

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL PROGRAMA DE PÓS-
GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL CURSO DE MESTRADO**

**Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise
de pedigree**

Vinicius Okamura

CAMPO GRANDE, MS

2015

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE MESTRADO**

**ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA SENEPOL NO BRASIL POR
MEIO DE ANÁLISE DE PEDIGREE**

Genetic structure of Senepol breed in Brazil by pedigree analysis

Vinicius Okamura

Orientador: Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior

Co-orientador: Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, como requisito à obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.
Área de concentração: Produção Animal.

CAMPO GRANDE, MS 2015

Certificado de aprovação

VINICIUS OKAMURA

Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree

Genetic structure of Senepol breed in Brazil by pedigree analysis

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Mato Grosso
do Sul, como requisito à obtenção do
título de mestre em Ciência Animal.

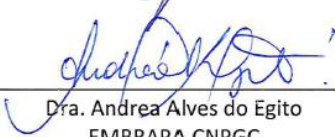
Área de concentração: Produção
Animal.

Aprovado(a) em: 26/02/2015

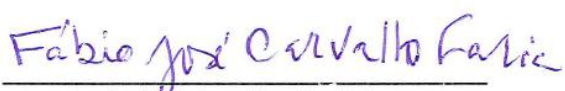
BANCA EXAMINADORA:



Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior
(EMBRAPA CNPCG) – (Orientador)



Dra. Andrea Alves do Egito
EMBRAPA CNPGC



Dr. Fabio Jose Carvalho Faria
UFMS

Aos meus pais, Wilson e Fuçae, e minha irmã, Lie,
que em todos os momentos me deram apoio,
e nunca me deixaram desistir,
à eles todos os créditos...

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus, que me deu vida e saúde para continuar nessa jornada.

Aos meus pais, Wilson e Fuçae, pela educação, pelo exemplo de superação e também pelo apoio.

À minha irmã Lie, que esteve perto de mim nesses últimos tempos, me dando força e muito apoio.

Aos meus amigos Rafael Barreiros, Lígia Saraiva, Bruna Calvo, Fernanda Mendonça, Marianne Boyd, Caroline Stanquevis, Iguinho, Elisson, Tiago Komagome Renato Magrelo, e meus primos Heitor Goiaba e Vitor Hugo que mesmo de longe estavam sempre presentes e me dando apoio.

Ao João Victor, Meriellen, Ricardo, Inês, Celso, Tânia, César, Danila e Luciano que sempre me acolheram em suas famílias e tornaram essa caminhada muito mais agradável.

Ao Lucas e Amanda pelo apoio sempre, pela força e pelo companheirismo.

Ao meu orientador, Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Júnior, e co-orientador, Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes, que tiveram muita paciência, e muito me ensinaram.

A Universidade Federal de Mato Grosso do Sul e ao Programa de Pós Graduação em Ciência Animal, pela oportunidade de realizar este curso.

À Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol) pela concessão dos dados.

À EMBRAPA – CNPGC e ao Geneplus por possibilitarem o acesso ao banco de dados e me acolherem durante esses dois anos.

À toda equipe do Geneplus, em especial, Dr. Paulo, Renato, Raphael e Raul, que conviveram comigo diariamente durante o período da realização do curso.

Ao professor Dr. Mário Luiz Santana Júnior (UFMT), pela enorme colaboração com os resultados obtidos.

À Dra. Andrea Alves do Egito e Professor Dr. André Luiz Julien Ferraz (Splinter), pelas contribuições referente a correção da dissertação.

A todos os professores do Programa de Pós Graduação em Ciência Animal.

À Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (Fundect) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	5
2	REVISÃO DE LITERATURA	7
2.1	A RAÇA SENEPOL	7
2.1.1	Origem/Histórico	7
2.1.2	Classificação/Características.....	8
2.1.3	Utilização na pecuária brasileira.....	8
2.2	ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES.....	8
2.3	ENDOGAMIA	10
2.3.1	Depressão endogâmica	11
2.4	TAMANHO EFETIVO DA POPULAÇÃO.....	13
2.4.1	Método baseado na razão de sexos (N_{es}).....	13
2.4.2	Método baseado na taxa individual de endogamia (N_{eFi}).....	14
2.4.3	Método baseado na taxa individual de coancestria (N_{eCi})	14
2.5	NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES, ANCESTRAIS E GENOMAS EQUIVALENTES	15
2.6	INTERVALO DE GERAÇÕES	16
3	REFERÊNCIAS.....	18
4	ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA SENEPOL NO BRASIL POR MEIO DE ANÁLISE DE PEDIGREE	22
	RESUMO.....	23
	ABSTRACT.....	24
	INTRODUÇÃO	25
	MATERIAL E MÉTODOS	26
	Dados	26
	Estrutura de População e Endogamia.....	26
	RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
	Índice de Integridade do Pedigree	28
	Endogamia, Co-ancestralidade e Estrutura	30
	Probabilidade da Origem dos Genes.....	32
	Tamanho Efetivo da População	34
	Intervalo de Gerações	35
	CONCLUSÕES	36
	REFERÊNCIAS.....	37

1 INTRODUÇÃO GERAL

Originária da ilha caribenha de Saint Croix, Ilhas Virgens Americanas, a raça Senepol teve sua formação iniciada no princípio do século XX pelo cruzamento de indivíduos das raças taurinas Red Poll (britânica) e N'Dama (africana). Na década de 1950, já disseminada por toda ilha, foi oficialmente reconhecida em Port Roco e Estados Unidos da América (EUA) consolidando-se como uma opção de raça taurina tropicalmente adaptada. Apesar da possibilidade de uso em diversas estratégias para produção de carne, tem como principal diferencial viabilizar o uso de genética taurina em sistemas de produção desenvolvidos em condições tropicais. Desta forma, o Senepol pode ter papel estratégico em sistemas de cruzamentos agregando características desejáveis dos taurinos aos produtos cruzados, bem como trazendo ganhos via heterose.

Atualmente, rebanhos Senepol podem ser encontrados em diversos países do mundo, com destaque para o Brasil, que possui o maior rebanho. Desde a chegada dos primeiros animais em solo brasileiro no ano 2000, vem ganhando popularidade, contando com cerca de 250 criadores associados à Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol (ABCB SENEPO), distribuídos em diversos estados da Federação (ABCB SENEPO, 2015). Em 2013, com 117.750 doses de sêmen comercializadas, foi superada apenas pela raça Angus (Aberdeen e Red), considerando as raças taurinas com sêmen comercializado no Brasil (ASBIA, 2014).

O crescimento do rebanho Senepol brasileiro baseia-se, principalmente, no uso de biotecnicas reprodutivas, em especial de transferência de embriões (TE) e fertilização in vitro (FIV). Touros e matrizes de destaque na raça têm sido utilizados intensivamente em programas de TE/FIV, deixando grande número de descendentes. Isto somado ao fato do rebanho Senepol do Brasil ser originário de alguns poucos criatórios de Saint Croix e dos EUA, pode estar reduzindo a diversidade genética do rebanho nacional, a qual, a princípio, já se esperaria ser restrita. A manutenção da diversidade genética de um rebanho (população) é de fundamental importância na criação de animais, pois permite a adaptação às possíveis futuras mudanças econômicas e ambientais e, garante respostas ao longo do tempo para a seleção de características de interesse (BARKER, 2001).

A estrutura genética de uma população deve ser bem conhecida de modo que se possa direcionar o desenvolvimento de estratégias para um gerenciamento adequado dos recursos genéticos para a preservação e o aproveitamento da máxima diversidade (OLIVEIRA et al. 2011). O seu estudo permite que sejam identificadas as causas dos gargalos genéticos na estrutura das populações que ocorreram ao longo dos anos, bem como possibilitam a visualização da tendência do nível de endogamia e o relacionamento entre os indivíduos. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, de grande representatividade genética na população. Todos esses pontos são fundamentais para traçar objetivos e metas de melhoramento e conservação da diversidade genética de uma população.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A RAÇA SENEPOL

2.1.1 Origem/Histórico

Em meados do século XIX, a família Nelthropp possuía o maior rebanho de bovinos da raça N'Dama da ilha caribenha de Saint Croix, Ilhas Virgens Americanas, (cerca de 250 animais), e a partir deste rebanho, abastecia parte das necessidades da população local. A raça taurina N'Dama, originária da região oeste do continente africano, destacava-se pela adaptação às condições tropicais e a resistência a parasitas (PAULA, 2014).

Porém, a família Nelthropp não estava satisfeita com o desempenho produtivo do rebanho N'Dama, e em 1918, em uma viagem a Trinidad, adquiriram um touro da raça Red Poll (taurina britânica), que passou a ser usado em acasalamentos com as vacas N'Dama e gerar produtos de desempenhos superiores, que posteriormente seriam chamados de Senepol – “Sene”, da origem senegalesa, e “pol”, de Red Poll (PAULA, 2014).

A família Nelthropp objetivava, desta forma, criar uma linhagem de gado que combinasse características necessárias para uma boa produtividade em condições tropicais. Assim, a seleção foi dirigida em busca dos seguintes atributos: cor vermelha, conformação frigorífica, precocidade sexual, ausência de chifres, docilidade e tolerância ao calor (HUPP, 1978).

De acordo com Hupp (1978), por volta de 1949, a nova linhagem de gado Nelthropp já havia se espalhado por toda a ilha, com contínua troca de material genético entre os criadores locais. Em 1954, a marca Senepol foi registrada em Porto Rico e nos Estados Unidos da América (EUA) como "Saint Croix Senepol". No ano de 1977, o primeiro lote de gado Senepol, composto por 22 animais, chegou aos EUA (continente). Neste país, mais especificamente nos estados do Sul, a raça teve um significativo desenvolvimento devido ao trabalho de criadores e instituições de pesquisa (MENEZES et al., 2014). Atualmente, o Senepol está presente em diversos países, com destaque para o Brasil que, apesar da recente entrada desta raça no país (ano 2000), possui o maior rebanho mundial.

2.1.2 Classificação/Características

O Senepol é classificado como uma raça taurina adaptada, uma vez que foi formada a partir do cruzamento entre duas raças taurinas e selecionada sob condições tropicais de produção. Suas principais características são: porte médio, pelos curtos e de cor vermelha, ausência de chifres (mocho), boa habilidade materna, temperamento dócil e tolerância às condições tropicais (MENEZES et al., 2014).

2.1.3 Utilização na pecuária brasileira

Os produtos do cruzamento apresentam boa resistência ao calor e parasitas, temperamento dócil e habilidade de sobreviver em regiões com baixa disponibilidade de alimento, tornando a raça Senepol uma excelente opção para produção de carne a pasto nas condições predominantes do Centro-Oeste Brasileiro. Por se tratar de uma raça taurina adaptada, o Senepol também é opção para programas de produção de carne de qualidade à pasto. Merece destaque a viabilidade do uso de touros Senepol em monta natural a campo, representando boa alternativa para sistemas de produção em que a adoção de inseminação artificial não é possível, ou como opção no repasse de matrizes submetidas à programas de inseminação artificial em tempo fixo (IATF).

2.2 ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES

Wright (1922) propôs um modelo de população ideal, onde inexistem alterações de frequências alélicas, entretanto, existem vários fatores que comprometem esse modelo e fazem que as populações reais não sigam esse preceito. Em rebanhos comerciais, as populações detêm certa estrutura e sofrem alterações na frequência gênica. O estudo da estrutura das populações por meio de informações de pedigree pode esclarecer importantes circunstâncias que afetam o seu histórico genético (VALERA et al., 2005).

Diante o exposto, vários trabalhos foram realizados para averiguar a situação real de estrutura populacional e variabilidade genética de diversas raças e rebanhos bovinos, baseados em informações de pedigree.

Santana Jr. et al. (2012), ao analisar as raças Marchigiana e Bonsmara, concluíram que os parâmetros populacionais de ambas as raças se encontraram em níveis aceitáveis. Porém, a redução do tamanho efetivo populacional e aumento dos níveis de endogamia observados nos últimos anos, sugeriam a necessidade de intervenções, como acasalamento direcionado.

Dias (2012) analisou a estrutura genética da raça Caracu, concluindo que a inclusão de animais no livro de registro genealógico favoreceu para que o coeficiente médio de endogamia permanecesse estável.

Oliveira et al., (2011) estudaram a estrutura populacional de rebanho um fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber, e relataram envelhecimento das populações de reprodutores e matrizes, com consequente intervalo de gerações elevado. Adicionalmente que o rebanho avaliado apresenta redução da variabilidade genética, em razão do aumento contínuo do coeficiente de endogamia e do número de animais endogâmicos.

Faria et al., (2002) descreveram a estrutura populacional das raças zebuínas registradas junto a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), dentre elas o Nelore, Nelore Mocho, Tabapuã, Gir, Gir Mocho, Guzerá, Indubrasil e Sindi. E concluíram que a taxa de endogamia se encontra em níveis aceitáveis em raças zebuínas no Brasil, com exceção para as raças Sindi e Gir Mocho. Concluindo que ações para manter a diversidade genética podem ser requeridas para garantir respostas à longo prazo e evitar os efeitos indesejáveis da endogamia.

Para a realização de estudos de estrutura de populações é necessário um pedigree estruturado, ou seja, com diversas gerações conhecidas, e com informações fidedignas, para que não haja inconsistência nos resultados obtidos. A estrutura de uma população pode ser descrita por vários parâmetros, como por exemplo, o coeficiente de endogamia de um indivíduo (F) e o coeficiente médio de endogamia da população, a taxa de incremento de endogamia (ΔF), o tamanho efetivo da população (N_e), número efetivo de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a), intervalo de gerações (IG), entre outras.

2.3 ENDOGAMIA

A endogamia é o acasalamento de indivíduos cujo parentesco entre si é maior que o grau de parentesco médio existente na população (LUSH, 1945), sendo que os indivíduos são considerados aparentados quando os mesmos possuem pelo menos um ancestral comum na sua genealogia.

O grau de endogamia em um indivíduo é avaliado através do coeficiente de endogamia (F), descrito por Wright (1922),

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n+n'+1} (1 + F_A), \text{ em que:}$$

F_x = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

n e n' = número de gerações nas linhas através das quais os pais e as mães são relacionados;

F_A = coeficiente de endogamia do ascendente em comum.

Ao conhecer o F de todos os indivíduos de uma população, é possível determinar o coeficiente médio de endogamia populacional através da média aritmética de seus respectivos coeficientes de endogamia.

Sendo assim, possível definir a taxa de incremento de endogamia (ΔF) entre gerações de uma população, através da fórmula descrita por Falconer e Mackay (1996),

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}, \text{ onde:}$$

F_t e F_{t-1} são os coeficientes médios de endogamia de suas respectivas gerações.

O aumento do coeficiente médio de endogamia de uma população poderá acarretar no aumento da homozigose, e caso existam genes de efeitos deletérios presente na população, as características indesejáveis que se expressam somente em homozigose, serão favorecidas e se expressarão com mais frequência.

Apesar de apresentar fatores prejudiciais, tanto para a expressão das características de interesse econômico quanto para o ganho genético em programas de seleção, a endogamia é utilizada por alguns produtores com a finalidade de aumentar a prepotência nas linhagens (capacidade de um indivíduo de produzir descendentes semelhantes a ele), uma vez que indivíduos mais endogâmicos possuem menor variação de gametas e, assim, a progênie tende a ser mais uniforme.

O isolamento de uma população, principalmente daquelas submetidas a um constante programa de seleção, é considerado uma das principais causas do aumento da endogamia (PEDROSA et al., 2010).

O simples fato de serem conhecidas mais gerações completas de um indivíduo aumenta a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree, o que justifica o aumento da identificação de indivíduos endogâmicos com o decorrer das gerações (MALHADO et al., 2009).

2.3.1 Depressão endogâmica

A depressão endogâmica, termo proposto por Dickerson (1963), é causada pela endogamia, e é caracterizada pela redução do desempenho fenotípico médio dos animais.

Algumas hipóteses podem ser levantadas para explicar a influência negativa da endogamia sobre a média dos valores fenotípicos das características. Segundo Crow e Kimura (1970), o heterozigoto tem em geral um valor fenotípico maior que o homozigoto. Já para Lush (1945), os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes. Conforme estas duas hipóteses, a depressão endogâmica é considerada como uma função linear do coeficiente de endogamia, ou seja, os efeitos causados pela depressão endogâmica oscilam proporcionalmente conforme a variação do coeficiente de endogamia. Entretanto, segundo Lynch e Walsh (1998), se interações epistáticas forem consideradas como um mecanismo para explicar as bases genéticas da depressão endogâmica, o declínio da média fenotípica pode ser considerado como uma função não linear do coeficiente de endogamia.

Diversos estudos com bovinos de corte têm demonstrado o efeito negativo da endogamia do animal sobre características de importância econômica.

Santana Jr. et al. (2012) estudaram a estrutura genética das populações das raças Marchigiana e Bonsmara, e relataram diminuição do peso ao nascer de 0,154 kg a cada aumento de 1% no nível de endogamia para a raça Bonsmara.

Shimbo et al. (2000) avaliaram o efeito da endogamia em um rebanho da raça Nelore e verificaram que os níveis de endogamia individuais afetaram todas as características. O aumento de cada 1% no nível de consanguinidade causou reduções de 0,30 kg no peso à desmama, 1,12 kg no peso ao sobreano, 0,73 kg no

ganho de peso da desmama ao sobreano e 0,055 cm no perímetro escrotal. Para conformação, precocidade de acabamento e musculosidade observou-se depressão de 0,03 pontos no escore a cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia.

Queiroz et al. (2000) avaliaram o efeito da endogamia sobre características de crescimento em bovinos da raça Gir e verificaram que os valores de F foram de pequena magnitude, porém significativos. Os autores verificaram que a endogamia influenciou nas características estudadas e os resultados mostraram depressão endogâmica nas características peso à desmama e ao sobreano.

Schenkel et al. (2002), verificaram que a endogamia individual e a materna influenciaram o ganho médio diário do nascimento à desmama ajustado para 205 dias (GMD205) e o ajustado para 550 dias (GMD550) para as raças Guzerá, Indubrasil, Nelore e Tabapuã. Os autores verificaram que para cada 10% de aumento na endogamia individual, o GMD205 e o GMD550 foram reduzidos em 1,7% e 2,1% em relação à média fenotípica, respectivamente. A endogamia materna também afetou o GMD205 e o GMD550 com redução de 1,4% e 0,5%, respectivamente.

Magnabosco et al. (2012) verificaram que em bovinos da raça Nelore Mocho, a partir de 8% de endogamia, houve redução nos pesos aos 120 e 210 dias, indicando que a endogamia é um processo prejudicial para as características de interesse econômico, quando utilizada indiscriminadamente.

Keller e Brinks (1978) concluíram que os efeitos deletérios da endogamia podem ser acentuados sob ambientes mais estressantes. Conforme Burrow (1998), em tais ambientes é possível que o sistema imunológico seja menos eficaz devido à endogamia, a magnitude dos efeitos da endogamia possa aumentar pela redução da resistência aos fatores estressantes que afetam a reprodução, crescimento, carcaça e qualidade da carne.

De acordo com Van Wyk et al. (2009), a taxa de endogamia deve ser limitada para manter a diversidade em um nível aceitável, de modo que a variação genética possa garantir que os animais respondam a futuras alterações no ambiente e à seleção. Sem variação genética, os animais não podem se adaptar a estas mudanças. Isto tem preocupado pesquisadores em todo o mundo, que em contrapartida buscam formas para verificar e contornar os efeitos prejudiciais da

endogamia sobre o desempenho animal (QUEIROZ et al., 2000, GONZÁLEZ-RECIO et al., 2007, GÓMEZ et al., 2008).

2.4 TAMANHO EFETIVO DA POPULAÇÃO

O tamanho efetivo de uma população (N_e) é definido como o número de reprodutores, acasalados em uma população idealizada em que todos os indivíduos são do mesmo sexo e autofecundação é permitida, e que levaria a mesma redução da diversidade genética do que a população em estudo (WRIGHT, 1922). E influencia diretamente no coeficiente médio de endogamia, em razão da maior probabilidade de acasalamento entre indivíduos aparentados em populações de menor tamanho efetivo em comparação com as de maior tamanho (BREDA et al., 2004).

Diversos indicadores de diversidade genética têm sido propostos para mensurar variações no tamanho efetivo de uma população e os mais clássicos são a deriva genética através da variação da frequência alélica com o passar do tempo, aumento da homozigosidade, e a taxa de perda de um alelo na população (SJODIN et al., 2005; HARMON; BRAUDE, 2010).

De acordo com Faria et al. (2002), quando um determinado número de animais deixa um número maior de filhos, ocorrem alterações na variância de tamanho de família, que é uma das principais causas da variação do tamanho efetivo da população.

Para o cálculo do tamanho efetivo de uma população, podem ser usadas diversas fontes de dados (informação demográfica, pedigree ou dados moleculares).

2.4.1 Método baseado na razão de sexos (N_{es})

O modelo descrito por Wright (1922) para estimar o N_{es} é baseado na razão de sexos. Este método reflete os efeitos das variações da endogamia e do tamanho da progênie sob as premissas de que os acasalamentos foram aleatórios, não existiu seleção, e que todos os pais tiveram contribuições semelhantes. O cálculo do N_{es}

depende dos valores estimados do número de machos (M) e do número de fêmeas (F) na população referência.

$$N_{es} = \frac{4MF}{M + F}$$

2.4.2 Método baseado na taxa individual de endogamia (N_{eFi})

Gutiérrez et al. (2009) propuseram um método em que o nível de conhecimento do pedigree de um indivíduo i é estimado pelo número de Gerações Equivalentes Completas (EqG_i), calculado como a soma de todos os ancestrais conhecidos ($1/2g$), onde g é o número de gerações do ancestral, em que 1 equivale aos pais, 2 equivale aos avós, etc. (BOICHARD et al., 1997).

A taxa individual de endogamia ΔF_i é calculada de acordo com a equação:

$$\Delta F_i = 1 - {}^{EqG_i - 1}\sqrt{(1 - F_i)}$$

onde F_i é o coeficiente de endogamia do indivíduo i .

A média da taxa de endogamia ($\overline{\Delta F}$) nos leva a equação que estima o N_{eFi} :

$$N_{eFi} = 1/2\overline{\Delta F}.$$

2.4.3 Método baseado na taxa individual de coancestria (N_{eCi})

Cervantes et al. (2011) propuseram uma equação (ΔC_{ij}) que estima o valor aproximado de coancestria entre dois indivíduos i e j , em que EqG_i e EqG_j são suas respectivas gerações equivalentes completas, e C_{ij} o seu coeficiente de coancestria:

$$\Delta C_{ij} = 1 - {}^{(EqG_i + EqG_j)/2}\sqrt{(1 - C_{ij})}.$$

Todos estes métodos não diferem apenas em termos de indicador utilizado, mas também em termos de número de gerações investigadas e da quantidade de informações disponíveis. Além disso, eles são mais ou menos sensíveis à nível de conhecimento do pedigree e para alguns parâmetros relacionados com as condições de criação, tais como a existência de subdivisão da população ou pressuposição da hipótese de acasalamento aleatório, o que pode levar a estimativas tendenciosas do tamanho efetivo da população em estudo (LEROY et al., 2013)

O fato de informações de pedigree de diversas raças de espécies diferentes não estarem disponíveis, a aproximação mais simples do tamanho efetivo (calculado com base no número de reprodutores masculinos e femininos) foi utilizado para classificar o nível de ameaça de extinção de uma população qualquer pela European Association for Animal Production (EAAP) e a Food and Agriculture Organisation (FAO).

2.5 NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES, ANCESTRAIS E GENOMAS EQUIVALENTES

O número efetivo de fundadores (f_e) é definido como o número de fundadores com contribuições balanceadas que seriam esperados para produzir a mesma diversidade genética como na população em estudo (LACY, 1989). Quando os fundadores contribuem para a população de referência de forma mais equilibrada, o f_e tende ser maior. Este parâmetro é calculado como:

$$f_e = 1 / \left[\sum_{k=1}^f q_k^2 \right]$$

em que q_k é a probabilidade de origem do gene do antepassado k .

O número efetivo de ancestrais (f_a) é o número mínimo de antepassados, não necessariamente fundadores, que explica a diversidade genética completa de uma população (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997). Este parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores que representam as perdas de variabilidade genética produzidos pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutores que produzem gargalos. Este parâmetro será calculado como:

$$f_a = \frac{1}{\left[\sum_{j=1}^a q_j^2 \right]}$$

onde q_j é a contribuição marginal de um antepassado j , que é a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicada por outros antepassados escolhidos anteriormente.

O número de genomas equivalentes (f_g) pode ser definido como o número de fundadores que seriam esperados para produzir a mesma diversidade genética como na população em estudo, se os fundadores foram igualmente representados e sem ocorrência de perda de alelos (LACY, 1989). Conforme Caballero e Toro (2000),

o parâmetro f_g será obtido pelo inverso do dobro da co-ancestralidade a média dos indivíduos incluídos numa população de referência pré-definida.

O valor da razão f_g/f_e , quantifica a dimensão da deriva genética, que é o nome empregado à alteração das frequências alélicas de uma população de pequeno tamanho, em razão unicamente do acaso, a qual ocorre com maior intensidade quando a população sofre uma redução drástica do seu tamanho efetivo (Falconer; Mackay, 1996). Quanto maior for o valor dessa razão, maior será o processo de deriva genética. Melka et al. (2013), acrescenta que essa taxa mede o impacto da deriva genética excluindo o efeito da contribuição dos fundadores na diversidade genética.

De acordo com Pedrosa et al. (2010), as estimativas das taxas de f_a/f_e e f_g/f_e explicam como o uso excessivo de certos indivíduos como animais reprodutores pode levar a uma redução acentuada no “pool” genético.

Santana Jr. et al. (2012) afirma que processos de deriva genética, como o “efeito gargalo” são identificados mais frequentemente em populações com pedigrees conhecidos em várias gerações.

2.6 INTERVALO DE GERAÇÕES

Intervalo de gerações é definido como a idade média dos pais no nascimento de sua progênie.

Menores intervalos de gerações propiciam uma maior taxa anual de ganho genético quanto às características selecionadas, levando a um maior retorno econômico (FARIA et al., 2002).

De acordo com Oliveira et al. (2011), uma das prováveis explicações para o elevado intervalo de geração médio de pai-progênie, seja pela elevada idade dos touros quando divulgado o resultado de sua primeira prova ou, ainda, pela contínua utilização de determinados reprodutores, sem rápida substituição por seus descendentes.

Malhado et al. (2008) apresentam como alternativa para redução de intervalos de geração, a utilização de touros jovens, avaliados principalmente para menores intervalos pai-progênie.

A diminuição no intervalo de gerações é um fator favorável em termos de progresso genético, mas não necessariamente em termos de conservação de diversidade genética, pois os processos de deriva genética e endogamia podem aumentar mais rapidamente.

A realização deste estudo teve os seguintes objetivos:

- Estimar parâmetros relacionados à estrutura genética da população Senepol no Brasil tais como: índice de integridade de pedigree, coeficiente de endogamia, taxa de endogamia, tamanho efetivo populacional, intervalo de geração, número efetivo de fundadores, número efetivo de ancestrais, contribuição marginal de fundadores e contribuição marginal de ancestrais;
- Avaliar a tendência dos parâmetros coeficiente de endogamia, e taxa de endogamia ao longo dos anos;
- Identificar os principais fundadores, ancestrais e suas respectivas contribuições para a diversidade genética total da raça Senepol.

3 REFERÊNCIAS

ABCB Senepol – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE BOVINOS SENEPOL. <<http://senepol.org.br/associacao/associados/>> Acesso em 19 de fevereiro de 2015.

ASBIA – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL. Índex ASBIA 2013 – Importação, Exportação e Comercialização de Sêmen. <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2013.pdf>> Acesso em 12 de dezembro de 2014.

BARKER, J.S. F. Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. **Canadian Journal of Forest Research**.v.31, n. 4, 2001.

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic Selection Evolution**, v. 29, 1997.

BREDA, F. C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6 (Supl.2), 2004.

BURROW, H. M. The effects of inbreeding on productive and adaptive traits and temperament of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 55, n. 3, 1998.

CABALLERO, A.; TORO, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics Research**, v. 75, 2000.

CERVANTES, I. et al. Computing effective population size from molecular data: the case of three rare Spanish ruminant populations. **Livestock Science**, v. 138, 2011.

CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**, Alpha Editions, Minneapolis, p. 591, 1970.

DE PAULA, D. F. **Senepol feito para o Brasil**, ABCB Senepol, Ed. 1, Campo Grande, MS, p. 161, 2014.

DIAS, A.C. Análise da estrutura genética da raça Caracu. Campo Grande, 2012. 38p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, 2012. [Orientador: Prof. Dr. Fábio José Carvalho Faria].

DICKERSON, G. E. Experimental evaluation of selection theory in poultry. In: Genetics Today, International Congress of Genetics, 11. The Hague, Holand, **Proceedings**, p.747-761, 1963.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4ed. New York: Longman Group Ltd. 1996, p. 464.

FARIA, F. J. C. et al. Pedigree analysis in the brazilian zebu breeds. **7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**, Montpellier, França, 2002.

GOMÉZ, M. D. et al. Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish Purebred (Andalusian) horses. **Livestock Science**, v. 122, n. 2, 2008

GONZÁLEZ-RECIO, O.; MATURANA, E. L.; GUTIÉRREZ, J. P. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 90, 2007.

GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I; GOYACHE, F. A. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 126, 2009.

HARMON, L. J.; BRAUDE, S. Conservation of small population: Effective population size, inbreeding, and the 50/500 rule. In *An Introduction to Methods and Models in Ecology and Conservation Biology*. Editado por BRAUDE, S. e LOW, S. B., Princeton University Press, 2010.

HUPP, H.D. **History and development of Senepol cattle**. College of the Virgin Islands, Agricultural Experiment Station Report, p. 12, 1978.

KELLER, D.G.; BRINKS, J.S. Inbreeding by environment interactions for weaning weight in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 46, 1978.

LACY R.C. 1989. Analysis of founder representations in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, 1989.

LEROY, G. et al. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n.1, 2013.

LUSH, J. L. **Animal breeding plans Lush**, 3 ed. Iowa State College Press, Ames, p. 443, 1945.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**, 1 ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 1998, p. 980.

MAGNABOSCO, C. U.; LOPES, F. B.; MAMEDE, M. M. S. Efeito da endogamia sobre pesos aos 120 e 210 dias de idade de bovinos da raça Nelore mocho criados no bioma cerrado. In: 49ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia. Brasília, DF. **Anais**. 2012

MALHADO, C. H. M. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 2, 2008.

MALHADO, C. H. M. et al. 2008. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 7, 2009.

MELKA, M. G. et al. 2013. Analyses of genetic diversity in five Canadian dairy breeds using pedigree data. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 130, n. 6, 2013.

MENEZES, G. R. O. et al. 2014. In: SUMÁRIO DE TOUROS SENEPOL – GENEPLUS | EMBRAPA. A raça Senepol. Campo Grande, MS: RICA Soluções em agronegócio, p. 8-10, 2014.

OLIVEIRA, P. S. et al. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 6, 2011.

PEDROSA, V. B. et al. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 93, n. 2, 2010.

QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, 2000.

SANTANA JR, M.L. et al. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, v. 90, 2012.

SCHENKEL, F. S., LAGIOIA, D. R., RIBOLDI, J., 2002. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. **Anais...** Campo Grande, MS, 2002.

SHIMBO, M. V. et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2000, Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte, 2000.

SJÖDIN, P. et al. On the Meaning and Existence of an Effective Population Size. **Genetics**, v. 169, 2005.

VALERA, M. et al. 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v. 95, 2005.

VAN WYK, J. B.; FAIR, M. D.; CLOETE, S. W. P. Case study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **Livestock Production Science**, v. 120, n. 3, 2009.

WRIGHT, S., Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v. 56, p. 330–338, 1922.

4 ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA SENEPOL NO BRASIL POR MEIO DE ANÁLISE DE PEDIGREE

OKAMURA, V.^a, MENEZES, G.R.O.^b, TORRES JÚNIOR, R.A.A.^b, SANTANA JÚNIOR, M.L.^c, NOBRE, P.R.C.^d, SILVA, L.O.C.^b, GONDO, A.^e, EGITO, A.A.^b

^a Aluno de Mestrado - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia FAMEZ/UFMS, Av. Senador Filinto Muller, 2443, Vila Ipiranga, CEP 79070-900, Campo Grande – Mato Grosso do Sul, Brasil.

^b Pesquisador Doutor - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte, Embrapa Gado de Corte, Av. Rádio Maia, 830, Zona Rural, CEP 79106-550 Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

^c Grupo de Melhoramento Animal de Mato Grosso (GMAT), Instituto de Ciências Agrárias e Tecnológicas, Universidade Federal de Mato Grosso, Campus Universitário de Rondonópolis, MT-270, Km 06, CEP 78735-901, Rondonópolis, MT, Brasil.

^d Pesquisador Doutor – Programa Geneplus, Av. Rádio Maia, 830, Zona Rural, CEP 79106-550 Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

^e Analista - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte, Embrapa Gado de Corte, Av. Rádio Maia, 830, Zona Rural, CEP 79106-550 Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brasil.

Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree

RESUMO

O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificadas as circunstâncias que afetam o histórico genético de uma população. Assim, a realização do presente estudo teve como objetivo estimar por meio de análises de pedigree a estrutura genética da raça Senepol no Brasil. Os dados utilizados foram provenientes dos arquivos de dados genealógicos mantidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovino Senepol (ABCB Senepol) e o Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – GENEPLUS. Foram utilizadas informações de bovinos nascidos entre os anos de 1950 e 2013 totalizando 20.228 registros, sendo 9.185 fêmeas e 11.043 machos. Destes, 19.670 animais possuíam ambos os pais conhecidos. O conhecimento da genealogia dos bovinos da raça Senepol tem aumentado a cada ano. A endogamia média da população nascida dentro do último intervalo de geração foi de 1,95%. Os parâmetros número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a), e número de genomas equivalentes (f_g) foram 82,4, 34,81 e 18,21, respectivamente. O número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética na população nascida dentro do último intervalo de geração foi de 13. O tamanho efetivo baseado na taxa de endogamia (N_{eFi}) e o tamanho efetivo baseado na taxa de coancestria (N_{eCi}) encontrados na população da raça Senepol foram de 120,6 e 102,3, respectivamente. O intervalo médio de gerações encontrado no presente estudo foi 7,81 anos. A maioria da população Senepol no Brasil é endogâmica, entretanto, os níveis de endogamia estão baixos não representando uma grande preocupação. Gargalos genéticos estão presentes no pedigree da raça indicando perda de diversidade genética. É recomendável que os selecionadores brasileiros de Senepol utilizem touros e matrizes de ampla variedade genética para manutenção da variabilidade na raça.

Palavras-chave: taurino adaptado aos trópicos, endogamia, diversidade genética, bovinos.

Genetic structure of Senepol breed in Brazil by pedigree analysis

ABSTRACT

The study of population structure by pedigree analysis is useful for identifying circumstances that affect the genetic history of population. Thus, the objective of this study was to estimate the genetic structure of Senepol breed in Brazil by pedigree analysis. The data used were obtained from the complete file of Senepol breed pedigree kept by Brazilian Association of Senepol Cattle Breeders (ABCB Senepol) and Geneplus – Embrapa Program (Beef Cattle Improvement Program). Informations were used from cattle born between 1950 and 2013, totaling 20,228, which 9,185 female and 11,043 male. Of these, 19,670 animals had both parent known. The pedigree knowledge has increased every year. The mean inbreeding of the population born in the last generation interval was 1.95%. The parameters effective number of founders (f_e), effective number of ancestors (f_a), and number of equivalent genome (f_g) were 82.4, 34.81 and 18.21, respectively. The number of ancestors explaining 50% of genetic variability within the population born in the last generation interval is 13. The effective size of population base on breeding rate (N_{eFi}) and the effective size of population based on coancestry (N_{eCi}) found in Senepol breed were 120.6 and 102.3, respectively. The average generation interval found in this study was 7.81 years. Most of Senepol population in Brazil is inbred, however, inbreeding levels are low and does not represent a major concern. Genetic bottlenecks are present on breed pedigree indicating loss of genetic diversity. Brazilian Senepol breeders should use broader variety of sires/dams in order to expand genetic variability and to consider inbreeding control while doing their cattle matings.

Key-words: tropically-adapted taurine, inbreeding, genetic diversity, cattle

INTRODUÇÃO

Originária da ilha caribenha de Saint Croix, Ilhas Virgens Americanas, a raça de bovinos Senepol teve sua formação iniciada no princípio do século XX pelo cruzamento de indivíduos das raças taurinas Red Poll (britânica) e N'Dama (africana) (HUPP, 1978). Apesar da possibilidade de uso em diversas estratégias para produção de carne, o Senepol tem como principal diferencial viabilizar o uso de genética taurina em sistemas de produção inseridos em condições tropicais. Desde a chegada dos primeiros animais Senepol no Brasil em 2000, a população tem aumentado seu censo consideravelmente. Considerando apenas raças taurinas com sêmen comercializado no Brasil, em 2013, a raça Senepol foi superada apenas pela raça Angus (Aberdeen e Red), (ASBIA, 2014).

O crescimento do rebanho Senepol brasileiro baseia-se, principalmente, no uso de biotécnicas reprodutivas, em especial a transferência de embriões (TE) e a fertilização in vitro (FIV). Reprodutores e matrizes de destaque na raça têm sido utilizados intensivamente em programas de TE/FIV, deixando grande número de descendentes. Isto somado ao fato do rebanho Senepol do Brasil ser originário de alguns poucos criatórios de Saint Croix e dos Estados Unidos da América, pode contribuir para a redução da diversidade genética do rebanho nacional, a qual, a princípio, já se espera ser restrita.

O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificadas as circunstâncias que afetam o histórico genético das populações, bem como possibilita descrever a evolução do nível de endogamia, o relacionamento genético entre os indivíduos e monitoramento da diversidade genética. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, de relevante contribuição genética na população. Todos esses pontos são fundamentais para traçar objetivos e metas de melhoramento e conservação da diversidade genética de uma população. Assim, a realização do presente estudo teve como objetivo estimar por meio de análises de pedigree a estrutura genética da raça Senepol no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados no presente estudo foram provenientes dos arquivos de dados genealógicos mantidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Bovino Senepol (ABCB Senepol) e o Programa Embrapa de Melhoramento de Gado de Corte – GENEPLUS.

Inicialmente, foram identificados os animais Puros de Origem nascidos no Brasil entre os anos de 2001 e 2013, totalizando 18.570 animais. A partir destes indivíduos, foram retrocedidas as informações de genealogia até que fossem alcançados os animais com paternidade desconhecida (fundadores). Finalmente, foram utilizadas informações de bovinos nascidos entre os anos de 1950 e 2013 totalizando 20.228 animais, dos quais 9.185 fêmeas e 11.043 machos. Destes, 19.670 animais possuíam ambos os pais conhecidos (cerca de 97%).

Todos os parâmetros populacionais foram calculados para os animais da população de referência, definida como animais nascidos dentro do último intervalo de geração (2006 a 2013).

Estrutura de População e Endogamia

A estrutura populacional foi analisada em termos de nível de integridade do pedigree (I), coeficiente de endogamia individual (F_i) e populacional, coeficiente de coancestralidade (c), intervalo de gerações (IG), taxa de incremento de endogamia (ΔF), tamanho efetivo populacional baseado na taxa de endogamia (N_{eFi}), taxa de coancestralidade (ΔC), tamanho efetivo baseado na coancestralidade (N_{eCi}), número efetivo de fundadores (f_e), ancestrais (f_a) e de genomas equivalentes (f_g).

O número de gerações equivalentes completas (ECG) traçadas (t) foi computado como a média da soma de $1/2^n$ onde n é o número de gerações de ancestrais conhecidos (pais = 1, avós = 2, etc.) (Maignel et al., 1996).

O coeficiente de endogamia (F_i) foi estimado de acordo com Meuwissen & Luo (1992), que descreve a probabilidade de que um indivíduo carregue dois alelos idênticos por descendência. O c é a probabilidade de que dois alelos sejam

idênticos por descendência, e pode ser calculado como a metade do coeficiente de relacionamento.

O intervalo de geração (IG) foi calculado como a média de idade dos pais ao nascimento de suas progênes mantidas para a reprodução. O tamanho efetivo de população baseado na taxa de endogamia (N_{eFi}) foi calculado de acordo com Gutiérrez et al. (2009). A taxa de incremento de co-ancestralidade (ΔC) e o tamanho efetivo baseado no incremento da coancestralidade (N_{eCi}) foram calculados conforme proposto por Cervantes et al. (2011).

A razão entre o tamanho efetivo em função da co-ancestralidade e o tamanho efetivo baseado na taxa de endogamia, permite obter uma medida do número de subpopulações equivalentes na população (Cervantes et al., 2008).

Quando os fundadores contribuem para a população de referência de forma mais equilibrada, o f_e tende ser maior. Este parâmetro foi calculado como:

$$f_e = \frac{1}{\left[\sum_{k=1}^f q_k^2\right]}$$

em que q_k é a probabilidade de origem do gene do ancestral k . O f_a é o número mínimo de ancestrais, não necessariamente fundadores, que explicam a diversidade genética completa de uma população. Este parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores, que representam as perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutores que levam a produção de gargalos no pedigree. Este parâmetro foi calculado como:

$$f_a = \frac{1}{\left[\sum_{j=1}^a q_j^2\right]}$$

onde q_j é a contribuição marginal de um ancestral j , que é a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente. O f_g pode ser definido como o número de fundadores que seriam esperados para produzir a mesma diversidade genética como na população em estudo, se os fundadores fossem igualmente representados e sem ocorrência de perda de alelos (BALLOU; LACY, 1995). Conforme Caballero e Toro (2000), o parâmetro f_g foi obtido pelo inverso do dobro da co-ancestralidade média dos indivíduos incluídos numa população de referência pré-definida.

Os aplicativos computacionais PEDIG (BOICHARD, 2002), EVA (BERG et al., 2007) e RelaX2 (STRANDÉN, 2006) foram utilizados para a análise do pedigree. Sendo que os parâmetros f_a , f_e , f_g , ΔC e N_{eCi} foram calculados pelo software PEDIG, I e f foram calculados a partir do programa EVA e os parâmetros F_i , IG , ΔF e N_{eFi} foram calculados com o aplicativo RelaX2.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Índice de Integridade do Pedigree

O conhecimento da genealogia dos bovinos da raça Senepol tem permanecido próximo da totalidade, como mostrado na Figura 1. Com base no número de gerações equivalentes completas (ECG), o número médio de gerações conhecidas tem aumentado constantemente (Figura 2).

O número de animais da raça Senepol nascidos tem aumentado desde sua chegada ao Brasil (Figura 2). No ano de 2006, o número médio de nascimentos foi de 387 animais, enquanto que em 2012 esse número foi de 4.330 animais. Este crescimento pode estar associado com o aumento nas vendas de sêmen de touros Senepol. De acordo com a Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA, 2014), em 2006 foram comercializadas 56.611 doses de sêmen de touros da raça Senepol, enquanto em 2013, foram vendidas 117.750 doses. As biotécnicas reprodutivas têm sido amplamente utilizadas por criadores de Senepol, o que também tem contribuído com a expansão da raça.

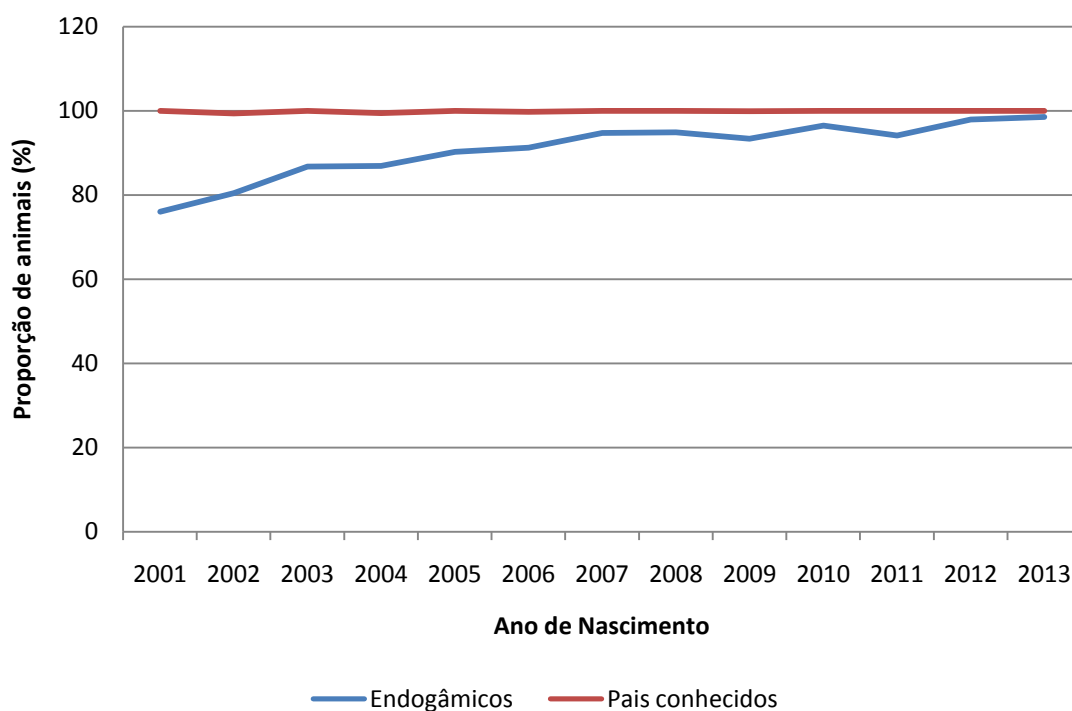


FIGURA 1 - PROPORÇÃO DE ANIMAIS ENDOGÂMICOS DA RAÇA SENEPOL NO BRASIL E COM AMBOS OS PAIS CONHECIDOS.

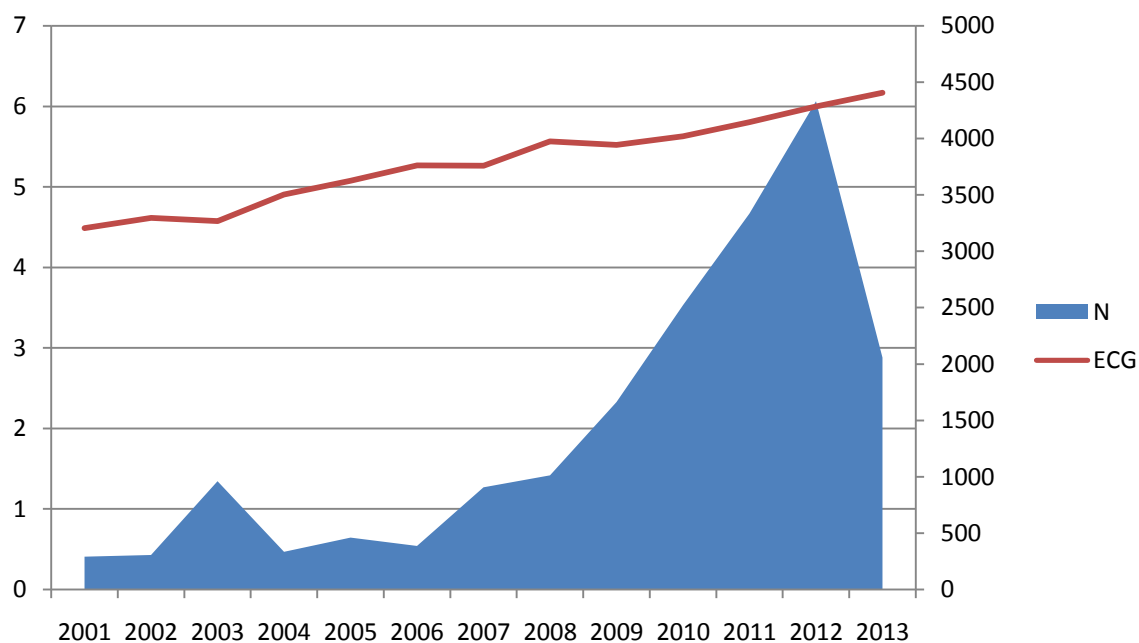


FIGURA 2 - NÚMERO DE NASCIMENTOS POR ANO (N) E GERAÇÕES EQUIVALENTES COMPLETAS (ECG) DE ACORDO COM O ANO DE NASCIMENTO DE ANIMAIS SENEPOL NO BRASIL.

Endogamia, Co-ancestralidade e Estrutura

O coeficiente de endogamia tem aumentado ligeiramente ao longo das gerações (Figura 3), provavelmente este fato esteja ocorrendo devido à estreita diversidade genética existente na população, fazendo que a grande maioria dos animais acasalados nos rebanhos apresente algum grau de parentesco, apesar da tentativa de controlar a taxa de endogamia por parte dos criadores. A proporção de animais endogâmicos no ano 2000 indica que provavelmente, grande parte dos animais importados para o Brasil já apresentavam algum grau de consanguinidade.

A endogamia média da população nascida dentro do último intervalo de geração foi de 1,95% (Tabela 1). Este valor é inferior ao encontrado na raça Caracu por Dias (2012) (3,92%), mas é superior aos valores relatados por Santana Jr. et al. (2012) para raças Marchigiana e Bonsmara no Brasil, onde foram encontrados valores médios de endogamia de 1,33% e 0,26%, respectivamente.

De acordo com Márquez et al. (2009), uma das soluções encontradas para reduzir o coeficiente médio de endogamia na raça Red Angus, nos Estados Unidos da América, foi a inclusão de novos fundadores, através de cruzamento absorvente e permitindo que animais Aberdeen Angus fossem registrados como Red Angus, essa política de registros adotada pela Associação Americana de Red Angus, possibilitou que o coeficiente de endogamia passasse de 10,7% para 3,2% dentro de um período de 15 anos.

Esses dados e o número de subpopulações equivalentes (Tabela 2) comprovam que os acasalamentos entre rebanhos predominam desde a formação dos primeiros rebanhos nacionais, fato que contribuiu para reduzir a endogamia média, mas não à co-ancestralidade média.

Provavelmente, técnicas de acasalamento direcionado têm sido empregadas por criadores, a fim de evitar acasalamentos entre parentes. Assim, a co-ancestralidade média se encontra acima dos valores médios de endogamia (Tabela 1).

Apesar de quase todos os animais apresentarem algum grau de endogamia, a maioria deles se encontra na faixa entre zero e 6,25%, e apenas 0,5% do total

apresentam valores acima de 25% (Tabela 1). Isto se deve, provavelmente, pelo fato de os criadores tentarem controlar o nível médio de endogamia de seus rebanhos ao escolher os pais da geração seguinte.

De acordo com Caballero e Toro (2000) e Lacy (1995), o acasalamento de animais baseado no valor mínimo da taxa de coancestralidade para a próxima geração deve maximizar a diversidade genética. Portanto, o acasalamento baseado na mínima taxa de coancestralidade deve ser recomendado para a raça Senepol.

TABELA 1 - DADOS REFERENTE À ENDOGAMIA NA POPULAÇÃO REFERÊNCIA DA RAÇA SENEPOL NO BRASIL (2006 A 2013).

Animais endogâmicos, %	96
F_i médio (população completa), %	1,15
F_i médio (população referência), %	1,95
$F_i = 0$ (%)	4
$0 < F_i \leq 6,25$ (%)	89,5
$6,25 < F_i \leq 12,5$ (%)	4,01
$12,5 < F_i \leq 25$ (%)	1,98
$F_i > 25$ (%)	0,51
F_i máximo, %	32,02
C médio	2,77

F_i = coeficiente de endogamia; C = coancestralidade.

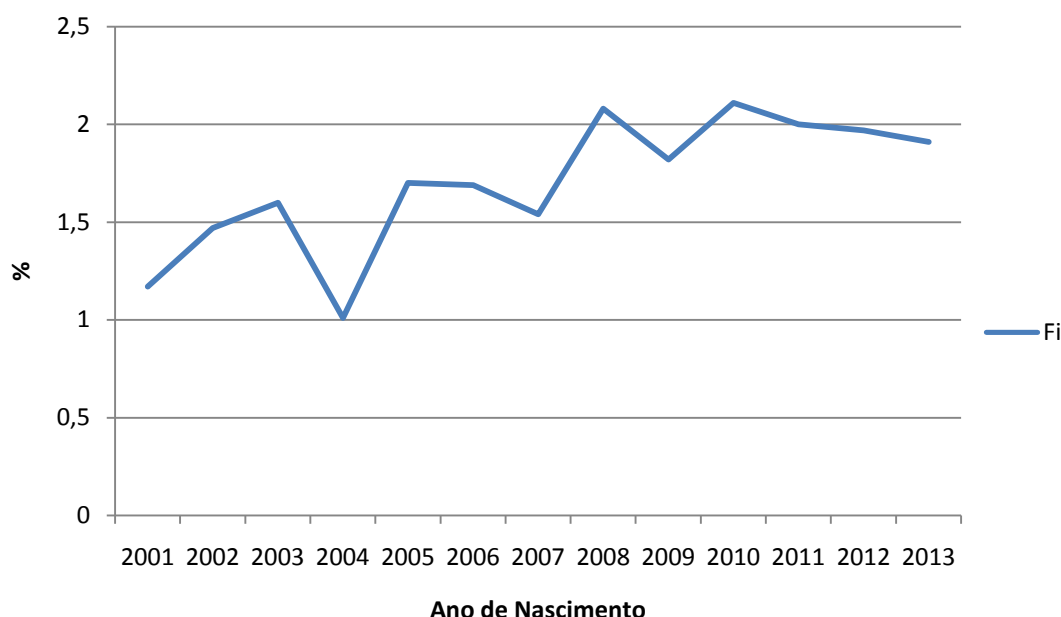


FIGURA 3 - TAXA DE ENDOGAMIA (F_i) DE ACORDO COM O ANO DE NASCIMENTO DE ANIMAIS SENEPOL NO BRASIL.

Probabilidade da Origem dos Genes

Os parâmetros f_e , f_a , e f_g (Tabela 2) foram baixos em comparação com o número de fundadores (537 animais) e ancestrais (2.388 animais). Uma das razões para estes parâmetros apresentarem valores baixos, é o fato de a raça ter apresentado um baixo número de fundadores. O provável uso desbalanceado de reprodutores é um importante fator que contribuiu para os baixos valores apresentados acima. A diferença entre o número total de fundadores e o f_e , indica que provavelmente, alguns fundadores foram amplamente usados, enquanto outros tiveram pouca contribuição genética (LACY, 1989). A proporção entre os números efetivos de ancestrais e de fundadores demonstra pequeno gargalo no pedigree da população avaliada. Porém, a relação entre o número de genomas equivalentes e número efetivo de fundadores demonstra perda de diversidade genética.

O número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética na população referência foi de apenas 13 indivíduos e a contribuição marginal de um único ancestral chegou a 8,19%. Os 10 ancestrais mais influentes na raça Senepol, são responsáveis por 45,4% do “pool” genético da população atual

(Tabela 3). Isto demonstra uma contribuição desbalanceada de ancestrais para a diversidade genética da raça Senepol. Portanto, acasalamentos devem ser direcionados de forma cuidadosa para evitar problemas relacionados com endogamia.

A média do ano de nascimento de todos os ancestrais que contribuíram para a população referência foi 1964, indicando que os reprodutores nascidos mais recentemente não têm sido utilizados com alta frequência, quando comparado com a utilização de reprodutores mais velhos.

TABELA 2 - DADOS ESTATÍSTICOS OBTIDOS DA ANÁLISE DE PEDIGREE DA POPULAÇÃO REFERÊNCIA NA RAÇA SENEPOL NO BRASIL (2006 A 2013).

ITEM	POPULAÇÃO
Média de gerações equivalentes	6,79
Número de animais	16.214
Número total de fundadores	537
Número total de ancestrais	2.388
f_a	34,81
f_e	82,4
f_g	18,21
f_a/f_e	0,42
f_g/f_e	0,22
N_{eFi}	120,6
N_{eCi}	102,3
$S (N_{eCi} / N_{eFi})$	0,85

f_a = número efetivo de ancestrais; f_e = número efetivo de fundadores; f_g = número de genomas equivalentes; N_{eFi} = tamanho efetivo da população baseado na taxa individual de endogamia; N_{eCi} = tamanho efetivo da população baseado na taxa individual de coancestralidade; $S = N_{eCi}/N_{eFi}$.

TABELA 3 - RELAÇÃO DOS 10 ANCESTRAIS DE MAIOR CONTRIBUIÇÃO NA RAÇA SENEPOL NO BRASIL.

Animal	Ano	Sexo	Contribuição marginal, %	Contribuição acumulada, %
CN 5480	1991	Macho	8,19	8,19
WC 754A	1991	Macho	6,02	14,21
HBC HOTSTUFF 25A	1991	Macho	5,88	20,09
CN 273	1975	Macho	4,86	24,95
CN 4716	1987	Macho	4,38	29,33
WC 525 S	1984	Macho	3,72	33,05
NOCONA	1995	Macho	3,22	36,27
WCS 603	1972	Macho	3,21	39,48
GST SOL 31 ET	1998	Macho	3,04	42,53
CN 4635	1986	Macho	2,87	45,4

Tamanho Efetivo da População

De acordo com a FAO (1992), quando uma população tem tamanho efetivo menor do que 100, o risco de perda de diversidade genética aumenta. No entanto, Leroy et al. (2013) mostraram que essas recomendações são baseadas em métodos de razões dos sexos ou taxa de endogamia, que em muitos casos não podem explicar completamente a diversidade genética da população em questão. O N_{eFi} e N_{eCi} encontrados na população da raça Senepol (Tabela 2) são considerados aceitáveis, pois estão acima de 100, no entanto, estes parâmetros devem ser monitorados para as próximas gerações, pois o aumento dos níveis do coeficiente de endogamia e o estreitamento da variabilidade genética observado durante os últimos anos, pode levar à uma redução do tamanho efetivo.

Biotécnicas reprodutivas são frequentemente utilizadas nessa raça, normalmente com uso intenso de poucos touros com produção comprovada e considerados geneticamente superiores. Este fato também pode contribuir para a diminuição do tamanho efetivo e com o aumento da endogamia da população.

Portanto, é recomendado o uso de uma maior diversidade de touros, de preferência com menor expressão numérica na população, ou recorrer aos locais de origem do Senepol para ampliar a diversidade genética da população.

Intervalo de Gerações

O intervalo médio de gerações encontrado no presente estudo foi 7,81 anos (Tabela 4). Esse intervalo é próximo dos valores relatados para raças zebuínas criadas no Brasil. Faria et al. (2009) encontraram valores de intervalo de gerações próximos a oito para as raças Nelore, Gir, Guzerá e Sindi. Santana Jr. et al. (2014) relataram intervalo de geração próximo a nove anos para a raça Gir no Brasil. Em um estudo em animais das raças Marchigiana e Bonsmara, foram relatados intervalos de gerações de 7,02 e 3,19 anos, respectivamente (SANTANA JR. et al., 2012).

Os intervalos de geração mais curtos foram registrados no sentido mãe – progênie, o que talvez possa ser explicado pelo fato de touros com idade avançada e famosos por produzirem filhos de alto valor e bom desempenho serem usados de forma mais frequente, principalmente com o uso de biotécnicas reprodutivas.

TABELA 4 - INTERVALO DE GERAÇÃO (IG) E NÚMERO DE OBSERVAÇÕES (n) DA POPULAÇÃO REFERÊNCIA (2006 A 2013).

Passagem Gamética	IG (anos)	n
Pai – Filho	10,86	140
Pai – Filha	10,04	1.765
Mãe – Filho	5,98	140
Mãe – Filha	5,43	1.762
Média	7,81	31.576

CONCLUSÕES

A qualidade do pedigree tem aumentado ao longo dos anos indicando maior controle do registro genealógico dos animais.

A maioria da população Senepol no Brasil é endogâmica, entretanto, os níveis de endogamia estão baixos não representando uma grande preocupação.

Gargalos genéticos estão presentes no pedigree da raça indicando perda de diversidade genética.

É recomendável que os selecionadores brasileiros de Senepol utilizem touros e matrizes de ampla variedade genética para manutenção da variabilidade na raça e considerar controle de endogamia ao realizar o acasalamento do rebanho.

REFERÊNCIAS

- ABCB Senepol – ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE BOVINOS SENEPOL. <<http://senepol.org.br/associacao/associados/>> Acesso em: Fevereiro de 2015.
- ASBIA – Associação Brasileira de Inseminação Artificial. Disponível em:<<http://www.asbia.org.br/>>.Acesso em: Fevereiro de 2015.
- BALLOU, J. D.; LACY, R. C. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations. In: Population management for survival and recovery. Editado por BALLOU, J. D., GILPIN, M. e FOOSE, T.J. Columbia University Press, New York, p. 76 – 111, 1995.
- BERG, P.; SØRENSEN, M. K.; NIELSEN, J. EVA Interface User Manual, 2007.Disponível em: <[http://eva.agrsci.dk/User%20Manual%20-%20updated 27-02-2009.pdf](http://eva.agrsci.dk/User%20Manual%20-%20updated%2027-02-2009.pdf)>. Acesso em: Julho de 2014.
- BOICHARD, D. (2002): PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations, 2002. Disponível em: <<http://dga.iouy.inra.fr/sqqa/diffusions/pedig/pedigE.htm>>. Acesso em: Julho de 2014.
- CABALLERO, A.; TORO, M. A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics Research**, v. 75, p. 331 – 343, 2000.
- CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J. P. El cociente entre incrementos de endogamia y de coascendencia como medida de subdivisión poblacional. Resultados preliminares. **ITEA**, v. 104, n. 2, 2008.
- CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; MOLINA A.; VALERA, M.; GUTIÉRREZ, J. P. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 128, p. 56–63, 2011.
- DIAS, A. C. Análise da estrutura genética da raça Caracu. Campo Grande, 2012. 38p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, 2012. [Orientador: Prof. Dr. Fábio José Carvalho Faria].
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4ed. New York: Longman Group Ltd. 1996, p. 464.
- FAO. Monitoring animal genetic resources and criteria for prioritization of breeds, K. Majjala. In: Hodges, J., (Ed.). The management of global animal genetic resources, Proceedings of an FAO Expert Consultation, Rome, N.104, 1992.

FARIA, F. J. C. FILHO, A. E. V.; 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.

GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES I.; 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.

HUPP, H.D. **History and development of Senepol cattle**. College of the Virgin Islands, Agricultural Experiment Station Report, p. 12, 1978.

LACY, R. C. Analysis of founder representations in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111–123, 1989.

LACY, R. C. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. **Zoo Biology**, v.14, p. 565 – 578,1995.

LEROY, G. et al. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n.1, 2013.

MACCLUER, J. W. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**, v. 74, n. 6, p. 394–399, 1983

MÁRQUEZ, G. C. et al. Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 59 – 68, 2009.

MEUWISSEN, T.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, p. 305–313, 1992

OLIVEIRA, P. S. et al. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 6, p. 639 – 647, 2011.

SANTANA JR, M. L. et al. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, v. 90, p. 99 – 108, 2012.

SANTANA JR, M. L. et al. History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gircattle. **Livestock Science**, v. 163, p.26 – 33, 2014.

STRANDÉN, I.; VUORI, K. RelaX2: pedigree analysis program. In 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, Contribution, p. 27–30, 2006.

VALERA, M. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Science**, v. 95, p. 57–66, 2005.

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