

Parâmetros populacionais da raça Shorthorn criada no Brasil.

Mario Luiz Piccoli¹, José Braccini Neto², Concepta Margaret McManus Pimentel²,
Jaime Araújo Cobuci², Júlio Otávio Jardim Barcellos², Luís Telo da Gama³

¹ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFRGS/Porto Alegre. Bolsista Capes. e-mail: mario.piccoli@ufrgs.br

² Professores do Departamento de Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS/Porto Alegre. e-mail: jose.braccini@ufrgs.br

³ Professor da Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Técnica de Lisboa, Portugal. e-mail: ltgama@fmv.utl.pt

Resumo: O objetivo deste estudo foi caracterizar a estrutura populacional e a diversidade genética da raça Shorthorn, criada no Brasil utilizando os dados dos registros genealógicos sob controle da Associação Nacional dos Criadores a partir de 1897 até 2010, totalizando 37.751 animais. A endogamia média foi de 1,60% na população total e 2,37% na população de referência. O intervalo médio entre gerações foi de 6,03. O tamanho efetivo calculado como em Falconer and Mackay (1996) foi 503,17. Os indicadores apontam para uma boa diversidade genética, porém o pequeno número de registros nos últimos anos, ficando aquém dos valores recomendados pela FAO, coloca a raça em risco de extinção.

Palavras-chave: endogamia, estrutura populacional, intervalo entre gerações, tamanho efetivo.

Abstract: The aim of this study was to characterize the population structure and genetic diversity of the Shorthorn breed, raised in Brazil using data from pedigree records under the control of the National Association of Breeders from 1897 to 2010, totaling 37,751 animals. The inbreeding coefficient was 1.60% in the whole population and 2.37% in the reference population. The average generation interval was 6.03. The effective population size calculated as in Falconer and Mackay (1996) was 503.17. The indicators point to a good genetic diversity, but the small number of registrations in recent years, below FAO recommendations, put the breed at risk of extinction.

Keywords: endogamy, population structure, generation interval, effective size.

Introdução

Os animais da raça Shorthorn são de origem Britânica, e se caracterizam por serem de porte mediano e precoces sob o aspecto reprodutivo, de crescimento e de terminação. A Shorthorn foi uma das principais raças de corte criadas em todos os países sendo utilizada em programas de formação de raças sintéticas tais como Beefmaster e Santa Gertrudis nos EUA, Bonsmara na África do Sul, Belmont Red, Droughtmaster, Murray Grey na Austrália e cruzamento industrial no Brasil.

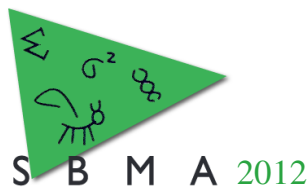
A raça Shorthorn foi introduzida no Sul do Brasil em fins do século XIX e teve uma boa adaptação ao clima subtropical e ao sistema de pastagem da região. O primeiro registro efetivado na raça foi no ano de 1906 com o touro Count Barrington nascido em 1897 na Inglaterra. A partir de sua introdução, a raça teve uma fase de ascensão verificada pelo crescente número de registros, isto até o ano de 1961. Posteriormente iniciou uma fase de declínio verificada até os dias de hoje. Entre os anos de 1975 e 1985 foi aberto o livro de registro genealógico e animais Lincoln Red foram maçoicamente utilizados.

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros populacionais, tais como nível de endogamia, grau de parentesco, intervalo entre gerações, fornecendo subsídios para o programa de melhoramento e conservação da raça Shorthorn no Brasil.

Material e Métodos

Dados de pedigree são provenientes de animais puro de origem da raça Shorthorn sob registro na Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares. Os registros foram consistenciados quanto ao pedigree, sexo, data de nascimento e registros repetidos. Após as consistências o conjunto de dados foi formado por 37.751 registros de nascimento entre os anos de 1897 a 2010.

Os registros de pedigree foram utilizados para análise de estrutura genética da população usando o software ENDOG V.4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005). Se obteve os coeficiente de endogamia de cada animal com base no numerador da matriz de parentesco e a taxa de endogamia anual ($\Delta F/a$) e por geração ($\Delta F/g$), esta última calculada através de $\Delta F/g = L * (\Delta F/a)$, onde L é o intervalo médio entre



gerações que foi calculado para as 4 linhas de seleção (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha) e o tamanho efetivo (N_e) da população, sendo $N_e = 1/2(\Delta F/g)$. Também foi calculado o índice de conservação genética (GCI) que traduz a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree do animal. A população de referência foi definida como os animais nascidos nos anos de 2008 a 2010.

Resultados e Discussão

A raça Shorthorn teve um crescimento nas décadas de 40 e 50 tornando-se a segunda raça de origem britânica em importância no Brasil. Os registros nestas duas décadas estiveram na faixa de 600 a 900 animais ao ano. Posteriormente, o número de animais registrados apresentou diminuição ano após ano e em 2010 somente 68 animais tiveram seus registros oficializados (Figura 1), causando preocupação quanto à continuidade desta raça no país. Segundo a FAO, pelo número de animais registrados nos últimos anos, a raça fica enquadrada na categoria em risco de extinção.

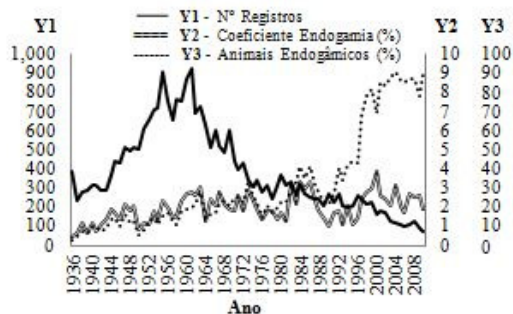


Figura 1. Número de animais registrados (Y1), coeficiente de endogamia (Y2) e percentual de animais endogâmicos (Y3).

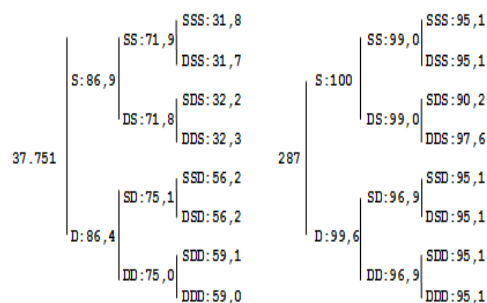
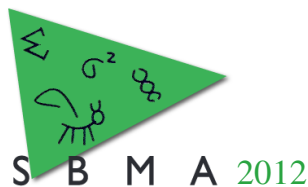


Figura 2. Percentagem média de touros (s), vacas (D), avós paternos e maternos (SS, DS, SD, DD) e bisavós (SSS, DSS, SDS, DDS, SSD, DSD, SDD e DDD) conhecidos para a população total (esquerda) e de referência.

O nível de preenchimento do pedigree analisado até a terceira geração, para a população total e de referência, está apresentado na Figura 2. Estas informações apresentadas nos diagramas de parentesco dos animais registrados, evidenciam que a medida em que regrediu-se no arquivo de pedigree foi-se perdendo informações sobre a ascendência dos animais e está associada ao fato de que, em geral, nos animais importados somente se dispunha da informação de seus pais.

A endogamia média foi de 1,60 e 2,37%, respectivamente, para a população total e de referência. O coeficiente de endogamia médio por ano é apresentada na Figura 1. Este variou entre 0,5% e 4,0%, ficando sempre abaixo dos 5%, valor este referenciado pela FAO para considerar uma raça não ameaçada de erosão genética. Se observou uma diminuição dos valores de endogamia por ocasião da abertura do livro genealógico ocorrida entre os anos de 1975 a 1985. Esta diminuição foi efetiva até o ano de 1996, porém entre o período de 1982 a 1986 os patamares foram altos causados pelo uso massivo de poucos reprodutores Lincoln Red. Com o fechamento do livro genealógico e o uso de novos e poucos reprodutores Shorthorn, os níveis de endogamia voltaram a crescer e em 2000 alcançou o valor de 4%. Estes valores na última década oscilaram entre 2% e 3%. Estes valores se assemelham aos encontrados por Márquez et al. (2010) na raça Red Angus a partir do ano de 1975 e inferiores aos reportados por Cleveland et al. (2005) em Hereford.

Em 2010, 90% dos animais apresentaram algum valor de endogamia. Na população de referência 87,81% dos animais apresentaram valores de endogamia abaixo de 6,25% e somente 3,5% apresentaram valores acima de 25% (Figura 1).



IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

João Pessoa, PB – 20 a 22 de junho de 2012

O intervalo entre gerações médio obtido sobre o total da população para as quatro linhas de seleção foi de $6,03 \pm 7,14$. Valores similares foram obtidos por Mc Parland et al. (2007) que obtiveram intervalo entre gerações de 6,09 e 6,03 respectivamente para animais da Raça Angus e Hereford, enquanto Cleveland et al. (2005) com animais Hereford e Márquez et al. (2010) com animais Angus reportam valores 4,88 e 4,75, respectivamente.

A estimativa do tamanho efetivo (N_e) é dependente do intervalo entre gerações, da taxa anual de endogamia e do conjunto ou subconjunto de dados utilizados. O valor que foi obtido para N_e , utilizando a população total, calculado a partir da taxa de consanguinidade por geração como em Falconer and Mackay (1996) foi de 503,17. O N_e é um parâmetro populacional e é definido como o tamanho de uma população idealizada que daria origem à mudança nas frequências genotípicas ou na taxa de endogamia observada na população real (Wright, 1938). As baixas taxas encontradas e a variação da endogamia podem estar associadas a mudança de origem dos genes introduzidos na população. Cleveland et al. (2005) analisando a estrutura populacional do Hereford estimaram o N_e para o período de 1990 a 2001 em 85 e Mc Parland et al. (2007) obtiveram N_e igual a 64 para o Hereford enquanto que para a raça Angus não foi possível estimar devido a taxa de endogamia ser negativa. Márquez et. al. (2010) obtiveram o valor de N_e igual a 445 usando um subconjunto de animais Red Angus nascidos entre os anos de 1975 a 2005.

Foi calculado o Índice de Conservação Genética (GCI), que pode ser usado para maximizar a retenção da contribuição genética a partir de diferentes fundadores, sendo que valores maiores representam indivíduos com uma representação mais equilibrada de todos os fundadores. Na população total o valor médio do GCI foi de 7,37 e na população de referência o valor médio de GCI foi de 36,59, variando entre 1,33 a 85,03. Ao longo dos anos tem se observado elevação no GCI medido pelo coeficiente de regressão 0.1551 ± 0.0017 ($P < 0,0001$).

Pelo relatório da ASBIA de 2010, houve uma evolução na comercialização de sêmen de animais Shorthorn entre 2006 e 2010 na ordem de 64,66% e nominalmente neste intervalo a média foi de 1.118 doses comercializadas. Por outro lado no mesmo ano, somente quatro criadores efetivaram registro da raça junto a Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares. Estes dados indicam a continuidade do uso da raça no Brasil, porém, este uso não está contribuindo para o crescimento da raça em rebanhos puros de origem.

Conclusões

Existe diversidade genética na raça Shorthorn, porém os parâmetros de número de animais registrados e número de criadores ativos são alarmantes quanto a manutenção desta diversidade e a continuidade da raça no Brasil.

Literatura citada

- CLEVELAND, M.A., BLACKBURN, H.D.; ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **J. Anim. Sci.** 83:992–1001. 2005.
- FALCONER, D.S. AND MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**, 4th ed. Longmans Green: Harlow, Essex, UK. 1996. 464p.
- GUTIÉRREZ, J. P., AND GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **J. Anim. Breed. Genet.** 122:172–176. 2005.
- MÁRQUEZ, G. C., SPEIDEL, S. E.; ENNS, R. M.; GARRICK, D. J. Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. **J. Anim. Sci.** 88:59–68. 2010.
- MC PARLAND, S., J. F. KEARNEY, M. RATH, AND D. P. BERRY. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **J. Anim. Sci.** 85:322–331. 2007.
- WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. **Science**, 87:430-431. 1938.