

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

Estrutura populacional da raça Devon criada no Brasil.

Mario Luiz Piccoli^{1,2}, Concepta Margaret Macmanus³, Cláudia Damo Bértoli¹,
Jaime Araújo Cobuci⁴, Elisandra Lurdes Kern¹, 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 Professora Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária – UnB/Brasília. e-mail: concepta@unb.br

⁴ Professor do Departamento de Zootecnia, Faculdade de Agronomia, UFRGS/Porto Alegre. e-mail: jose.cobuci@ufrgs.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 Devon, criada no Brasil utilizando os dados dos registros genealógicos sob controle da Associação Nacional dos Criadores a partir de 1914 até 2010, totalizando 61.295 animais. A endogamia média foi de $2,82\% \pm 4,81\%$ na população total e $3,92\% \pm 4,69\%$ na população de referência. O intervalo médio entre gerações foi de $6,28 \pm 3,27$ anos. O tamanho efetivo calculado a partir da taxa de consanguinidade anual na população total foi de 147,88 e conforme Gutierrez et al. (2009) foi de 92,32.

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

Structure of Devon population raised in Brazil.

Abstract: The aim of this study was to characterize the population structure and genetic diversity of the Devon breed, raised in Brazil using data from pedigree records under the control of the National Association of Breeders from 1914 to 2010, totaling 61,295 animals. The inbreeding coefficient was $2.82\% \pm 4.81\%$ in the whole population and $3.92\% \pm 4.69\%$ in the reference population. The average generation interval was 6.28 ± 3.27 years. The effective population size calculated from the annual rate of inbreeding was 147.88 and according to Gutierrez et al. (2009) was 92.32.

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

Introdução

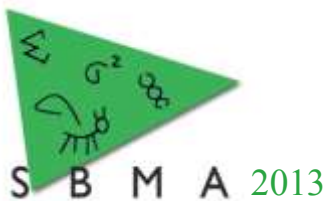
A Devon é uma raça indígena e uma das mais antigas do Reino Unido sendo originária do sudoeste da Inglaterra. Animais Devon são de porte médio, apresentam precocidade de terminação e excelente rendimento de carne sendo esta com qualidade entre as melhores do mundo (Elias, 2006).

A primeira importação brasileira de Devon foi proveniente da Inglaterra em 1914 e foram trazidos duas vacas e um touro para o município de Bagé no Rio Grande do Sul. No Brasil, até a década de 50, a raça foi, dentre as quatro raças britânicas, a de menor expressão em termos de registros. Hoje a raça está praticamente no mesmo patamar de registro da raça Hereford, ou seja, entre 1.5 mil a 2.0 mil registros/ano (ANC, 2012).

No relatório da ASBIA de 2012 a raça apresentou uma participação somente de 0,06% do mercado de sêmen das raças de corte, comercializando pouco mais 4.6 mil doses de sêmen.

O estudo da estrutura populacional por meio de informações de pedigree é importante para se entender o histórico do melhoramento das raças e para nortear ações futuras que permitam alcançar maiores ganhos genéticos. 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. (Márquez et. al., 2010; Cleveland et al., 2005; Mc Parland et al., 2007)

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 Devon 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 Devon 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 61.295 registros de nascimento entre os anos de 1914 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 $\Delta F_i = 1 - \sqrt[4]{1 - F_i}$. 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 Devon, ao longo de sua trajetória no Brasil, apresentou crescimento contínuo no número de registrados sendo que em 2002 teve mais de 1.7 mil animais registros. Após este período o número de animais registrados teve uma diminuição e hoje o número de registros se situa ao redor de 1.0 mil animais ano (Figura 1).

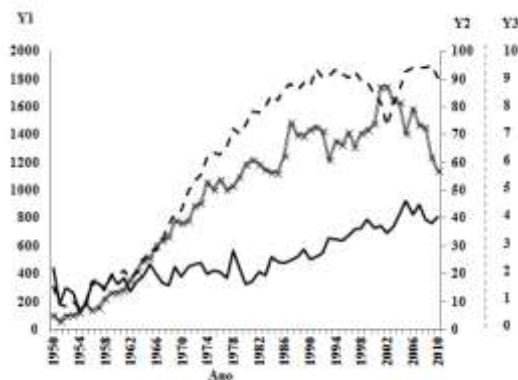


Figura 1. Número de animais registrados (Y1 —x—), coeficiente de endogamia (%) (Y2 ———) e percentual de animais endogâmicos (Y3 - - -).

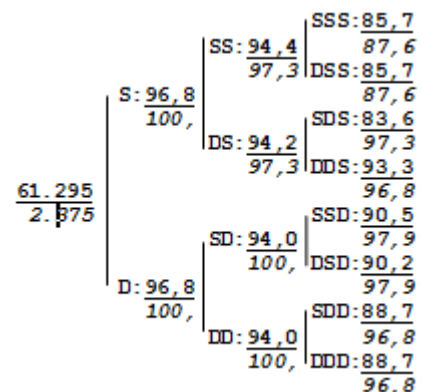
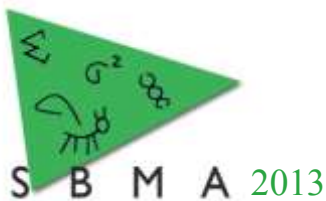


Figura 2. Percentagem média de toiros (S), vacas (D), avós paternos e maternos (SS, DS, SD, DD) e bisavós (SSS, DSS, SDS, DDS, SSD, DSD, SDD e DDD) conhecidos para a população total (em cima) e de referência (em baixo).

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 nos diagramas de parentesco dos animais registrados na população total, evidenciam que à medida que regrediu-se no arquivo de pedigree foi-se perdendo pouca informação do parentesco e esta perda se deu em maior percentagem na linha paterna.

A endogamia média foi de $2,82\% \pm 4,81\%$ e $3,92\% \pm 4,69\%$, respectivamente, para a população total e de referência. O coeficiente de endogamia médio por ano é apresentada na Figura 1. Este variou entre 0,0% e 4,6%, ficando sempre abaixo dos 5%, valor este referenciado pela FAO como o limiar para



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

considerar uma raça não estar ameaçada de erosão genética. A raça sempre apresentou valores crescentes na endogamia média anual e atualmente situa-se ao redor de 4%. Na população de referência 10,50% do número de animais são filhos de touros com mais de 50 filhos. A taxa de consanguinidade anual neste estudo foi de $0,0538 \pm 0,0013$ ($P < 0,01$). Estes valores foram inferiores aos reportados por Cleveland et al. (2005) em Hereford dos Estados Unidos e por Márquez et al. (2010) para animais Red Angus nascidos entre 1975 e 2005 nos Estados Unidos.

Em 2010, acima de 90% dos animais apresentaram algum grau de endogamia (Figura 1) e destes 1,60% apresentaram valores de endogamia acima de 25% enquanto 80,10% apresentaram valores abaixo de 6,25%.

O intervalo entre gerações médio obtido sobre o total da população para as quatro linhas de seleção foi de $6,28 \pm 3,27$ anos. 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 na Irlanda e por Piccoli et al. (2012) com animais Shorthorn criados no Brasil onde obtiveram valores de 6,03 anos.

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 147,88 e calculado como em Gutierrez et al. (2009) foi de 92,32. 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 à mudança de origem dos genes introduzidos na população. Cleveland et al. (2005) analisando a estrutura populacional do Hereford no Estados Unidos 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 na Irlanda.

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 $27,05 \pm 20,09$ e na população de referência o valor médio de GCI foi de $44,18 \pm 24,60$. Ao longo dos anos tem se observado elevação no GCI medido pelo coeficiente de regressão $0,7512 \pm 0,0046$ ($P < 0,0001$).

Conclusões

Os parâmetros populacionais demonstram que a raça Devon apresenta diversidade genética apesar da alta percentagem de animais endogâmicos. O aumento do coeficiente anual de endogamia é o fator que deve ser monitorado visando à manutenção da diversidade genética da raça.

Literatura citada

- CLEVELAND, M.A., BLACKBURN, H.D.; ENNS, R.M. et al. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **Journal of Animal Science**, v. 83, p. 992–1001, 2005.
- 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.
- 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.
- 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.
- 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**, 87:430–431, 1938.