



Diversidade genética de bovinos de corte por meio de marcadores microssatélites¹

Fabiane Siqueira², Roberto Augusto de Almeida Torres Junior², Luciana Correia de Almeida Regitano³, Luiz Otávio Campos da Silva², Maurício Mello de Alencar³, João José de Simone Gouveia⁴, Marcelo Cervini⁵

¹Fonte financiadora: EMBRAPA, FUNDECT

²Pesquisador da Embrapa Gado de Corte. email: fabiane@cnpgc.embrapa.br

³Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste

⁴Doutorando do Programa de Pós Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará

⁵Doutorando do Programa de Pós Graduação em Genética e Evolução da Universidade Federal de São Carlos

Resumo: Uma alternativa para atender a demanda do mercado por carne de qualidade é a utilização de cruzamentos entre raças zebuínas e taurinas adaptadas. Assim, as raças Bonsmara, Caracu e Senepol (taurinas adaptadas), Angus (taurina não-adaptada) e Nelore (zebuína) foram analisadas utilizando cinco marcadores microssatélites para avaliar a diversidade genética existente dentro e entre as raças e orientar a sua utilização em cruzamentos. Foram analisados 127 touros Bonsmara, Caracu, Senepol, Angus e Nelore e as frequências alélicas foram utilizadas para estimar diversidade gênica, conteúdo de polimorfismo informativo, probabilidade de exclusão e uma matriz de distância genética Euclideana. Considerando a média das distâncias Euclidianas, calculadas individualmente para cada marcador, a maior distância genética foi observada entre as raças Angus e Nelore (0,62) e as menores entre Caracu e as demais raças taurinas adaptadas (0,41 e 0,35 para Bonsmara e Senepol, respectivamente). Entre as taurinas adaptadas, a Bonsmara foi a que apresentou a menor distância em relação ao Angus (0,50) e a maior em relação ao Nelore (0,59). A raça Caracu apresentou distância intermediária para Angus (0,53) e Nelore (0,55). As raças Bonsmara e Caracu apresentaram distância genética, em média, 8,3% maior que a raça Senepol para matrizes Angus X Nelore, proporcionando uma expectativa de maior heterose quando cruzadas com estas matrizes.

Palavras-chave: bovinos, cruzamentos, diversidade genética, raças taurinas adaptadas

Genetic diversity in beef cattle using microsatellite markers

Abstract: Among the alternatives available to attend the demands the diverse sectors of the beef cattle chain is the crossbreeding involving tropically adapted taurine and zebu breeds. Under the conditions given, the Bonsmara, Caracu and Senepol (adapted taurine), Angus (non-adapted taurine) and Nelore (zebu) breeds were analyzed using five loci of microsatellites, with the aim of evaluate the genetic diversity within and between the breeds and guide the choice of an adapted taurine breed for crossbreeding. A total of 127 Bonsmara, Caracu, Senepol, Angus and Nelore bulls were genotyped and the allele frequencies were used to estimate gene diversity, polymorphic information content, paternity exclusion probability and a Euclidean genetic distance matrix. Considering the mean Euclidean distance across markers, the largest genetic distance was observed between Angus and Nelore breeds (0.62). The smallest distances obtained were between Caracu and the other tropically adapted taurine breeds (0.41 and 0.35 for Bonsmara and Senepol, respectively). Among the tropically adapted taurine, the Bonsmara was the closest to the Angus breed (0,50) and the most distant from Nelore (0,59). The Caracu breed showed an intermediate distance to Angus (0,53) as well as to Nelore (0,55). In relation to the genetic distance to Angus-Nelore cows, the Bonsmara and Caracu breeds presented a mean genetic distance 8.3% higher than the one for Senepol. This preliminary result gives us an expectation of higher heterosis when crossing Bonsmara or Caracu bulls to Angus X Nelore or crossing Nelore cows.

Keywords: tropically adapted taurine breeds, bovine, crossbreeding, genetic diversity

Introdução

A obtenção de bovinos de corte em sistemas de cruzamento envolvendo raças de diferentes aptidões encontra-se cada vez mais em expansão no Brasil. Embora as raças puras tenham linhagens que variam em algumas características, como tamanho, pelagem, precocidade, qualidade de carne, e que algumas delas possam se adaptar melhor a um determinado sistema de produção do que outras, os cruzamentos inter-raciais oferecem maior facilidade de adaptação aos diversos sistemas de produção, por aliarem os benefícios da heterose à flexibilidade dos cruzamentos. Segundo Ramalho et al. (1997), a distância genética evolutiva existente entre as raças envolvidas em um cruzamento, avaliada pela diferença na frequência dos genes que controlam uma

determinada característica, é uma medida extremamente importante, pois está relacionada com a obtenção de um produto com maior heterozigose e, conseqüentemente, maior heterose.

Para a maioria dos sistemas de produção brasileiros, que envolvem recria e terminação à pasto, o aumento na proporção de *Bos taurus* no animal a ser abatido para melhorar a qualidade da carne esbarra nos problemas de adaptabilidade desses animais. Para solucionar este problema, podem ser realizados cruzamentos utilizando-se raças taurinas adaptadas, reduzindo-se a proporção de sangue Zebu, mas ainda retendo altos níveis de heterose e de adaptação aos trópicos. Para todas as raças taurinas adaptadas, as características de qualidade de carne, incluindo a maciez, estão mais próximas daquelas das raças européias do que das raças indianas. Neste contexto, marcadores moleculares podem ser utilizados para identificar as raças mais divergentes, auxiliando a escolha dos materiais genéticos para cruzamentos e contribuindo para a redução do tempo despendido nas avaliações de predição do desempenho de um determinado cruzamento.

Neste trabalho, foram analisadas as frequências alélicas de cinco marcadores microssatélites nas raças Bonsmara, Caracu e Senepol (taurinas adaptadas), Angus (taurina não-adaptada) e Nelore (zebuína), visando avaliar a diversidade genética existente dentro e entre as raças de animais *Bos taurus* e *Bos indicus* e de orientar a escolha de uma raça taurina adaptada para produção de carne de qualidade.

Material e Métodos

Para a determinação das frequências alélicas dos marcadores microssatélites BMS1224, BMS1617, BMS2142, CSSM066 e ETH10 foram obtidas amostras de sêmen e de sangue de 127 touros das raças Bonsmara (26 animais), Caracu (25), Senepol (24), Angus (25, sendo 13 Aberdeen Angus e 12 Red Angus) e Nelore (27) de centrais de inseminação, de associações de raças e de criadores. Essas amostras foram escolhidas de acordo com o menor grau de parentesco possível entre os animais, levando-se em consideração a genealogia dos touros. Os DNAs genômicos foram extraídos de acordo com o método descrito por Regitano & Coutinho (2001) e quantificados em espectrofotômetro *Ultrospec 2000* (Pharmacia Biotech).

Os cinco locos de microssatélites foram amplificados individualmente por PCR, empregando-se *primers* marcados com fluoróforos. As seqüências dos *primers* referentes aos marcadores microssatélites estão descritas na base de dados do *Meat Animal Research Center* (MARC) (<http://www.marc.usda.gov>).

As análises dos produtos de PCR para os cinco marcadores foram realizadas em um seqüenciador *ABI Prism 3100 Avant* (Applied Biosystems) por meio de eletroforese capilar no Laboratório de Biologia Molecular Animal da Embrapa Pecuária Sudeste. Os genótipos foram determinados com a utilização dos programas *GeneScan* (versão 3.7.1) e *Genotyper* (versão 3.7).

As frequências alélicas foram obtidas e utilizadas para estimativa dos seguintes parâmetros: diversidade gênica (DG), conteúdo de polimorfismo informativo (PIC), probabilidade de exclusão (PE) e uma matriz de distância genética Euclideana de acordo com Weir (1996).

Resultados e Discussão

Os cinco *primers* microssatélites utilizados geraram um total de 58 alelos para as cinco raças, sendo que cada raça apresentou em média 37 alelos (63,8% do total dos alelos). O número de alelos na população estudada variou de oito (ETH10) a 18 (BMS2142). Os valores de DG, PIC e PE estão apresentados na Tabela 1.

Segundo a classificação de Botstein et al. (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,50 são considerados altamente informativos, com valores entre 0,25 e ,050 mediamente informativos, e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos. Assim, todos os locos analisados podem ser classificados como altamente informativos, variando os valores de PIC de 0,54 para o marcador ETH10 na raça Nelore a 0,86 para o marcador BMS2142 nas raças Caracu e Angus. O maior valor de PE (0,75) foi obtido para o marcador BMS2142 e o menor valor de 0,34 foi obtido para o marcador ETH10.

A matriz da distância genética estimada com base na média das distâncias Euclidianas, calculadas individualmente para cada marcador nas cinco raças de bovinos de corte, está apresentada na Tabela 2. A maior distância genética foi observada entre as raças Angus e Nelore (0,62). As menores distâncias obtidas foram entre as raças Caracu e as demais raças taurinas adaptadas (Caracu-Bonsmara = 0,41; Caracu-Senepol = 0,35). Entre as raças taurinas adaptadas a Bonsmara foi a que apresentou a menor distância em relação a raça Angus (0,50) e a maior distância em relação a Nelore (0,59). A raça Caracu apresentou distância intermediária, tanto de Angus (0,53) quanto de Nelore (0,55).

Com relação a distância genética calculada para matrizes Angus X Nelore, as raças Bonsmara e Caracu apresentaram distância genética, em média, 8,3% maior que a raça Senepol, proporcionando uma expectativa de maior heterose quando cruzada com estas matrizes. Esses resultados são preliminares, mas mostram que as raças Bonsmara e Caracu poderão ser as raças taurinas adaptadas, dentre as raças analisadas, com maiores perspectivas de otimização de heterose envolvendo, principalmente, matrizes Nelore e cruzadas Angus X Nelore.

Tabela 1. Estimativas de diversidade gênica (DG), conteúdo de polimorfismo informativo (PIC) e probabilidade de exclusão (PE) de cinco marcadores do tipo microssatélites em cinco raças de bovinos de corte.

Locos	Bonsmara			Caracu			Senepol			Angus			Nelore		
	DG	PIC	PE	DG	PIC	PE	DG	PIC	PE	DG	PIC	PE	DG	PIC	PE
BMS1224	0,84	0,82	0,68	0,81	0,79	0,63	0,74	0,70	0,52	0,69	0,66	0,49	0,73	0,69	0,50
BMS1617	0,78	0,74	0,56	0,79	0,76	0,59	0,59	0,57	0,39	0,67	0,64	0,47	0,63	0,60	0,42
BMS2142	0,82	0,81	0,67	0,88	0,86	0,75	0,74	0,71	0,54	0,87	0,86	0,74	0,80	0,77	0,62
CSSM066	0,60	0,56	0,38	0,76	0,73	0,55	0,83	0,81	0,67	0,69	0,64	0,44	0,72	0,68	0,49
ETH10	0,72	0,68	0,48	0,69	0,64	0,45	0,77	0,74	0,55	0,73	0,69	0,50	0,59	0,54	0,34

Tabela 2. Matriz de distância genética estimada com base na média das distâncias Euclidianas, calculadas individualmente para cada marcador nas cinco raças de bovinos de corte.

	Caracu	Nelore	Bonsmara	Senepol
Angus	0,53	0,63	0,50	0,57
Caracu		0,55	0,42	0,36
Nelore			0,59	0,44
Bonsmara				0,46

Conclusões

Todos os marcadores microssatélites analisados são polimórficos e informativos, podendo ser utilizados para caracterização genética de populações.

Das raças taurinas adaptadas analisadas, as raças Bonsmara e Caracu apresentaram maior distância genética de matrizes Angus X Nelore do que a raça Senepol, mostrando a viabilidade da utilização dessas raças em cruzamento para a obtenção de animais com 50% de genes taurinos. Contudo, ainda são necessários estudos adicionais para uma melhor avaliação dessas raças.

Agradecimentos

Os autores agradecem à Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (FUNDECT– Processo N° 23/200.164/2007) e ao Sistema Embrapa de Gestão (Macroprograma 3 03.07.05.008.00.00) pelo apoio financeiro concedido, bem como à Associação dos Criadores de Bonsmara, Associação Brasileira de Criadores de Caracu, Alta Genetics, Lagoa da Serra, ABS Pecplan, Sr. Lício Isfer, Sr. Diomário Faustino de Barros, Sr. Sebastião Fogaça, Sr. Aguiar de Almeida Pereira, Sr. José Neves Ferreira e Sr. Flávio Fioravanti Júnior que nos auxiliaram na obtenção das amostras de sêmen.

Literatura citada

- BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLMICK, H. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.
- RAMALHO, M; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. 6.ed. São Paulo: Globo, 1997, 359p.
- REGITANO, L.C.A.; COUTINHO, L.L. **Biologia molecular aplicada à produção animal**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001, 215 p.
- WEIR, B. S. **Genetic data analysis: methods for discrete population genetic data**. 2.ed. Sinauer Associates, Massachusetts, 1996, 445 p.