

X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal
Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Estrutura populacional da raça Angus criada no Brasil.

Mario Luiz Piccoli^{1,2}, José Braccini Neto³, Cláudia Damo Bértoli¹,
Jaime Araújo Cobuci³, Leonardo Talavera Campos⁴, Luís Telo da Gama⁵

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

² GenSys Consultores Associados S/S

³ Professores do Departamento de Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS/Porto Alegre. e-mail: jose.braccini@ufrgs.br

⁴ Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares, Pelotas. e-mail: ltcampos@terra.com.br

⁵ 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 Angus, criada no Brasil utilizando os dados dos registros genealógicos sob controle da Associação Nacional dos Criadores a partir de 1908 até 2010, totalizando 175.179 animais. A endogamia média foi de $1,38\% \pm 3,46\%$ na população total e $1,50\% \pm 2,52\%$ na população de referência. O intervalo médio entre gerações foi de $6,42 \pm 3,34$ anos. O tamanho efetivo calculado a partir da taxa de consanguinidade anual na população total foi de 2.372,77 e conforme Gutierrez et al. (2009) foi de 245,34.

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

Structure of Angus population raised in Brazil.

Abstract: The aim of this study was to characterize the population structure and genetic diversity of the Angus breed, raised in Brazil using data from pedigree records under the control of the National Association of Breeders from 1908 to 2010, totaling 175,179 animals. The inbreeding coefficient was $1.38\% \pm 3.46\%$ in the whole population and $1.50\% \pm 2.52\%$ in the reference population. The average generation interval was 6.42 ± 3.34 years. The effective population size calculated from the annual rate of inbreeding was 2,372.77 and according to Gutierrez et al. (2009) was 245.34.

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

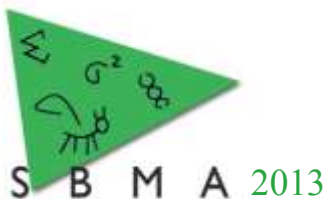
Introdução

Os animais da raça Angus são de origem Britânica e se caracterizam por serem de porte mediano e precoces sob o aspecto reprodutivo, de crescimento e de terminação e com excelente qualidade de carne. O Angus foi introduzido no Sul do Brasil a partir do ano de 1906 e tiveram um boa adaptação ao clima subtropical e ao sistema de pastagem da região.

Pelo relatório da ASBIA de 2012 a raça Angus foi responsável por 38,69% do mercado de sêmen das raças de corte, comercializando nominalmente 2.9 milhões de doses, ficando atrás somente da raça Nelore com 44,62% do mercado e 3.3 milhões de doses comercializadas.

As informações de pedigree continuam sendo muito importantes para estudos com a finalidade de avaliar a endogamia, o tamanho efetivo, a diversidade genética e diversos outros parâmetros populacionais das raças (Mc Parland et al., 2007; Carolino & Gama, 2008; Márquez et. al., 2010) e estes estudos da estrutura das populações podem definir importantes circunstâncias que afetam o histórico genético das populações.

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 da raça Angus no Brasil.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

Material e Métodos

Dados de pedigree são provenientes de animais puro de origem da raça Angus 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 175.179 registros de nascimento entre os anos de 1908 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). Obtiveram-se os coeficiente de endogamia de cada animal com base no numerador da matriz de parentesco e a taxa de endogamia anual ($\Delta F/a$) foi estimada pela regressão do coeficiente de endogamia no ano de nascimento. A taxa de endogamia por geração ($\Delta F/g$) foi calculada através de $\Delta F/g = L * (\Delta F/a)$, onde L é o intervalo médio entre gerações que foi calculado para as quatro linhas de seleção (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha). O tamanho efetivo (N_e) da população foi obtido como $N_e = 1/2(\Delta F/g)$ e também como em Gutierrez et al. (2009) que baseia-se no aumento da consanguinidade individual onde $N_e^* = 1/2\Delta F^*$ e N_e^* é chamado de "tamanho efetivo realizado", sendo ΔF^* a média dos coeficientes de aumento da consanguinidade individual calculado como $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t+1]{1 - F_i}$. Também foi calculado o índice de conservação genética (GCI) que traduz a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree de cada animal da população. A população de referência foi definida como os animais nascidos nos anos de 2009 a 2010.

Resultados e Discussão

A raça Angus apresentou crescimento em dois períodos distintos desde a sua introdução no Brasil, sendo o primeiro na década de 60 e um segundo período e mais importante na década de 90 onde o Angus passou a ser a principal raça taurina em número de registros, suplantou a raça Hereford. (Figura 1). A partir do ano 2000 os registros sempre estiveram entre 5.5 a 7.3 mil ao ano sendo três vezes superiores aos registros de Hereford e Devon (ANC, 2012).

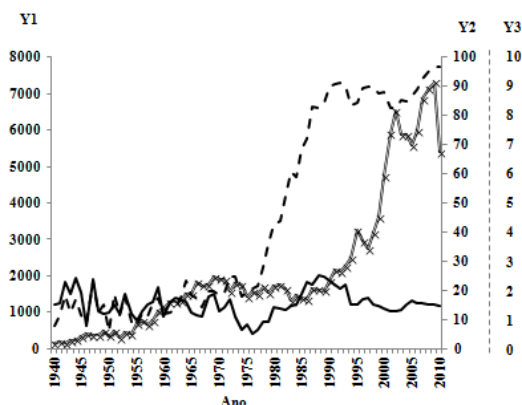


Figura 1. Número de animais registrados (Y1 —x—), coeficiente de endogamia (%) (Y2 —) e percentual de animais endogâmicos (Y3 - - -).

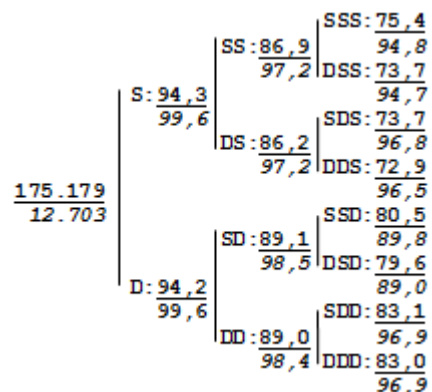
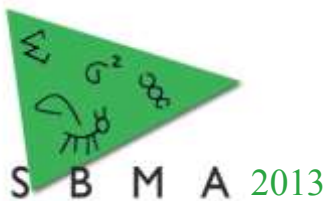


Figura 2. Percentagem média de touros (S), vacas (D), avós paternos e maternos (SS, DS, SD, DD) e bisavós (SSS, DSS, SDS, DDS, SSD, DSD, SDD e DDD) conhecidos para a população total (em cima) e de referência (em baixo).

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 no diagrama de parentesco dos animais registrados, evidenciam que à medida que regrediu-se no arquivo de pedigree foi-se perdendo pouca informação sobre a ascendência dos animais.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

A endogamia média foi de $1,38\% \pm 3,46\%$ e $1,50\% \pm 2,52\%$, respectivamente, para a população total e de referência. O coeficiente médio anual de endogamia variou entre 0,0% e 3,0% ficando abaixo de 5% (Figura 1), valor este referenciado pela FAO como o limiar para considerar uma raça não estar ameaçada de erosão genética. A taxa de consanguinidade anual neste estudo foi de $0,0033\% \pm 0,0005\%$ ($P < 0,01$). Este valor foi inferior ao reportado por Márquez et al. (2010) de 0,02% para animais Red Angus nascidos entre 1975 e 2005 nos Estados Unidos.

Em 2010, 96,57% dos animais apresentaram algum valor de endogamia. Na população de referência 89,90% dos animais apresentaram valores de endogamia abaixo de 6,25% e somente 0,67% apresentaram valores acima de 25% (Figura 1).

O intervalo entre gerações médio obtido sobre o total da população para as quatro linhas de seleção foi de $6,42 \pm 3,34$ anos. Valores similares foram obtidos por Mc Parland et al. (2007) na Irlanda que obtiveram intervalo entre gerações de 6,09 e 6,03 respectivamente para animais da Raça Angus e Hereford, enquanto Márquez et al. (2010) com animais Angus nos Estados Unidos 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 endogamia por geração como em Falconer and Mackay (1996) foi de 2.372,77 e calculado como em Gutierrez et al. (2009) foi de 245,34. 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). Mc Parland et al. (2007) na Irlanda obtiveram N_e igual a 64 para o Hereford enquanto que para a raça Angus não foi possível estimar devido à taxa de endogamia ser negativa. Márquez et al. (2010) nos Estados Unidos 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 $36,42 \pm 41,22$ e na população de referência o valor médio de GCI foi de $67,75 \pm 50,34$. Ao longo dos anos tem se observado elevação no GCI medido pelo coeficiente de regressão $1,0801 \pm 0,0054$ ($P < 0,0001$).

Conclusões

Os parâmetros populacionais demonstram que a raça Angus apresenta diversidade genética elevada, apesar de praticamente todos os animais da geração atual apresentarem certo nível de endogamia.

Literatura citada

- CAROLINO, N.; GAMA, L.T. Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. **Journal of Animal Science**, v. 86, p. 47-56, 2008.
- GUTIÉRREZ, J. P., AND GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p. 172-176, 2005.
- GUTIÉRREZ, J. P., CERVANTES, I. AND GOYACHE, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 126, p. 327-332, 2009.
- MÁRQUEZ, G. C., SPEIDEL, S. E.; ENNS, R. M. et al. Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 59-68, 2010.
- MC PARLAND, S., KEARNEY, J. F., RATH, M. et al. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal of Animal Science**, v. 85, p. 322-331, 2007.
- WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. **Science**, v. 87, p. 430-431, 1938.