

Estrutura genética da raça Guzerá (*Bos indicus*) selecionada para leite no Brasil

Genetic structure of Guzerat breed (*Bos indicus*) under milk production selection in Brazil

Teodoro, RL^{2*}; Poggian, CF¹; Verneque, RS²; Penna, VM³; Machado, MA²;
Pires, MFA²; Peixoto, MGCD²

1 Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, Brasil.

2 Embrapa Gado de Leite, Brasil. * rteodoro@cnpql.embrapa.br

3 Centro Brasileiro de Melhoramento do Guzerá.

Suporte financeiro do CNPq e Fapemig

Resumo

A raça Guzerá adaptou-se bem às condições tropicais do Brasil e tem sido utilizada para produção de leite e carne em alguns rebanhos. Em função da redução do tamanho efetivo da população (N_e), a probabilidade de endogamia e deriva genética na raça tem aumentado. Em 1994, iniciou-se um programa de melhoramento da raça por meio do teste de progênie e do núcleo MOET. O sucesso deste programa pode ser prejudicado pelo aumento do coeficiente de endogamia (F) e perda de diversidade genética, pois os animais de maior valor genético terão maior chance reprodutiva. Nosso objetivo foi examinar a estrutura genética da população Guzerá selecionada para leite, visando minimizar a taxa de endogamia e monitorar a variabilidade genética. Dados genealógicos de 7.002 animais nascidos até 2007 foram usados para estimação dos parâmetros populacionais. O F médio dos animais endogâmicos foi 0,042 e o intervalo de gerações de 6,16 anos. A média de N_e por geração foi 60, o número efetivo de fundadores, 477 e, o de ancestrais, 164. O efeito gargalo foi 2,91. Dos 1876 ancestrais, apenas 86 foram responsáveis por 50% da diversidade genética da população referência. Os valores médios de F, até o momento, são baixos, porém o reduzido tamanho efetivo indica riscos de endogamia e perda de variabilidade na população.

Palavras-chave: Coeficiente de endogamia, Estrutura de população, Tamanho efetivo, Zebu

Abstract

Guzerat breed, well adapted to Brazilian tropical conditions has been used for milk and beef production in some farms. Due to reduced effective population size (N_e) the probability of inbreeding and genetic drift has increased in this breed. In 1994, an animal breeding program, based on progeny test and MOET selection nucleus was initiated. The success of this program can be endangered by increase in inbreeding coefficient (F) and loss of genetic diversity, since the highest breeding value animals will have a larger reproductive chance. Our objective was to evaluate the population genetic structure for Guzerat cattle under milk selection, in order to minimize inbreeding rate and monitor genetic variability. Genealogical data of 7,002 animals born until 2007 were used to estimate population parameters. Average F for inbred animals was 0,042 and the generation interval was 6.16 years. Average N_e per generation was 60, the effective number of founders was 477 and the effective number of ancestors was 164. The bottleneck effect was 2.91. Of 1,876, only 86 ancestors contributed to 50% of the reference population genetic diversity. Average F values until now are low, but the reduced effective population size indicates risk of inbreeding and loss of variability.

Keywords: Effective population size, Inbreeding coefficient, Population structure, Zebu.

Introdução

A raça Guzerá é originária da Índia, onde é conhecida por Kankrej. Por ter evoluído em região semi-árida, a raça se adaptou bem às condições tropicais do Brasil, tendo prevalecido no cenário pecuário até 1939. Considerada de dupla aptidão, a raça Guzerá vem sendo selecionada recentemente com o objetivo de melhorar a produção de carne e leite. Devido à redução do número efetivo da sua população, ela foi incluída em 1992, pela FAO, na lista de raças a serem preservadas. Em 1994 foi implementado no Brasil o programa de melhoramento da raça para produção de leite, baseado no teste de progênie e núcleo MOET de seleção.

Os resultados deste programa têm induzido ao uso em larga escala de sêmen de reprodutores de diferentes linhagens e elevado mérito genético em vários rebanhos, possibilitando maior variabilidade genética e manutenção de baixos níveis de endogamia. Segundo a ASBIA (2007), as vendas de sêmen cresceram 48% de 2002 a 2006. Por outro lado, a intensa utilização de poucos reprodutores, particularmente após a introdução de novas técnicas reprodutivas, pode resultar em aumento da taxa de endogamia nos

rebanhos e redução do tamanho efetivo da população, com conseqüente risco de depressão endogâmica e perda de diversidade genética (Weigel, 2001).

A preocupação com a redução da diversidade genética na raça Guzerá tem levado à execução de vários estudos populacionais. Segundo Faria et al. (2001), o tamanho efetivo da população da raça Guzerá registrada de 1979 a 1998 decresceu de 316 para 166, do primeiro ao último período estudado. Os autores concluíram que estes valores encontram-se no limite recomendado para evitar perdas de valor adaptativo. Para o intervalo de gerações foi encontrado valor de 7,92 anos, considerado elevado, visto que seu aumento limita a taxa de ganho genético anual. Faria et al. (2004), em estudo utilizando dados genealógicos de todos os animais da raça Guzerá registrados no país, obtiveram número efetivo de fundadores e de ancestrais de 247 e 166, respectivamente. Os autores encontraram efeito gargalo médio de 1,30, evidenciando a redução no número de reprodutores que contribuem para as gerações seguintes. Em estudos com rebanhos da raça Guzerá, Vieira et al. (2005) e Peixoto et al. (2005) estimaram valores de 0,03 e 0,05, respectivamente, para o coeficiente médio de endogamia dos indivíduos endogâmicos. Os autores consideraram estes valores dentro de níveis aceitáveis para populações sob seleção.

O objetivo deste estudo foi examinar a estrutura genética da população Guzerá sob seleção para leite para auxiliar técnicos e criadores no monitoramento da taxa de endogamia e da variabilidade genética na raça, e na implantação de estratégias que minimizem a endogamia.

Materiais e Métodos

Dados de genealogia foram obtidos dos animais pertencentes aos rebanhos participantes do Programa Nacional de Melhoramento do Guzerá para Leite, disponíveis na Embrapa Gado de Leite. Para estimar os parâmetros populacionais baseados na probabilidade de origem gênica, os dados genealógicos de todos os animais nascidos até janeiro de 2007 foram analisados, utilizando-se o software livre ENDOG v 4.0 (Gutiérrez e Goyache, 2005) e SAS (SAS, 2004), por meio do procedimento Inbreed.

O intervalo de gerações foi calculado, pela média harmônica, como a idade média dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução na população estudada e nas vias paternas e maternas de transmissão genética. O tamanho efetivo da população (N_e) foi calculado da regressão do coeficiente de endogamia individual no número de diferentes tipos de gerações traçadas (Gutiérrez e Goyache, 2005). Foram calculados os coeficientes de endogamia individuais (F) e a taxa de endogamia (ΔF) conforme Wright (1931), e a coancestralidade média da população (Gutiérrez e Goyache, 2005). O número efetivo de fundadores (f_c), proposto por Lacy (1989), bem como o número efetivo de ancestrais (f_n), proposto por Boichard et al. (1997) foram estimados, respectivamente, para determinar as contribuições dos fundadores para a geração atual e o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) que explica a completa diversidade genética da população.

Resultados e Discussão

O intervalo de geração calculado foi igual a 6,16 anos, abaixo do encontrado por Faria et al. (2001), de 7,92. O resultado encontrado neste estudo pode ser explicado pela substituição mais rápida de pais e mães nos rebanhos do programa de melhoramento do Guzerá para leite, o que permitiria um aumento na taxa de ganho genético por geração. Verificaram-se intervalos de geração de 7,52 anos na via de 121 pais e de 6,04 anos na via de 1410 mães. A substituição de touros e vacas por seus descendentes ocorreu, portanto, mais rapidamente na via materna do que na paterna, em função do uso de touros por um longo período. Espera-se que nos próximos anos o aumento de sêmen de touros disponibilizados mais precocemente pelo esquema de núcleo MOET, em relação ao tempo levado pelo teste de progênie, bem como o aumento da eficiência reprodutiva nos rebanhos possam contribuir para a redução do intervalo de geração.

Os valores calculados para o tamanho efetivo médio da população pela regressão do coeficiente de endogamia individual no número de diferentes tipos de gerações traçadas encontram-se na Tabela 1. Em populações em que informações genealógicas são escassas, estas estimativas são úteis para indicar o limite superior, inferior e "real" do N_e na população (Gutiérrez e Goyache, 2005). Na população estudada, o número máximo de gerações entre um indivíduo e seu ancestral mais distante foi 20. O N_e médio calculado por geração (60) difere do obtido por Faria (2002), que se manteve em torno de 104 durante os períodos analisados. Segundo critérios da FAO, a raça Guzerá pode ser considerada, portanto, vulnerável quanto à diversidade genética (FAO, 1981).

A matriz de parentesco incluiu 7002 animais, sendo 1146 machos e 5856 fêmeas. Entre os pais, apenas 47 possuíam 25 ou mais progênies. O coeficiente de parentesco médio entre os indivíduos da população foi estimado em 0,0055. Os coeficientes médios de endogamia (F) calculados para o conjunto completo de indivíduos, para os machos e para as fêmeas, foram, respectivamente, 0,0052; 0,0024; e 0,0057. Entre os indivíduos endogâmicos, o F médio foi 0,042, sendo 0,037 para machos e 0,042 para fêmeas. O F

máximo encontrado foi 0,25 e 0,26, para os machos e fêmeas, respectivamente. Os valores encontrados aproximam-se daqueles estimados por Vieira et al. (2005) e Peixoto et al. (2005) e não implicam em riscos de depressão endogâmica em características de interesse e perda de diversidade genética na população (Weigel, 2001).

Tabela 1. Número médio de gerações, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) para os tipos de geração

Tipos de geração	Média	ΔF (%)	N_e
Completa ¹	1,14	0,83	60,09
Máxima ²	4,95	0,06	839,97
Equivalente ³	1,97	0,42	118,40

¹ Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

² Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

³ Somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

Conforme Tabela 2, a maioria dos indivíduos endogâmicos encontra-se na classe 3, com F médio calculado em 0,0259. Na Figura 1, pode-se verificar que o F médio diminuiu no decorrer dos anos, em função da diminuição da porcentagem de indivíduos endogâmicos, provavelmente em decorrência da disseminação de sêmen de touros de outras linhagens avaliados no programa de melhoramento da raça. O pico observado no ano de 1999 decorreu da redução de nascimentos de filhos de touros do teste de progênie, devido a problemas de execução do programa. Quando considerados todos os indivíduos, notou-se aumento no F até a geração 5, com valor médio de 0,014 (de 0 a 0,26), correspondente aos animais nascidos entre 1984 e 1989, e posterior diminuição dos valores de F, conforme pode ser observado na Figura 2. Este resultado evidenciou a contribuição da disseminação de touros do programa iniciado em 1994 (geração 6).

Tabela 2. Número (N) e percentual (%) de indivíduos endogâmicos, coeficiente médio de endogamia (F), desvio padrão da média, valor mínimo e valor máximo de F por classe de endogamia

Classe de F	N	%	F	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
1	211	24,31	0,0021	0,0014	0,0001	0,0049
2	112	12,96	0,0075	0,0013	0,0050	0,0099
3	278	32,18	0,0259	0,0113	0,0103	0,0490
4	145	16,78	0,0704	0,0118	0,0511	0,0996
5	104	12,04	0,1316	0,0180	0,1006	0,1953
6	15	1,74	0,2540	0,0061	0,2500	0,2656

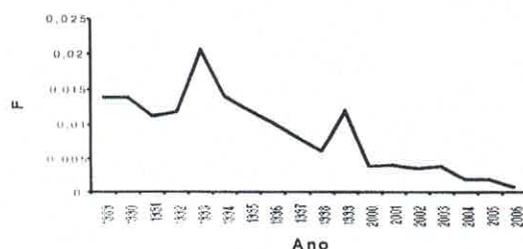


Figura 1. Tendência das médias de F em função do ano de nascimento dos indivíduos

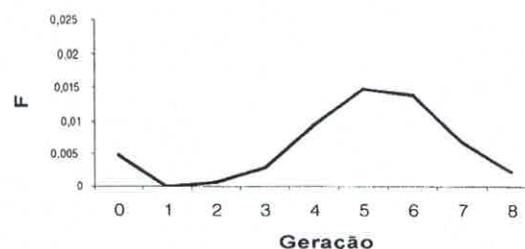


Figura 2. Tendência das médias de F em função das gerações

O número efetivo de fundadores (f_c) foi estimado em 477, e o aumento esperado da endogamia, devido à contribuição não balanceada dos fundadores, foi 0,10%. O número de ancestrais que contribuíram para a população referência foi 1876 (26,8% de 7002 animais). Destes, apenas 86 foram responsáveis por

50% da diversidade genética da população. Faria et al. (2004) verificaram que, de 1994 a 1998, apenas 50 animais responderam por 41% dos alelos presentes na população, valores um pouco menores do que os obtidos neste estudo. Porém, os autores trabalharam com toda a população registrada da raça, e alguns dos rebanhos considerados no estudo ainda utilizavam animais do próprio plantel em regime de monta natural e/ou touros de poucos rebanhos. Outro aspecto relevante é que em nosso estudo alguns indivíduos são provenientes do núcleo MOET, cujos fundadores são oriundos de diversas linhagens, o que contribui para ampliar a variabilidade genética da população.

O número efetivo de ancestrais (f_a) foi 164. O parâmetro f_a é sempre menor ou igual ao f_c . Neste estudo, foi encontrado o valor de 2,91 para f_c/f_a , que reflete a ocorrência do efeito gargalo (*bottleneck*). Faria et al. (2004), com dados de todo o efetivo registrado da raça, encontraram valores menores para f_c/f_a , iguais a 1,11 e 1,48, respectivos ao primeiro e último períodos analisados, evidenciando um aumento do efeito gargalo de um período para outro. Estes resultados indicam que na população de Guzerá sob seleção para leite, parte da população da raça Guzerá, o efeito gargalo tem sido ainda maior, porém a prática de acasalamentos dirigidos, principalmente no núcleo MOET, tem evitado o estreitamento genético da população. Risco de superestimação do número efetivo de fundadores (f_c) é particularmente severo em programas de seleção intensivos, quando o genoma de um número limitado de animais é amplamente disseminado, o que provavelmente não ocorre nesta população, uma vez que o programa de melhoramento da raça é recente.

Conclusões

Apesar de existirem animais com valores de F elevados, os valores de F médio encontrados nesta população podem ser considerados baixos. O tamanho efetivo da população, decorrente do pequeno número de ancestrais que contribuíram para a fundação da população da raça Guzerá para leite, é reduzido. Os resultados recomendam, portanto, a prática de orientações técnicas específicas quanto ao planejamento dos acasalamentos, de modo a minimizar a taxa de endogamia e a deriva genética.

Referências Bibliográficas

- ASBIA. 2006. Relatório Estatístico de Produção, Importação e Comercialização de Sêmen. 2006. <http://www.asbia.org.br/download/mercado/relatorio206.pdf> (Acessado em 19/06/2007).
- Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29: 5-23.
- FAO. 1981. Animal Production and Health Papers - 24.
- Faria, F.J.C. 2002. Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas. Belo Horizonte, MG, EV-UFGM. 177 pp. (Tese DS)
- Faria, F.J.C.; Vercesi Filho, A.E.; Madalena, F.E.; Penna, V.M.; Josahkian, L.A. 2004. Variabilidade genética da raça Guzerá. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, Pirassununga, SP.
- Faria, F.J.C.; Vercesi Filho, A.E.; Madalena, F.E.; Penna, V.M.; Josahkian, L.A. 2001. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Guzerá. *Anais da 38ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia*. Vol. CD ROM.
- Gutiérrez, J.P.; Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genetics* 122: 172-176.
- Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology* 8: 111-123.
- Peixoto, M.G.C.D.; Verneque, R.S.; Teodoro, R.L.; Penna, V.M.; Martinez, M.L. 2006. Genetic trend for milk yield in Guzerat herds participating in progeny testing and MOET nucleus schemes. *Genet. Mol. Res.* 5 (3): 454-465.
- SAS Institute. 2002. SAS Users Guide: Statistics, Version 9.1. Cary: SAS Institute.
- Vieira, H.C.M.; Vozzi, P.A.; Zambianchi, A.R.; Bezerra, L.A.F.; et al. 2005. Estudo da endogamia em bovinos da raça Guzerá participantes do programa de melhoramento genético. *Anais da 42ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Goiânia, GO, Brazil*, Vol. CD Rom.
- Weigel, K.A. 2001. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. *J. Dairy Sci.* 84 (E. Suppl.): E177-E184.
- Wright S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16: 97-159.



V CONGRESO INTERNACIONAL DE GANADERIA DE DOBLE PROPOSITO

XX REUNION ASOCIACION LATINOAMERICANA DE PRODUCCION ANIMAL (ALPA)
XXX REUNION ASOCIACION PERUANA DE PRODUCCION ANIMAL (APPA)
V CONGRESO INTERNACIONAL DE GANADERIA DE DOBLE PROPOSITO



Del 21 al 25 Octubre 2007 - Cuzco - Perú

INFORMES: appa.alpa2007@gmail.com inscripciones.alpa2007@gmail.com
www.alpa.org.pe

