), com $\leq 5\%$ para HOL e PS, e $> 45\%$ no JER, ressaltando a diferença de ancestralidades entre as populações. No $K = 4$, uma 2ª ancestralidade taurina destacada em faixas horizontais (Figura 1c) foi predominante nas raças HOL (48%) e PS (37%). Com a inclusão da 5ª população ancestral ($K = 5$), é possível observar na forma de pontilhado a presença de uma 3ª população que compõe a origem dos animais das raças HOL (18%) e PS (14%) (Figura 1d), não sendo representativa no JER, mantendo-se apenas as populações representadas em branco (46%) e quadriculado (46%). As diferenças encontradas entre as raças podem estar associadas tanto a fatores como domesticação, quanto subdivisões geográficas (Verardo et al., 2021). Desse modo, acredita-se que ancestrais primitivos da raça HOL tiveram sua domesticação há mais de 2.000 anos, ou seja, anterior à raça JER, que foi registrada a 1.100 a.C. ao sul do Canal da Mancha, na costa da França, assim como a raça PS, cujos primeiros registros datam de 1880. A domesticação dos bovinos proporcionou a melhor exploração de produtos como carne e leite. Logo, com o avanço das pesquisas, foi possível aumentar a produtividade dos animais, aplicando-se técnicas de

melhoramento e de reprodução que permitiram a melhoria genética dos mesmos. A distinção entre as raças também pode estar associada à proibição da importação de material genético na Ilha de Jersey que corroborou para eventuais diferenças na composição genética das raças estudadas, indicando que existem questões geopolíticas entre os países que deram origem às raças. Em conclusão, a análise de composição racial permitiu diferenciar as três raças estudadas em dois grupos, sendo um grupo composto pela raça Holandesa e Pardo-Suíço e o outro grupo a raça Jersey.

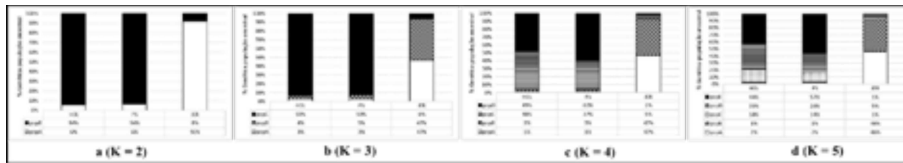


Figura 1: Composição racial média de bovinos das raças Holandês (Hol), Pardo Suíço (PS) e Jersey (Jer), utilizando-se agrupamentos de K variando de 2 a 5.

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

- Alexander, D.H., J. Novembre, and K. Lange. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research* 19:1655-1664. doi:10.1101/gr.094052.109.
- Kuehn, L.A., J.W. Keele, G.L. Bennett, T.G. McDanel, T.P.L. Smith, W.M. Snelling, T.S. Sonstegard, and R.M. Thallman. 2011. Predicting breed composition using breed frequencies of 50,000 markers from the US Meat Animal Research Center 2,000 Bull Project1,2. *Journal of Animal Science* 89:1742-1750. doi:10.2527/jas.2010-3530.
- Verardo, L.L., F.F. e Silva, M.A. Machado, J.C. do Carmo Panetto, D.R. de Lima Reis Faza, P.I. Otto, L.C. de Almeida Regitano, L.O.C. da Silva, A.A. do Egito, M. do Socorro Maués Albuquerque, R. Zanella, and M.V.G.B. da Silva. 2021. Genome-Wide Analyses Reveal the Genetic Architecture and Candidate Genes of Indicine, Taurine, Synthetic Crossbreds, and Locally Adapted Cattle in Brazil. *Frontiers in Genetics* 12. doi:10.3389/fgene.2021.702822.