



VARIABILIDADE GENÉTICA DA RAÇA GUZERÁ¹

FÁBIO JOSÉ CARVALHO FARIA², ANIBAL EUGENIO VERCESI FILHO³, FERNANDO ENRIQUE MADALENA⁴, VANIA MALDINI PENNA⁴, LUIZ ANTONIO JOSAHKIAN^{5,6}

¹ Os autores agradecem a ABCZ pela concessão dos dados para este trabalho, realizado com apoio do CNPq, CAPES e FAPEMIG

² Professor do Departamento de Produção Animal, UFMS, Av. Senador Filinto Müller 2443, Cidade Universitária, CEP 79070-900, Campo Grande - MS, E-mail: fariafjc@nin.ufms.br

³ Médico Veterinário, M.Sc., Dr

⁴ Professor do Departamento de Zootecnia, Escola de Veterinária da UFMG, Av. Antônio Carlos 6627, Cx.P. 567, CEP 30123-970, Belo Horizonte - MG

⁵ Superintendente técnico da Associação Brasileira de Criadores de Zebu, Praça Vicente Rodrigues da Cunha, 110 Bl.1, CEP 38022-330, Uberaba - MG

⁶ Professor de Melhoramento Animal da Faculdade de Agronomia e Zootecnia de Uberaba - FAZU

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi o de estimar a variabilidade genética da raça Guzerá, por meio do uso de parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene: número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a) e número efetivo de genomas remanescentes (N_g). As populações de referência foram definidas por animais nascidos nos respectivos períodos: 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993 e 1994-1998. Os f_e , f_a e N_g calculados decresceram ao longo dos períodos analisados atingindo valores de: 247, 166 e 98, respectivamente.

PALAVRAS-CHAVE: número efetivo de ancestrais, número efetivo de fundadores, número efetivo de genomas remanescentes, probabilidade de origem do gene

GENETIC VARIABILITY IN THE GUZERA BREED

ABSTRACT – The aim of this research was to estimate the genetic variability of Guzerá breed, using the parameters based on gene origin probabilities: effective number of founders (f_e), effective number of ancestors (f_a) and effective number of remaining genomes (N_g). Reference populations were defined by animals born in the following periods: 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993 e 1994-1998. The f_e , f_a and N_g estimated decreased over the analyzed periods reaching values of: 247, 166 and 98, respectively.

KEYWORDS: effective number of ancestors, effective number of founders, effective number of remaining genomes, probability of gene origin

INTRODUÇÃO

O gado Guzerá no Brasil corresponde ao Kankrej da Índia (Santiago, 1986). Foi a raça zebuína predominante no Brasil no início do século, sofrendo forte efeito gargalo quando as fêmeas desta raça foram intensamente utilizadas para formação do Indubrasil nas décadas de 30 e 40. De acordo com o relatório da FAO (Domestic, 1998) 50% das fêmeas Guzerá eram utilizadas para reposição da raça em 1992. Esta proporção oscila de acordo com o mercado de reprodutores; quando está favorável, mais animais são utilizados dentro da raça, quando desfavorável, aumenta a proporção de fêmeas utilizadas para produção de animais mestiços (V. M. Penna, comunicação pessoal).

A raça é considerada de duplo propósito, ou seja, apta para a produção de leite e carne. De acordo com V. M. Penna (comunicação pessoal), no Brasil a associação da raça desenvolve o programa de teste de progênie para leite conduzido pela EMBRAPA e seu núcleo MOET de seleção, além do programa de avaliação genética para corte realizado pelo departamento de Genética da USP de Ribeirão Preto, sendo estes programas integrados. Apesar dos objetivos de seleção serem diferentes, alguns criadores que buscam animais de dupla aptidão participam das avaliações de leite e corte, e outros apenas de leite ou corte, sendo alguns animais usados em ambos os rebanhos.

O interesse sobre a estrutura das populações tem sido crescente, visto que estas têm sofrido alterações nos últimos anos, e as relações entre endogamia e variabilidade genética podem se tornar importantes. Dessa forma, este trabalho objetivou descrever a estrutura populacional e quantificar a variabilidade genética da raça Guzerá, por meio de informações obtidas de seu registro genealógico.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados dados do registro genealógico da raça Guzerá, disponíveis sob processamento eletrônico, da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). O arquivo de dados consistiu de 117.979 observações entre os anos de 1938 a 1998, referentes a amostragem de 213.846 registros. O arquivo de pedigree foi gerado por meio do banco de dados iniciais e totalizou 123.165 observações. As populações de referência foram tomadas entre os anos de 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993 e 1994-1998.

Os parâmetros populacionais baseados na probabilidade de origem do gene foram obtidos por meio da utilização do pacote PEDIG, gentilmente cedido pelo Dr. D. Boichard. Desta forma foram calculados os seguintes parâmetros conforme proposição de Lacy (1989): número efetivo de fundadores (f_e) e número efetivo de genomas remanescentes (N_g). O f_e foi estimado como: $f_e = 1/\sum(p_i^2)$, em que p_i representa a proporção de alelos da população referência contribuída pelo fundador i , e o $N_g = 1/\sum(p_i^2/r_i)$ foi determinado em função da média de 1.000 simulações de segregações gênicas. De acordo com a fórmula acima r_i representa a proporção esperada de alelos do fundador i que permaneceria na população referência, e p_i a proporção de alelos que o fundador i contribuiu para a população referência.

A determinação do número efetivo de ancestrais (f_a) seguiu a proposição de Boichard et al. (1997), que aproveitando o parâmetro f_e descrito por Lacy (1989), propuseram o número efetivo de ancestrais, em que $f_a = 1/\sum(p_k^2)$. Esse parâmetro determina o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população sob estudo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta os números de fundadores e os números efetivos de fundadores, ancestrais e genomas remanescentes calculados para essa população. Segundo Boichard et al. (1997), as análises obtidas dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene são mais eficientes na predição da variabilidade genética pois são menos sensíveis a falhas ou perdas de informações dos pedigrees. Como pode ser visto na Tabela 1, ocorreu queda na magnitude dos parâmetros estimados entre os períodos, exprimindo redução na variabilidade com a seguinte ordem de magnitude: $f_e > f_a > N_g$. O f_e avalia como o balanço esperado das contribuições dos fundadores é mantido entre as gerações, levando em consideração a taxa de seleção e a variação de tamanho de família. Uma das causas de perda de genes nas populações é a diminuição do número de reprodutores em determinado período, que é levado em consideração quando se estima f_a , ao passo que o N_g avalia o número de genes fundadores que é mantido na população para um dado loco. Desse modo, o f_e apresentou os maiores valores por expressar somente a contribuição de fundadores, e o N_g as menores estimativas por considerar todas as possibilidades de perdas de alelos fundadores.

O f_e estimado no presente trabalho está entre os maiores valores já estimados para zebuínos quando comparados aos descritos por Faria (2002). Esses valores do f_e para a raça Guzerá podem ser função da predominância de monta natural e da existência de subdivisão na população. De acordo com Faria (2002), os menores valores estimados foram encontrados nas raças Gir Mocho e Sindi em ordem decrescente, contudo, apesar de existir subdivisão nesses grupamentos, tal resultado pode ser atribuído ao pequeno número de fundadores e ao menor número de machos em uso nessas duas raças. O número efetivo de ancestrais no Guzerá revela a predominância na utilização de alguns reprodutores, explicada por sua contribuição marginal junto à população referência que pode ser vista na Tabela 2. A razão f_e/f_a expressa o efeito "gargalo", e resulta da diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos. O valor encontrado para o Guzerá foi de 1,11 e 1,48 no primeiro e último período, respectivamente, evidenciando aumento desse processo. O mesmo processo foi observado na raça Tabapuã, em que esse valor passou de 1,02 para 1,44 ao longo dos anos, conforme Vercesi Filho et al. (2002). Boichard et al. (1997) relataram uma razão igual a 3,0 para a raça Normanda, relacionado à intensa utilização de poucos animais por meio de inseminação artificial. O f_a do último período no Guzerá foi maior do que os valores relatados na literatura por Boichard et al. (1997), Sölkner et al. (1998) e Vercesi Filho et al. (2002).

Na Tabela 2 evidencia-se o aumento da contribuição dos ancestrais ao longo dos anos, e no último quinquênio 50 animais respondem por 41% dos alelos presentes na população. Sölkner et al. (1998) encontraram resultado semelhante para a raça Simental, em que 55 animais contribuíram com

metade dos alelos, ao passo que na raça Grauvieh esse número reduziu-se a 16. A proporção entre N_g/f_e indica a extensão do processo de deriva genética, e os valores encontrados para o Guzerá decresceram de 0,65 para 0,39 ao longo dos períodos, evidenciando aumento acentuado desse processo. Vercesi Filho et al. (2002) relataram para a raça Tabapuã a razão de 0,54 no período compreendido entre 1994 e 1999.

TABELA 1. Número de fundadores, número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a) e número efetivo de genomas remanescentes (N_g) na raça Guzerá

Período	Fundadores ^a	f_e	f_a	N_g
1979 a 1983	5.921	406	365	267
1984 a 1988	8.117	469	411	264
1989 a 1993	5.948	323	254	156
1994 a 1998	4.980	247	166	98

^aFundadores = animais com progênie, mas sem ascendência identificada.

TABELA 2. Contribuição marginal acumulada de ancestrais na raça Guzerá

Proporção de alelos contribuída	1979 – 1983	1984 – 1988	1989 – 1993	1994 – 1998
Primeiro ancestral	0,0179	0,0162	0,0238	0,0407
Segundo ancestral	0,0329	0,0310	0,0441	0,0611
Terceiro ancestral	0,0455	0,0447	0,0630	0,0812
Quarto ancestral	0,0580	0,0567	0,0796	0,1002
Quinto ancestral	0,0695	0,0663	0,0928	0,1182
Primeiros 10 ancestrais	0,1199	0,1097	0,1475	0,1850
Primeiros 50 ancestrais	0,2920	0,2688	0,3414	0,4106

CONCLUSÕES

A variabilidade genética da raça decresceu ao longo do tempo, nos períodos de 1979 a 1998, indicando a necessidade de monitoração da raça para prevenir complicações que possam ocorrer no futuro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BOICHARD, D.; MIGNEL, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, n. 1, p. 5 – 23, 1997.
- DOMESTIC animal diversity information system. [s.l.]: FAO, 1998. (CD-ROM).
- FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. Belo Horizonte: Escola de Veterinária da UFMG, 2002. 177p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 2002.
- LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.
- SANTIAGO, A. A. **O Zebu na Índia, no Brasil e no mundo**. Campinas: Instituto Campineiro de Ensino Agrícola, 1986. 745 p.
- SÖLKNER, J.; FILIPCIC, L.; HAMPSHIRE, N. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. **Animal Science**, v. 67, p. 249-256, 1998.
- VERCESI FILHO, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E. et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, n. 6, p.609-617, 2002.