

CAPÍTULO 5 Identificação de tendência de família na
raça Nelore para permanência no rebanho

INTRODUÇÃO

O acasalamento em linha é muito utilizado para a formação de linhagens diferentes dentro das raças, produzindo a separação da população em diferentes famílias, possibilitando a seleção das melhores e a eliminação das piores. Este método de acasalamento foi o mais utilizado na formação de diferentes linhagens na Raça Nelore (Magnabosco *et al.*, 1997), sendo considerado uma ferramenta importante na conservação de determinados genótipos importados.

A idéia de parentesco pressupõe, em melhoramento animal, semelhança de genótipos. Diz-se que há parentesco entre dois indivíduos quando é maior a probabilidade que eles tenham mais genes em comum, do que dois outros quaisquer indivíduos da população.

O termo linhagem refere-se a um grupo de animais que apresentam parentesco entre si, devido a um ancestral representado por um genearca, reprodutor fundador da fase contemporânea

(material genético importado na década de 60) da raça Nelore (Magnabosco *et al.*, 1997).

Em uma dada linhagem, a existência de animais com mesma genealogia não implica, necessariamente, na mesma bagagem genética, pois a amostragem mendeliana ocorre durante a formação dos gametas. O uso intensivo de um determinado reprodutor possibilita a maior amplitude de variação no desempenho das progênes. Apesar do reduzido número de genearcas responsáveis pela formação do Nelore brasileiro, há evidências de diferentes perfis genéticos entre as linhagens, de acordo com o critério de seleção empregado (Lôbo *et al.*, 2003). Assim, na raça Nelore, apesar do pequeno tamanho efetivo da população (68 animais - Faria *et al.*, 2002) a existência de diferentes linhagens permitiria a exploração da complementariedade das características de interesse econômico.

A importância da identificação de diferenças no perfil genético de cada linhagem é a possibilidade de direcionar os acasalamentos, otimizando-os e, conseqüentemente, alcançando maiores progressos genéticos nas características incluídas no objetivo de seleção e evitando altos níveis de endogamia no rebanho ou na raça. Outros ganhos provenientes dos acasalamentos otimizados são o aumento (ou pelo menos a manutenção) da variabilidade genética aditiva e a sustentabilidade da raça, evitando-se a necessidade, a médio ou longo prazo, da incorporação extra de genes com uso de outras raças

ou a importação de reprodutores sem qualquer tipo de avaliação genética (Lôbo *et al.*, 2003).

Com o presente estudo buscou-se identificar famílias e determinar a contribuição dos genearcas da raça Nelore, quanto ao desempenho para permanência no rebanho, a partir dos valores genéticos dos touros.

MATERIAL E MÉTODOS

As Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) dos 4180 touros, obtidas a partir da transformação em escala de probabilidade das soluções resultantes da análise pelo MTGSAM *for threshold* (Van Tassel *et al.*, 1998), foram classificadas em ordem decrescente e estudadas as genealogias dos 42 melhores touros (também chamados de TOP 1% ou aqueles que apresentam *Dstay* superior a 57,6%, Tabela 1).

A interpretação da DEP para permanência no rebanho, *Dstay*, é a probabilidade que o touro tem de deixar filhas que permaneçam mais tempo no rebanho. Por exemplo, se um touro X possui *Dstay* igual a 56% e o touro Y, 44%, pode-se esperar que as filhas do touro X possuam 12% a mais de chance de permanecerem até os 76 meses de idade, parindo pelo menos três vezes. Estas DEPs encontram-se distribuídas de tal forma que o valor central não é zero, mas sim 50%. No exemplo anterior, portanto, considera-se que o touro X é

“positivo” para permanência no rebanho (6% acima do valor central) e o Y “negativo” (6% abaixo do valor central). Não há, portanto *Dstay* com sinal negativo.

A Tabela 1 apresenta os percentis da característica permanência no rebanho.

TABELA 1 – Distribuição da DEP para permanência no rebanho (*Dstay*), em percentis

TOP (%)	<i>Dstay</i>
0,1	62,0
0,5	59,0
1	57,6
2	56,4
3	55,6
4	55,0
5	54,4
10	53,0
15	52,0
20	51,4
25	51,0
30	50,6
40	50,1
50	50,0
100	37,4

Fonte: Sumário de Touros, Matrizes e Animais Jovens, 2003.

Utilizou-se o pacote PEDIG[®] composto por uma série de programas escritos em linguagem Fortran (Boichard, 2001). A contribuição genética dos touros fundadores e ancestrais pode ser medida pela *proporção de genes ou alelos* na população estudada, pelo *número efetivo de fundadores*, que representa o número de animais com igual contribuição que produziriam mesma variabilidade

genética que aquela encontrada na população estudada (Vercesi *et al.*, 2002), pelo *número efetivo de ancestrais*, que representa o número mínimo de animais, fundadores ou não, necessários para se explicar a diversidade genética total da população estudada (Vercesi *et al.*, 2002) e pelo *número efetivo de genomas remanescentes*, que representa o número de fundadores com igual contribuição, sem haver perda de alelos por deriva na progênie e que produziriam a mesma diversidade genética daquela encontrada na população estudada (Vercesi *et al.*, 2002). O *software* disponibiliza, ainda, os parentescos entre os ancestrais considerados importantes para a característica auxiliando, assim, a identificação de uma ou mais famílias importantes para probabilidade de permanência no rebanho.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A proporção de genes dos fundadores da raça Nelore nos touros considerados TOP1% para permanência no rebanho encontra-se representada na Figura 1.

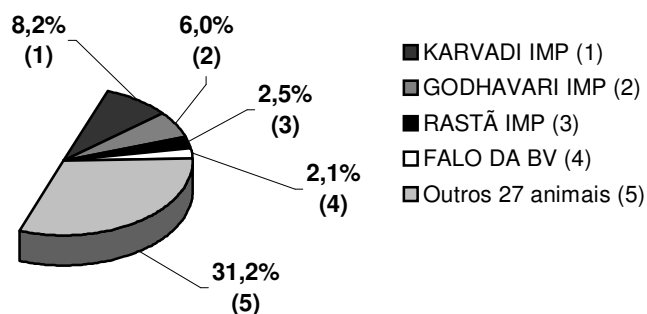


FIGURA – 1 Proporção de genes dos importantes fundadores da raça Nelore nos um por cento melhores touros para permanência no rebanho

Dos 34 touros com genealogia conhecida, 12 (ou 35%) possuem na linha materna ou paterna, contribuição genética do fundador Godhavari Imp., essencialmente via Kurupathy e Neofito. Um fato interessante seria relacionar a forte presença do touro Godhavari nos melhores para permanência no rebanho e os resultados do trabalho de Lôbo *et al.* (2003), o qual detectou que a linhagem Godhavari apresentou a maior DEP média para reprodução de fêmeas (DPAC, ou DEP para produtividade acumulada, de 1,40 kg de bezerros desmamados ao ano) na sua geração de netos e, também, as maiores diferenças foram observadas entre a linhagem Godhavari e as linhagens Karvadi (3,46 kg de bezerros desmamados/ano, na geração de filhos) e Rastã (2,54 kg de bezerros desmamados/ano, na geração de netos). Esta linhagem, portanto, apresentou filhos e netos que tiveram filhas mais produtivas, com maior número de bezerros e

desmamados com melhores pesos que os descendentes dos touros Karvadi e Rastã. E, já que as filhas dos descendentes do touro Godhavari possuíam melhor habilidade materna e fertilidade, provavelmente há o reflexo disso na expressão da permanência no rebanho.

Na mesma proporção, observou-se 12 linhas (maternas ou paternas) que terminavam no touro Rolex, via seu neto Cardeal (H 4013, Tabela 2). O genearca possui DPAC igual a 1,30 e o pai de Cardeal (Helix da SC) possui DPAC igual a 1,33 (entre os 15% melhores animais avaliados pelo PMGRN-USP) e para habilidade materna (MP120) igual a 1,50 (entre os 20% melhores).

Outro destaque fica por conta do touro Karvadi como genearca comum em 10 linhas maternas (essencialmente via Chummak) e somente uma linha paterna, ou seja, a importante contribuição do touro Karvadi é como tataravô, bisavô ou avô das mães dos touros com melhores DEPs para permanência no rebanho. O referido fundador conferiu genes aos touros ancestrais Ídolo, Garoto e Fulminoso, todos mochos e TOP para DPAC e MP120 (Tabela 2).

Os outros touros fundadores, Rastã Imp. (MP120 igual a 1,94kg) e Falo da BV (DPAC igual a 2,37kg) apresentam significativa proporção de genes nos touros TOP para a característica, porém sem parentesco com aqueles considerados ancestrais importantes (Tabela 4). Possivelmente, a disseminação de seus genes ocorreu pela via materna.

TABELA – 2 Proporção de genes e DEPs para reprodução de fêmeas (DPAC) e habilidade materna (MP120) dos ancestrais (exceto fundadores), na população dos melhores touros para permanência no rebanho

RGD	Nome	TOP 1%	TOP 5%	TOP 10%	DPAC (kg)	MP120 (kg)
3425	Amedabad	3,0	3,0	0,4	-2,36	1,09
7447	Chummak	3,0	3,5	0,3	-0,59	-0,82
H 0501	Garoto	2,8	1,2	0,1	2,53	2,03
H 3815	Ídolo	2,0	0,8	0,5	2,21	3,37
H 0729	Fulminoso	1,9	0,9	0,6	1,27	2,58
H 4013	Cardeal	1,6	0,8	0,4	0,03	0,17
H 4012	Ping Pong	1,0	0,3	0,2	1,53	0,55

Observa-se, portanto, que a maioria dos ancestrais importantes são Nelore mocho. Uma suposição versaria sobre a existência de *Red Polled* na fixação do caráter mocho. Esta suposição torna-se coerente com os resultados obtidos por Meirelles *et al.* (1999) e por Günski (2001), sobre a existência de DNA mitocondrial de *Bos taurus taurus* na raça Nelore. A presença de DNA mitocondrial taurino também implicaria na existência de um *pool* gênico originado de animais indianos e europeus. Resultados de Ripamonte (2002) mostraram seis por cento de genoma *taurus* em animais registrados (POI e PO) da raça Nelore.

A Tabela 3 apresenta o cálculo do número efetivo de fundadores, ancestrais, genomas remanescentes e o número de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética da permanência no rebanho, nos touros classificados como TOP.

TABELA – 3 Número efetivo de fundadores, ancestrais e genomas remanescentes nos melhores touros para permanência no rebanho (42 nos TOP1%, 209 nos TOP5% e 418 nos TOP10%)

Número Efetivo de:		TOP 1%	TOP 5%	TOP 10%
Fundadores		56	73	70
Ancestrais	Entre	48 e 54	64 e 73	62 e 70
Genomas Remanescentes				
	Machos	21	30	30
	Fêmeas	27	45	44
Número de Ancestrais*		28	63	81

* Que somam 50% da variabilidade genética.

A razão entre número efetivo de fundadores e de ancestrais, aproximadamente igual a 1 (um), representa o efeito “gargalo” resultante da diminuição do número de reprodutores. Ou seja, o número de fundadores é praticamente igual ao número de ancestrais, o que mostra grande redução no número de reprodutores utilizados. Boichard *et al.* (1997) relataram valor igual a 3 (três) para a raça Normanda na França. Em 2002, Vercesi *et al.* e Faria *et al.* obtiveram valores de 1,44 e de 1,5, respectivamente para as populações de Tabapuã e Nelore mocho brasileiras.

A extensão do processo de deriva genética pode ser indicada pela razão entre o número efetivo de genomas remanescentes e de fundadores. Neste estudo, o menor valor (0,38) foi observado para os machos do TOP1%, o que era esperado, pois o aumento da variabilidade genética em um rebanho geralmente é conseguido pela incorporação e uso de matrizes cara-limpa ou LA. Em 2002, Vercesi

et al. e Faria *et al* relataram valores de 0,54 e de 0,44 respectivamente para as raças Tabapuã e Nelore mocho no Brasil.

Maiores inferências não podem ser feitas, visto que não se trata de estudo populacional como de Vercesi *et al.* e Faria *et al.* (2002), mas sim a busca de tendências familiares e avaliação da variabilidade genética no grupo de melhores touros para a característica considerada.

TABELA – 4 Coeficiente de parentesco genético aditivo (%) entre touros ancestrais com importante contribuição nos melhores touros para permanência no rebanho

	FALO DA BV	CARDEAL	KARVADI	AMEDABAD	ÍDOLO	GODHAVARI	GAROTO	RASTÃ	CHUMMAK	PING PONG	FULMINOSO
FALO DA BV	100										
CARDEAL	0	100									
KARVADI	0	0	100								
AMEDABAD	0	0	0	100							
ÍDOLO	0	0	0,8	3,2	100						
GODHAVARI	0	0	0	25	12,6	100					
GAROTO	0	0	1,6	6,2	50	25	100				
RASTÃ	0	0	0	0	0	0	0	100			
CHUMMAK	0	0	50	0	0,4	0	0,8	0	100		
PING PONG	0	6,2	0	0	0	0	0	0	0	100	
FULMINOSO	0	0	1,6	6,2	12,6	25	25	0	0,8	0	100

A Figura 2 ilustra as relações entre os ancestrais importantes para permanência no rebanho.

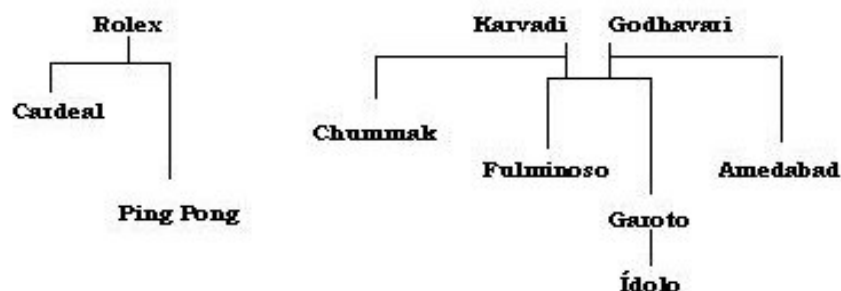


FIGURA 2 – Dendrograma com relações de parentesco entre os ancestrais importantes para permanência no rebanho

CONCLUSÕES

O presente estudo mostrou que além das linhagens Karvadi, Godhavari e Rastã, as famílias dos touros Rolex e Falo da BV tiveram importante influência sobre a probabilidade de permanência no rebanho. Outras pesquisas, relacionando permanência no rebanho com produtividade acumulada (PAC), com habilidade materna (MP120) e com origem do DNA mitocondrial, poderão trazer maiores evidências sobre a seleção para peso, para leite e para características reprodutivas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BOICHARD, D. Pedig: a Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2001.

(<http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/pedig/pedigE.htm>).

BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *J. Anim. Sci.*, v. 29, p. 5-23, 1997.

FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura populacional da raça Nelore mocho. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, n. 5, p. 501-509, 2002.

GÜNSKI, R. J. Efeito do DNA mitocondrial sobre características de crescimento na raça Nelore. 2001. 69p. Tese de Doutorado – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

LÔBO, R. B.; MARCONDES, C. R.; TIVERON, G. C.; LIMA, F. P. Perfil genético dos principais touros fundadores da raça Nelore na base de dados do PMGRN-USP. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40, 2003, Santa Maria. Anais... Santa Maria: SBZ, 2003 (CD-ROM).

MAGNABOSCO, C. de U.; CORDEIRO, C. M. T.; TROVO, J. B. F.; MARIANTE, A. S.; LÔBO, R. B.; JOSAHKIAN, L. A. Catálogo de linhagens do germoplasma zebuino: raça Nelore. Brasília: Embrapa-Cenargen, 1997. 52 p. (Embrapa-Cenargen. Documento 23).

MEIRELLES, F. V.; ROSA, A. J. M.; LÔBO, R. B. *et al.* Is the american zebu really *Bos indicus*?. *Genet. Mol. Biol.*, v. 22, n. 4, p. 543-546, 1999.

RIPAMONTE, P. Estimativa da participação do genoma de *Bos taurus* no rebanho Nelore. 2002. 57p. Dissertação de Mestrado – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a Multiple-Trait Threshold Model and Gibbs Sampling. *J. Anim. Sci.*, v. 76, p. 2048-2061, 1998.

VERCESI, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, v. 54, n. 6, p. 609-617, 2002.