



ESTRUTURA GENÉTICA DE RAÇAS BOVINAS LOCAIS E EXÓTICAS CRIADAS NO BRASIL E NOS ESTADOS UNIDOS.

Geraldo Magela Côrtes Carvalho¹, Anísio Ferreira Lima Neto¹, Danielle Maria Machado Ribeiro Azevêdo¹, Hoston Tomás Santos do Nascimento¹, Arthur da Silva Mariante², Samuel Resende Paiva², Harvey D. Blackburn³

¹ Embrapa Meio-Norte, Produção Animal, geraldo@cpamn.embrapa.br

² Embrapa Cenargen, Recursos Genéticos, samuel.paiva@embrapa.br; arthur.mariante@embrapa.br;

³ Serviço de Pesquisa Americano ARS/USDA, Fort Collins, CO, USA, harvey.blackburn@ars.usda.gov

Resumo: Os bovinos de origem Ibérica que povoaram o Continente Americano seguiram diferentes rotas e, conseqüentemente, populações distintas se formaram. Mais recentemente, seguidas importações de bovinos especializados modificaram a estrutura genética da população bovina nesse Continente. Teve-se acesso aos dados que mostram a diversidade genética de raças desde a remota Ilha Chirikof, no Alaska, passando por raças de origem francesa (Saler, Limosin, Charolais, Simental e Tarantaise), britânica (Hereford, Shorthorn, Angus, Scottish Highland) e locais de origem espanhola (Texas Longhorn, Florida Cracker, Criollo e Piney Woods), nos Estados Unidos. No Brasil foram incluídas as raças zebuínas Nelore e Gir; e das raças locais o Caracu e Curraleiro Pé-Duro, de origem portuguesa. Da variação genética total, 25% foi entre raças e 75% dentro de raça. As estruturas populacionais mostraram pouca introgressão na maioria das populações e uma nítida difenciação entre zebuínos, locais brasileiras e locais e comerciais norte-americanas. Nos resultados, os grupamentos raciais se agruparam conforme suas origens históricas, respectivamente, formando seis grupos (K=6). A distância genética entre populações raras e raças comerciais indicam que existe uma complementaridade que poderá ser usada em programas de melhoramento genético com vistas aos ganhos da heterose, o que por si só justifica a continuidade das pesquisas e preservação desses singulares recursos genéticos.

Palavras-chave: biodiversidade genética, microsatélite, bovino

Introdução

Segundo Frankham et al. (2000) somente com a intervenção humana é possível garantir a sobrevivência de grupos em risco de extinção. Como a diversidade genética é a base evolucionária para as espécies responderem a mudanças ambientais, conhecer a estrutura genética de populações de animais domésticos em diferentes ambientes amplia o conhecimento acerca do patrimônio genético e direciona as atividades de preservação destes, seja *in situ* ou *ex situ*. A espécie bovina, na atualidade,



está presente na América 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.

A introdução zebuína no Brasil e os cruzamentos desordenados que se seguiram determinaram a substituição das raças locais em diversas regiões do país, levando a 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). Assim sendo, o presente trabalho visa uma análise da estrutura, da distância, e da “pureza” genética em raças raras e comerciais, criadas no Brasil e nos Estados Unidos.

Material e Métodos

Foram avaliadas 19 raças bovinas, locais e exóticas, criadas no Brasil e nos Estados Unidos. As raças foram escolhidas por sua raridade ou por sua importância econômica (Tabela 1).

Tabela 1: Descrição dos rebanhos analisados, criados no Brasil e nos Estados Unidos da América do Norte.

Raça	Chirikof	Scottish	Hereford	Saler	Limosin	Simental	Charolais	Tarantaise	Angus	Red An
Número	24	18	21	21	17	19	18	9	22	18
Origem	Sib	Esc	Bri	Fra	Fra	Fra	Fra	Fra	Bri	Bri
Raça	Shorthorn	Texas Longhorn	Florida Cracker	Piney Woods	Criollo	Curraleiro Pé-Duro	Caracu	Gir	Nelore	-
Número	15	13	5	18	30	48	33	32	22	-
Origem	Bri	Esp	Esp	Esp	Esp	Por	Por	Índ	Índ	-

Sib: Sibéria; Esc: Escócia; Bri: Britânica; Fra: França; Esp: Espanha; Por: Portugal; Índ: Índia.

As genotipagens foram realizadas em laboratório do ARS/USDA, Estados Unidos, com 34 microsátélites. O programa Genalex foi usado para calcular o número de alelos por *locus*, alelos privados, e análise de variância molecular (AMOVA) e a heterosigosidade; o Fstat para determinar a distância entre raças e endogamia dentro das raças (F_{st} e F_{is}); o Structure foi usado em 300.000 interações após 50.000 rodadas, em três replicas, cuja média foi analisada no programa Distruct.

Resultados e Discussão

A AMOVA indicou que 25% da variação total foi entre raças e 75% dentro de raça. 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.

A raça Caracu apresentou a menor diversidade (heterosigiosidade esperada (H_e) = 0.54), fato também observado por Egito et al. (2007), enquanto a Gir e o Criollo norte-americano apresentaram a maior diversidade (H_e = 0.68). Os grupos Angus preto e vermelho, Texas Longhorn e Criollo norte-americano apresentaram as menores distâncias (F_{st}), respectivamente, de 0,33 e 0,37. Já a distância entre as raças locais criadas no Brasil e as criadas nos Estados Unidos se mostrou moderada, variando de 0,70 entre Curraleiro Pé-Duro e Caracu até 0.96 entre Curraleiro Pé-Duro e Texas Longhorn.

Como esperado, os zebuínos se mostraram próximos entre si (F_{st} = 0.56), mas distante dos demais. Por outro lado, as raças locais brasileiras se colocaram distintamente das demais taurinas norte-americanas. O índice de consanguinidade (F_{is}) nos rebanhos brasileiros foi de 0,061; 0,065; 0,144 e 0,095, respectivamente para o Curraleiro Pé-Duro, Caracu, Gir e Nelore, resultados semelhantes aos de Egito et al. 2007, para essas mesmas raças, em rebanhos distintos. 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 1.

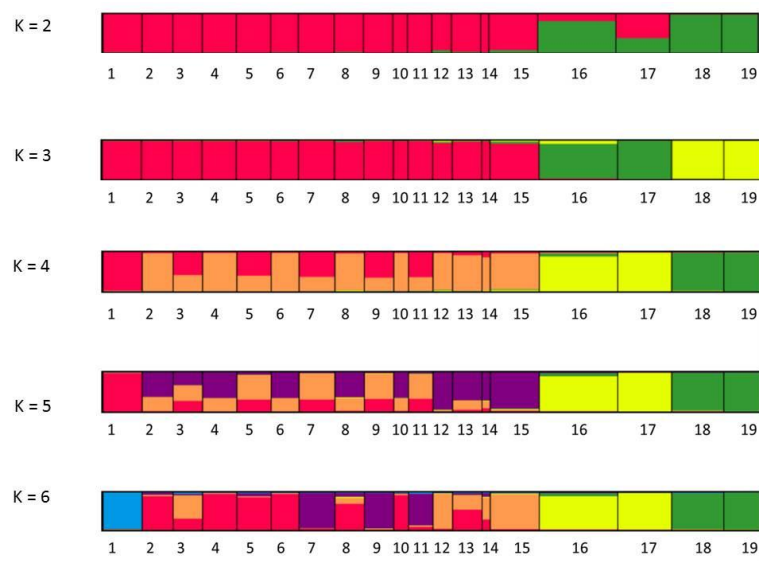


Figura 1: Diferenciação racial (STRUCTURE) quando o número de populações assumida (K) foi igual a 2, 3, 4, 5 e 6. O tamanho de cada segmento é definido pelo tamanho da amostra. 1: Chirikof; 2: Simental; 3: Scottish Highland; 4: Saller; 5: Hereford; 6: Limosin; 7: Angus; 8: Charolais; 9: Angus Vermelho; 10: Tarantaise; 11: Shorthorn; 12: Texas Longhorn; 13: Piney woods; 14: Florida Cracker; 15: Criollo; 16: Curraleiro Pé-Duro; 17: Caracu; 18: Gir e 19: Nelore.

Analisando a estrutura das populações pelo método Bayesiano (STRUCTURE) pode-se assumir que o número verdadeiro de populações (K) é igual a 6. Quando o $K=2$, agrupa-se de um lado os bovinos norte-americanos e do outro os brasileiros, entretanto o Caracu se posicionou intermediariamente e o Curraleiro Pé-Duro mais próximo aos zebuínos. 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.

Os seis grupos ficaram assim definidos: os zebuínos Gir e Nelore formaram o primeiro grupo; seguido das raças locais Curraleiro Pé-Duro e Caracu; Angus (preto e vermelho) e Shorthorn; Hereford e Scottish Highland; as de origem francesa; as locais de origem espanhola e a Chirikof do Alaska. 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.

Conclusão

As populações se agruparam conforme sua origem geográfica. Os zebuínos e as raças locais brasileiras são distintas das demais raças norte-americanas. A distância genética entre populações raras e comerciais indicam a possibilidade de uso em cruzamentos com vistas aos ganhos da heterose. Todavia mais rebanhos e raças precisam ser investigados.

Agradecimentos

Os autores agradecem às Associações de Criadores e aos criadores privados, no Brasil e nos Estados Unidos, pela utilização dos rebanhos analisados. A realização desse projeto só foi possível devido à parceria entre a EMBRAPA e o NAGP – ARS/USDA. Este trabalho teve o apoio financeiro da EMBRAPA LABEX-USA.

Referências Bibliográficas

- EGITO, A. A.; PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; MARIANTE, A. S.; D'ALMEIDA, L.; CASTRO, S. R.; GRATTAPAGLIA, D. Microsatellite based genetic diversity and relationships among Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. **BMC Genetics**, v. 8, n. 83, p. 1-14, 2007.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D. & BRISCOE, D. A. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press. 2002.
- MACNEIL, M. D.; CRONIN, M. A.; BLACKBURN, H. D.; RICHARDS, C. M.; LOCKWOOD, D. R. & ALEXANDER, L. J. Genetic relationships between feral cattle from Chirikof Island, Alaska and other breeds. **Animal Genetics**, v. 38, p. 193-197, 2007.
- PRIMO, A. T. El ganado bovino ibérico en las Americas: 500 años despues. **Arch Zootec**, v. 41, p. 421-432, 1992.