



## ESTRUTURA DE LINHAGENS E VARIABILIDADE GENÉTICA NA RAÇA NELORE

PEDRO ALEJANDRO VOZZI<sup>1,2</sup>, CINTIA RIGUETTI MARCONDES<sup>3</sup>, LUIZ ANTONIO FRAMARTINO BEZERRA<sup>4</sup>, RAYSILDO BARBOSA LÓBO<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Apoio Financeiro: CAPES, PRONEX – CNPq, FAPESP, ANCP

<sup>2</sup> Aluno de mestrado, FMRP – USP, Departamento de Genética. pavoizzi@genbov.fmrp.usp.br

<sup>3</sup> Pesquisadora da ANCP, cimarcon@genbov.fmrp.usp.br

<sup>4</sup> Analista de sistemas, FMRP – USP, Departamento de Genética

<sup>5</sup> Professor Associado, FMRP – USP, Departamento de Genética.

**RESUMO** - Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene foram utilizados para avaliar a diversidade genética e a estrutura de linhagens nas variedades padrão e mocho da raça Nelore. As duas variedades apresentaram valores semelhantes de variabilidade genética, onde 60 ancestrais são responsáveis pelo *pool* gênico presente em cada variedade. A estrutura de linhagens foi semelhante nas duas variedades com predomínio da linhagem Karvadi com mais de 20% de genes em cada variedade. Os valores de variabilidade resultantes do estudo situam a raça Nelore como em estado de monitoramento, onde poucas famílias efetivamente participam da reprodução.

**PALAVRAS-CHAVE:** acasalamentos, deriva genética, Nelore, probabilidade de origem do gene

### STRUCTURE OF LINEAGE AND GENETIC VARIABILITY IN NELORE CATTLE

**ABSTRACT** - Parameters based in the gene origin probability was utilized to evaluated the genetic diversity and the structure of lineages in the varieties Nellore and polled Nellore. The two varieties showed similar values of genetic variability, where 60 ancestors were reliable for the *genic pool* for each variety. The lineage structure was similar with predominance of Karvadi lineage with more than 20% of genes in each variety. The value of genetic variability place the Nellore cattle in a advise state, where only few families effectually participated of the reproduction.

**KEYWORD:** mating, drift genetic, Nellore, probability of gene origin

### INTRODUÇÃO

Estima-se que o número de zebuínos importados da Índia não superou as 7.000 cabeças de animais, onde seis reprodutores contribuíram significativamente com cerca de 20% dos genes na formação do rebanho Nelore nacional (Magnabosco et al., 1997), correspondendo ao reprodutor Karvadi Importado a maior participação com aproximadamente 11% dos genes na atual população de reprodutores avaliados geneticamente pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore – Universidade de São Paulo (Vozzi et al., 2003). A desigual contribuição dos principais descendentes dos reprodutores importados, as metodologias estatísticas para estimar parâmetros e valores genéticos, o aumento da variância no tamanho das famílias e a permanência desses touros por longos períodos nas centrais de inseminação está contribuindo ao aumento nos níveis de endogamia e provocando a diminuição do tamanho efetivo da população na Raça Nelore.

Na literatura sobre o gado indiano não são encontrados relatos sobre raças ou variedades desprovidas de chifres, sendo apenas encontrados animais mochos descornados artificialmente. No ano de 1957, nasceu na fazenda Santa Marina um bezerro filhos de pais registrados, puros de origem, com uma característica peculiar para a raça Nelore (e nas raças índicas em geral), era mocho de nascimento. O bezerro recebeu o nome de Caburey e foi selecionado e mantido para reprodução na fazenda de nascimento. Caburey foi acasalado com vacas de excelente caracterização racial, dando produtos 100% mochos, evidenciando o caráter dominante da característica. O emprego intenso do touro Caburey no rebanho Nelore da Fazenda Santa Marina, inclusive por consangüinidade, fixou o caráter e deu origem a um rebanho com importantes características econômicas. Marcondes (2003) avaliou a estrutura de linhagens nos touros TOP 1% para a característica *stayability* (habilidade de permanência no rebanho), a qual expressa a probabilidade de permanência da vaca no rebanho até os seis anos de idade, parindo pelo menos três vezes. Um fato destacado por Marcondes (2003) é que a maioria dos descendentes de cada linhagens identificadas como importantes para a característica (Karvadi, Godhavari e Rolex) pertencem à variedade mocho (portanto as vacas mochas seriam mais longevas que as vacas padrão). A identificação da

*performance* para cada característica por linhagem e variedade poderia ser um auxílio importante nos acasalamentos tentando, complementar características e corrigir defeitos por meio do acasalamento entre linhagens ou inclusive entre diferentes variedades.

Os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene representados pelo Número efetivo de fundadores, de ancestrais e de genomas remanescentes têm sido utilizados para avaliar a variabilidade genética em diferentes raças bovinas (Boichard et al., 1997; Faria, 2002). Tais parâmetros resultam mais convincentes e fáceis de interpretar que os derivados dos níveis de endogamia para quantificar o efeito da seleção e deriva genética nas populações (Boichard et al., 1997), especialmente quando as informações de *pedigree* são incompletas e poucas gerações são traçadas no *pedigree* dos animais, como é o caso da raça Nelore, além de oferecer resultados fáceis de interpretar e apresentar importante sensibilidade a mudanças nos critérios de seleção entre duas gerações.

O presente estudo teve como objetivo comparar a variabilidade genética nas variedades padrão e mocho da raça Nelore por meio de parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene e determinar a contribuição dos principais ancestrais e famílias nos animais padrão e mocho do PMGRN, nascidos entre os anos 2000 e 2001.

### MATERIAL E MÉTODOS

Foram analisados animais nascidos entre os anos 2000 e 2001 das variedades padrão e mocho da raça Nelore pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore.

A variabilidade genética foi determinada pelos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene: Número efetivo de fundadores ( $N_f$ ), de ancestrais ( $N_a$ ) e de genomas remanescentes ( $N_g$ ), em que  $N_f$  representa o número de animais fundadores com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada;  $N_a$  o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população e  $N_g$  indica o número de fundadores com igual contribuição que não teria perda de alelos fundadores e que produziria a mesma diversidade genética da encontrada na população. O software utilizado foi o *prob\_orig.exe* presente no pacote PEDIG<sup>®</sup> (Boichard, 2002)

A contribuição marginal dos principais ancestrais foi utilizada para a determinação da contribuição genética das principais linhagens em cada variedade.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 1 são apresentados os valores de variabilidade genética resultantes das análises.

TABELA 1. Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene nas variedades padrão e mocho

	$N_f$	$N_a$	$N_g$	a*	b*
Nelore Padrão	87,2	59,8	39,4	8,7	39,3
Nelore Mocho	107,9	61,5	34,5	6,9	44,9

$N_f$ : Número efetivo de fundadores;  $N_a$ : Número efetivo de ancestrais;  $N_g$ : Número efetivo de genomas remanescente; a: porcentagem de genes contribuídas pelo principal ancestral; b: Porcentagem de genes contribuídas pelos 20 principais ancestrais

O número efetivo de fundadores ( $N_f$ ) apresentou valor superior na variedade mocho, embora o número efetivo de ancestrais ( $N_a$ ) tenha sido praticamente igual nas duas variedades, onde aproximadamente 60 ancestrais são responsáveis pela diversidade genética presente em cada variedade. Observa-se que o número efetivo de genomas remanescentes ( $N_g$ ) na variedade mocho foi menor, portanto a perda de alelos fundadores foi mais acentuada nessa variedade. O principal ancestral nas duas populações foi o animal Karvadi Imp., com maior participação na variedade padrão. A porcentagem de genes contribuída pelo principal ancestral (a), os 20 principais ancestrais (b) (Tabela 1) entre os 30 principais foram superiores na variedade mocho, possivelmente pelo uso da consangüinidade em linha para a fixação da característica mocho. No mocho, 20 ancestrais respondem aproximadamente com 45% dos genes na população, na variedade padrão os principais 20 ancestrais contribuíram com 40% dos genes nos animais padrão nascidos entre 2000 e 2001. Na variedade padrão a linhagem Karvadi teve predomínio genético com aproximadamente 25% dos genes, sendo os reprodutores Karvadi IMP, Ludy de Garça, Gim de Garça, 1646 da MN e Fajardo da GB os de maior contribuição. As linhagens Taj Mahal, Kurupathy e Golias Ihe seguem em

contribuição através dos touros Taj Mahal I, Amedaba e Bhajol POI da ZEB respectivamente com aproximadamente nove por cento dos genes, portanto 35% dos genes na variedade padrão são provenientes dos descendentes de quatro reprodutores. Na variedade mocho, novamente a linhagem Karvadi teve a maior contribuição genética com 20% de genes, através dos reprodutores Karvadi IMP, Ludy de Garça, Rapiho da SI, Dingo OB e Origmo (os dois últimos também participantes da linhagem Taj Mahal). A linhagem Godhavari foi a segunda mais importante para a variedade mocho. O reprodutor Neófito (filho de Godhavati IMP.), com quase cinco por cento dos genes no rebanho mocho, foi o segundo reprodutor com a maior contribuição marginal detectado na variedade. A utilização do reprodutor e seus principais descendentes na fixação da característica mocho pode ser umas das causas da importante contribuição marginal da família. Da mesma maneira, a linhagem Rolex praticamente não teve contribuição na variedade padrão, sendo para a variedade mocho a terceira em participação alélica. Os touros Cardeal e Chave de Ouro foram os animais com maior contribuição dentro da linhagem. Apesar do último compartilhar genes com a Linhagem Karvadi teve uma importante participação de genes no mocho. Pode-se observar que as mesmas famílias constituem o germoplasma das duas variedades, observando em alguns casos que a contribuição genética de um touro muda com a variedade e também que algumas linhagens apresentam contribuição predominante no mocho e outros no padrão como foi o caso das famílias dos touros Godhavari IMP. e Rolex IMP. no mocho, porém a estrutura genética das variedades é semelhante.

### CONCLUSÕES

Não houve diferenças de variabilidade genética detectada na análise de *pedigree* efetuada entre as variedades padrão e mocho na raça Nelore. Os parâmetros encontrados no estudo indicam que o monitoramento da variabilidade genéticas nas duas variedades deve ser implementado. A estrutura de linhagens nas duas variedades foi semelhante.

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOICHARD, D; MAIGNEL, L; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetics variability in a population. **Genet Sel Evol** 29. 5-23. 1997.
- BOICHARD, D. Pedig: a Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2002. Disponível em <<http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/pedig/pedigE>.> Acesso em: 11 fev. 2003.
- FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002. 177p. Tese (Doutorado em ciência animal) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte-MG, 2002.
- MAGNABOSCO, C de U; CORDEIRO, C. M. T; TROVO, J. B de F; MARIANTE, A.da S; LOBÔ, R. B; JOSAHKIAN, L. A. **Catálogo de linhagens do germoplasma zebuino: raça Nelore**. 1997.
- VOZZI, P. A; BEZERRA, L. A. F; LÔBO, R. B. Contribuição genética dos genearcas nos touros participantes do PMGRN com sêmen disponível nas centrais de inseminação In Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 40, Santa Maria, RS, 2003, **Anais...**, UFSM.