

## VARIABILIDADE GENÉTICA EM UMA POPULAÇÃO DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN NO BRASIL. ANÁLISE DE PEDIGREE

Lydio Cosac de Faria<sup>1</sup>, Sandra Aidar de Queiroz<sup>2</sup>, Pedro Alejandro Vozzi<sup>3</sup> Raysildo Barbosa Lôbo<sup>3</sup>, Cláudio de Ulhôa Magnabosco<sup>4</sup> e João Ademir de Oliveira<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Diretor Executivo da Associação dos Criadores de Brahman do Brasil (ACBB), Uberaba, MG. E-mail: lydiocf@yahoo.com.br

<sup>2</sup>Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP

<sup>3</sup>Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Ribeirão Preto, SP

<sup>4</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro de Pesquisa Agropecuária dos Cerrados, Embrapa Cerrados, Brasília, DF

<sup>5</sup>Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal, SP

**Resumo** Este trabalho teve como objetivo estimar a variabilidade genética da raça Brahman, em 16 rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético desta raça (PMGRB), por meio da análise do pedigree. O arquivo de dados foi dividido em dois períodos: 1998-2001 e 2002-2005. A variabilidade genética foi determinada pelos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene: número efetivo de ancestrais, número efetivo de fundadores e número efetivo de genomas remanescentes. Os valores encontrados para o número de fundadores mostraram que a população está em expansão, embora o número efetivo de fundadores tenha reduzido de 718,3 para 183,3, indicando diminuição do número de famílias de fundadores, o que não ocorreu em relação ao número de ancestrais e genomas remanescentes, que apresentaram crescimento de 23% nos períodos avaliados. O número de ancestrais com maior contribuição genética na população é ainda pequeno, indicando a utilização de poucas famílias na reprodução. Tal fato pode ter propiciado aumento de acasalamentos endogâmicos e perdas de alelos fundadores por deriva genética e, conseqüentemente, redução da variabilidade genética.

**Palavras chave:** número efetivo de ancestrais, número efetivo de fundadores, número efetivo de genomas remanescentes, probabilidade de origem do gene

**Abstract** This study aimed at estimating the genetic variability of the Brahman breed, using 16 herds enrolled in the Brazilian Brahman genetic breeding Program (PMGRB) through pedigree analysis. Data file was split into two periods: 1998-2001 and 2002-2005. The genetic variability was determined by the parameters based on the probability of gene origin: effective number of ancestors, effective number of founders and effective number of remaining genomes. The values found for the number of founders showed that the population is expanding, although the effective number of founders has reduced from 718.3 to 183.3, indicating a decrease in the number of founding families, which did not occur in the number of ancestors and the remaining genomes, which grew by 23% in the studied periods. The number of ancestors with greater genetic contribution in the population was still small, indicating the use of a few families in reproduction. This fact may have caused increased inbreeding mates and losses of founder alleles by genetic drift and, consequently, reduction of genetic variability.

**Key words:** effective number of ancestors, effective number of founders, effective number of remaining genomes, probability of gene origin

### Introdução

A estrutura do fluxo de genes na população favorece naturalmente a diminuição das diferenças genéticas entre rebanhos multiplicadores e comerciais, que seguem orientados por núcleos de seleção, caracterizados pela contribuição genética de poucas famílias. Logo, com a implementação de programas de

melhoramento genético e o emprego de modernas tecnologias reprodutivas, a estrutura de uma população pode ter como consequência, uma desigual e prolongada contribuição genética dos principais reprodutores com o desenvolvimento populacional. Isto associado à permanência dos mesmos por longos períodos nas centrais de inseminação poderá proporcionar alongamento no intervalo de geração, aumento nos níveis de endogamia dos rebanhos, com consequente decréscimo no ganho genético. Estima-se que, aproximadamente, 50% dos mais de 5.000 touros jovens da raça Holandesa submetidos anualmente a testes de progênie no mundo, sejam filhos dos dez melhores touros usados de forma intensiva, em diferentes países (Weigel, 2001).

Um dos caminhos para descrever a variabilidade genética e sua evolução no tempo é por meio de análise de informações contidas nos pedigrees dos animais (Boichard et al., 1997). O método proposto por Lacy (1989) para populações de animais presentes em programas de conservação e Boichard et al. (1997) para populações bovinas selecionadas, foi aplicado com sucesso na análise de diversidade genética de raças bovinas francesas e austríacas (Maignel et al., 1996; Sölkner et al., 1998) e em raças zebuínas no Brasil (Faria et al., 2009; Vozzi et al., 2009).

Este trabalho foi conduzido com o objetivo de estudar a variabilidade genética da raça Brahman por meio da estimação da endogamia, do tamanho efetivo populacional, dos números efetivos de fundadores, de ancestrais e de genomas remanescentes e identificação dos principais animais com maior representatividade alélica na população.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados dados de pedigree do Programa de Melhoramento Genético da Raça Brahman (PMGRB) gerido pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), localizada em Ribeirão Preto, SP.

O conjunto de dados foi proveniente de 16 rebanhos participantes do PMGRB, criados nos estados de São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Tocantins e Goiás. Os dados colhidos nas fazendas foram submetidos a uma rigorosa consistência antes de serem incorporados ao arquivo de dados.

O arquivo de dados analisado continha 35.180 observações, colhidas entre os anos de 1998 a 2005, referentes aos animais cadastrados no PMGRB. As informações incluídas no arquivo de parentesco foram: animal, pai, mãe, sexo, raça, ano de nascimento e nome do animal. O banco de dados foi dividido, para comparação, em dois períodos, os quais foram estabelecidos em termos de dois quadriênios subseqüentes, 1998 a 2001 e 2002 a 2005. Os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene e o coeficiente de endogamia foram estimados por meio da utilização do pacote PEDIG® (Boichard, 2002), o qual apresenta programas escritos em linguagem FORTRAN.

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) de um indivíduo foi calculado segundo a definição de Malécot (1948), ou seja, como a probabilidade que dois genes presentes no indivíduo em um dado loco sejam idênticos por descendência, isto é, igual ao coeficiente de parentesco de seus pais. O número médio de gerações, que quantifica a contribuição dos principais reprodutores, foi definido pela soma, entre todas as gerações, da proporção de ancestrais identificados em cada geração.

Foi calculado o número efetivo de fundadores ( $N_{fun}$ ), o número efetivo de ancestrais ( $N_{anc}$ ), o número efetivo de genomas remanescentes ( $N_{gen}$ ).

## Resultados e Discussão

A partir do arquivo de genealogia utilizado foi calculado o número médio de gerações de machos e fêmeas, de acordo com o ano de nascimento dos animais (Tabela1). O arquivo analisado contemplou informações referentes ao número de gerações desde 1994 até 2005, onde havia pelo menos um ancestral conhecido. O número máximo de gerações obtido no arquivo de dados foi de aproximadamente três (3,0) para machos e fêmeas. Os menores números de gerações encontrados no presente trabalho, em relação aos relatados na literatura consultada, podem ser atribuídos à recente introdução da raça Brahman no Brasil, ocorrida na década de 1990, não possibilitando, deste modo, a existência de muitas gerações com ancestrais conhecidos.

O coeficiente médio de endogamia da população de bovinos da raça Brahman no Brasil e a percentagem de animais endogâmicos foram estimados nos dois períodos de anos propostos: (1998 a 2001 e 2002 a 2005). O coeficiente de endogamia médio estimado no primeiro período foi igual a 0,69%, sendo maior que o do segundo, 0,42%. Tal decréscimo, em torno de 0,27%, embora pequeno, se deve, provavelmente, ao aumento populacional da raça e, conseqüentemente ao incremento significativo de animais novos na população, além da inclusão de animais, no programa, sem pedigree conhecido.

No presente trabalho a percentagem de animais endogâmicos decresceu do primeiro período (1998-2001) para o segundo (2002-2005), passando de 13,24% a 10,71%, representando pequena queda da endogamia. Isto provavelmente pode ser indicativo de que o número de animais aparentados entre os que compõem a base de dados do PMGRB esteja diminuindo, apesar de que essa diminuição, como já mencionado, possa ter ocorrido devido ao incremento de novos animais ao PMGRB. Na Tabela 2 pode-se observar o número de indivíduos endogâmicos na raça Brahman em relação à classe de endogamia (F). Embora tenha ocorrido diminuição no número de animais endogâmicos de um período de anos para o outro, a percentagem de animais com F maior que zero foi relativamente alta. Ou seja, dos 35.180 animais analisados, 5.170 apresentaram algum grau de parentesco, indicando a existência de utilização de reprodutores aparentados, o que pode ter acarretado, como conseqüência, diminuição da variabilidade genética da população estudada.

Os resultados da análise de pedigree por meio dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene estão apresentados na Tabela 3. Como pode ser observado houve aumento de, aproximadamente, 2,5 vezes no número de fundadores (animais com progênie, mas sem ascendência conhecida), no segundo período considerado (2002 a 2005), em relação ao primeiro, o que pode ser explicado pela expansão da raça no Brasil em tal período. Quanto aos parâmetros estimados, observa-se diminuição nos valores dos mesmos em ambos os períodos, exprimindo redução na variabilidade na seguinte ordem de magnitude:  $N_{fun} > N_{anc} > N_{gen}$ . As estimativas de  $N_{fun}$  foram maiores em razão de expressarem apenas a contribuição de fundadores e as de  $N_{gen}$ , as menores, por levarem em conta todas as possibilidades de perdas de alelos fundadores.

A representação de fundadores nos animais analisados, demonstrado pelo  $N_{fun}$ , indica diminuição do valor entre os períodos estudados, apesar de que o valor

referente ao último período é também de alta magnitude. Esta diminuição pode ser consequência da maior utilização de poucas famílias de reprodutores ou pelo fato que alguns indivíduos reproduziram-se mais do que outros, isto é, tiveram maior sucesso reprodutivo. A presença de animais de outras raças, como a Nelore e a Guzerá como fundadores, pode também explicar os valores estimados para o parâmetro  $N_{fun}$ .

Os valores estimados para o número efetivo de ancestrais ( $N_{anc}$ ) indicam intenso uso de poucos reprodutores nos dois períodos estudados (Tabela 3), com a provável predominância de inseminação artificial, produção *in vitro* de embriões e transferência de embriões, além de inexistência de subdivisão da população, onde 10 reprodutores contribuíram com, aproximadamente, 30% dos genes em cada período de referência.

Segundo o número efetivo de genomas remanescentes ( $N_{gen}$ ) estimado, ocorreu um pequeno crescimento neste parâmetro entre os dois períodos, devido provavelmente ao aumento de alelos fundadores no período compreendido entre 2002 a 2005, apesar de que em tal período tenha existido ainda predominância na utilização de poucas famílias de reprodutores.

De modo similar ao observado em relação ao parâmetro  $N_{anc}$ , o número de genomas remanescentes ( $N_{gen}$ ) foi maior no último período considerado, possivelmente em razão da incorporação de animais no pedigree resultante da expansão da raça.

Os valores de diversidade genética na raça representados pelo  $N_{anc}$  são menores que os encontrados por Perez Torrecillas et al. (2002) nas raças italianas Chianina e Maremmana e por Boichard et al. (1997) na raça Simental na França, a qual apresentou o maior valor de  $N_{anc}$ , relatado na literatura consultada, sendo que neste caso, as fazendas, em sua maioria, utilizavam monta natural.

No Brasil, Faria et al. (2009), em trabalho envolvendo raças zebuínas, relataram que os valores de  $N_{anc}$  tenderam a decrescer no decorrer de quatro períodos, entre 1979 e 1998, ou seja, de 80 a 34, 301 a 211 e 365 a 166, respectivamente, para as raças Nelore, Gir e Guzerá. Vozzi et al. (2009) reportaram como sendo 70 a estimativa de  $N_{anc}$  para a raça Nelore, em relação ao ano de 2002.

A razão  $N_{fun}/N_{anc}$  expressa o efeito “gargalo” e resulta da diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos. Este efeito pode gerar aumento da endogamia e perda de alelos na população, e consequentemente redução da diversidade genética ao nível do “pool” gênico original.

Os valores encontrados no presente estudo para a referida razão foram de 17,5 e 3,7, respectivamente, no primeiro e segundo período anual, evidenciando forte aumento desse processo no decorrer dos anos. Tal resultado pode estar relacionado à intensa utilização de poucos reprodutores por meio da inseminação artificial e/ou outras técnicas reprodutivas. Processo inverso foi observado por Vercesi Filho et al. (2002) na raça Tabapuã, cuja razão passou de 1,02 a 1,44 ao longo dos anos. Boichard et al. (1997) relataram para a raça Normanda razão igual a 3,0, relacionada segundo os autores à intensa utilização de poucos animais por meio da inseminação artificial.

A Tabela 4 apresenta a contribuição genética dos principais ancestrais da raça Brahman nos períodos de anos estudados. Como pode ser observado, poucos reprodutores apresentaram muita contribuição genética na população participante do programa de melhoramento genético dessa raça. Nos últimos quatro anos, 10 reprodutores responderam por quase 34% dos alelos presentes na população. O

principal ancestral contribuiu com mais de 10% dos genes em cada período considerado.

A elevada utilização de poucos ancestrais nos períodos analisados, compreendendo oito anos, pode ter provocado aumento da probabilidade de acasalamentos endogâmicos na população estudada e perda de alelos fundadores por deriva genética e, conseqüentemente, gerado alguma redução da variabilidade genética aditiva.

A razão  $N_{gen}/N_{fun}$  indica a dimensão da deriva genética, sendo que quanto menor o seu valor, maior esse processo. Os valores obtidos neste estudo para a raça Brahman, nos períodos de anos subsequentes, aumentaram de 0,05, no primeiro, para 0,22, no segundo, o que sugere uma pequena diminuição da deriva genética, embora ambos os valores indiquem participação importante da mesma na variabilidade genética da população avaliada.

A raça Brahman no Brasil, embora esteja em número populacional crescente e aumentando a quantidade de fêmeas em reprodução, os resultados do presente estudo indicam a necessidade de constante monitoramento da diversidade genética, para se evitar que no futuro o progresso genético para características de importância econômica seja comprometido, devido à perda de material genético fundador. Efeitos dos fundadores seriam provavelmente mais problemáticos se a população estivesse decrescendo.

### Conclusões

Os parâmetros estimados no presente estudo para a raça Brahman no Brasil, permitiram concluir que a variabilidade genética nos rebanhos analisados diminuiu no período de 1998 a 2005. Para manter a variabilidade genética desta raça há necessidade de utilização de reprodutores pertencentes a novas famílias e de se programar acasalamentos dirigidos, monitorando-se a perda de variabilidade genética.

### Referências

- ANCP - Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores. São Paulo, 2006. Disponível em: <<http://www.ancp.org.br>>. Acesso em: 20 jan. 2006.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetics variability in a population. **Genetic, Selection and Evolution**, v.29, p.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/pedig>>. Acesso em: 11 de fev. 2003.
- FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.126, p.148-153, 2009.
- MALÉCOT, G. **Les Mathématiques de l' Hérité**. Mason et Cie, Paris, 1948.
- MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, v.14, p. 49-54. 1996.
- SÖLKNER, J.; FILIPCIC, L.; HAMPSHIRE, N. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigree. **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.

VOZZI, P. A.; MARCONDES, C. R.; MAGNABOSCO, C. U. BEZERRA, L. A. F.; LOBO, R. B. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetic Molecular Biology**, v. 29, p.482-485, 2006.

WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v.84, E. Suppl., p.E177-E184, 2001.

Tabela 1. Número médio de gerações por ano de nascimento e sexo dos animais da raça Brahman.

Ano de Nascimento	Machos	Fêmeas
1994	2,58	1,28
1995	1,76	1,12
1996	1,71	1,22
1997	1,49	1,45
1998	1,97	1,70
1999	1,86	1,32
2000	1,22	0,50
2001	2,68	1,70
2002	2,71	2,74
2003	2,94	2,89
2004	2,72	2,66
2005	3,44	3,35

Tabela 2. Distribuição da frequência de animais da raça Brahman, de acordo com a classe de endogamia (F).

Classe de endogamia (F %)	Número de animais
[ 0 – 5 )	4.335
[ 5 – 10 )	285
[10 – 15)	177
[15 – 20)	8
[20 – 25)	353
[25 – 30)	1
[30 – 35]	11
Total	5.170

Tabela 3. Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene na raça Brahman por período de anos.

Períodos de anos	1998-2001	2002-2005
Nº de fundadores	3164	7973
$N_{fun}$	718,3	183,3
$N_{anc}$	41,0	50,2
$N_{gen}$	33,2	40,9

Nº de fundadores = animais com progênie, mas sem ascendência conhecida,  $N_{fun}$  = número efetivo de fundadores,  $N_{anc}$  = número efetivo de ancestrais,  $N_{gen}$  = número efetivo de genomas remanescentes

Tabela 4. Contribuição marginal (%) acumulada dos principais ancestrais nos rebanhos da raça Brahman, por períodos de anos.

Períodos de anos	Proporção de alelos contribuída	
	1998-2001	2002-2005
Principais ancestrais	14,53	11,33
Primeiros 5 ancestrais	23,49	24,48
Primeiros 10 ancestrais	28,78	33,80
Primeiros 50 ancestrais	41,32	49,80