

# ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE RAÇAS BOVINAS BRASILEIRAS LOCALMENTE ADAPTADAS

## POPULATION STRUCTURE AND GENETIC DIVERSITY OF LOCALLY ADAPTED BRAZILIAN CATTLE BREEDS

Egito A.A.<sup>1\*</sup>, Lara M.A.C.<sup>2</sup>, Albuquerque M.S.M.<sup>3</sup>, Martinez A.M.<sup>4</sup>, Landi V.<sup>4</sup>, Juliano R.S.<sup>5</sup>, Delgado J.V.<sup>4</sup>, Fioravanti M.C.S.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Gado de Corte. Av. Radio Maia, 830, Vila Popular, 79106550 - Campo Grande, MS, Brasil. \*andrea.egito@embrapa.br

<sup>2</sup>Instituto de Zootecnia, R. Heitor Penteado, 56, Centro, 13460000 - Nova Odessa, SP - Brasil

<sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, PqEB, Final W5Norte, 70770-917 - Brasília, DF, Brasil

<sup>4</sup>Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales, Ed. Gregor Mendel, 14071-Córdoba. España

<sup>5</sup>Embrapa Pantanal, R. 21 de setembro, 1880, 320900 - Corumbá, MS, Brasil

<sup>6</sup>Universidade Federal de Goiás, Dep. de Med. Veterinária, C. Samambaia, 74001970 - Goiânia, GO, Brasil

**Keywords:** Population genetics; Microsatellites; STRUCTURE; Naturalized breed.

**Palavras chave:** Genética de populações; Microsatélites; STRUCTURE; Raça naturalizada.

### Abstract

As the aim of investigating the population structure of Brazilian bovine locally adapted breeds, 237 individuals from Caracu ( $n = 50$ ), Creole Lageana ( $n = 39$ ), Curraleira ( $n = 50$ ), Mocha Nacional ( $n = 50$ ) and Pantaneira breeds ( $n = 48$ ) were genotyped with 28 microsatellite loci chosen from lists of FAO / ISAG and BIOBOVIS project. Indices of genetic diversity were calculated by FSAT program and the genetic population structure was obtained based on Bayesian analysis implemented by the STRUCTURE program. There was a significant genetic differentiation ( $p < 0.05$ ) between breeds studied, the percentage of variation among populations was 4.64%. In general the expected heterozygosity was higher than observed heterozygosity (0.751 vs 0.696). The Creole Lageana breed showed the highest allelic richness (8.9) while the lowest was observed in the Caracu breed (7.07). The greatest  $F_{IS}$  was observed in Curraleira (0.106) and the smallest in the Mocho Nacional (0.035). By the Bayesian analysis one could observe that Curraleira and Pantaneira breeds share the largest number of alleles while Caracu quickly distinguished from the others. The results are consistent with the history of the formation of these populations after their introduction in Brazil by the colonizers. Moreover, it appears that populations which are inserted in breeding programs, such as Caracu, have less genetic diversity when compared with the other, although this does not necessarily reflect an increase of inbreeding in the population. In Curraleiro breed high levels of inbreeding may reflect the need for exchanges between the different breeding farms sampled.

### Resumo

Como o intuito de averiguar a estrutura populacional de raças localmente adaptadas de bovinos do Brasil genotipou-se 237 indivíduos das raças Caracu ( $n=50$ ), Crioula Lageana ( $n=39$ ), Curraleira ( $n=50$ ), Mocha Nacional ( $n=50$ ) e Pantaneira ( $n=48$ ) com 28 locos microssatélites escolhidos a partir de listas da FAO/ISAG e do projeto BIOBOVIS. Índices de diversidade genética foram calculados a partir do programa FSAT e a estrutura populacional foi obtida com base em análise Bayesiana implementada pelo programa STRUCTURE. Observou-se uma diferenciação genética significativa ( $p < 0,05$ ) entre as raças estudadas, sendo a porcentagem de variação observada entre as populações de 4,64%. De um modo geral a heterozigosidade esperada foi superior a observada (0,751 vs 0,696). A raça Crioula Lageana apresentou a maior riqueza alélica (8,9) enquanto que a menor riqueza foi observada na raça Caracu (7,07). O maior  $F_{IS}$  foi observado na raça Curraleira (0,106) e o menor na raça Mocho Nacional (0,035). Pela análise Bayesiana foi possível observar que as raças Curraleira e Pantaneira compartilham o maior número de alelos enquanto que a raça Caracu se distingue rapidamente das demais. Os resultados obtidos são condizentes com o histórico da formação destas populações a partir da sua introdução no Brasil pelos colonizadores. Além disto, verifica-se que populações que estão inseridas em programas de melhoramento, como a raça Caracu, apresentam uma menor diversidade genética quando comparadas com as demais, embora este fato não reflita necessariamente em um aumento da endogamia na

população. Na raça Curraleira, os altos índices de endogamia podem estar refletindo a necessidade de intercâmbio entre os reprodutores dos diferentes criatórios amostrados.

### Introdução

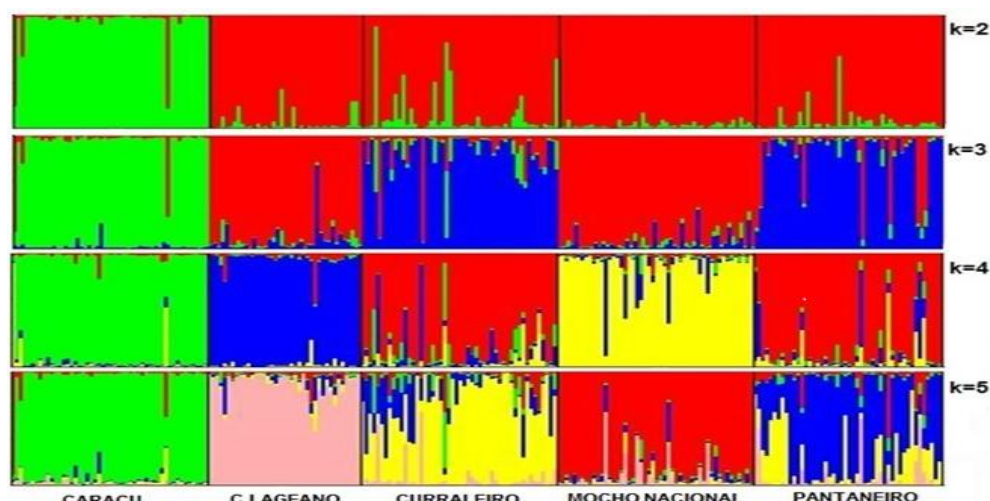
As raças localmente adaptadas do Brasil, originadas do gado introduzido pelos colonizadores europeus, derivam-se da seleção e dos eventos naturais que ocorrem na formação de uma raça. Dada suas características de adaptabilidade a estresses bióticos e abióticos, extremos e variáveis, estas têm sido alvo de interesse crescente por representarem um repositório valioso de complexos gênicos úteis para responder efetivamente a mudanças ambientais (Egito et al., 2007). De acordo com as estimativas da FAO (F.A.O., 2000), 30% das raças de animais domésticos com fins produtivos, estão em risco de extinção. Este fenômeno é ampliado pela pressão seletiva exercida em raças intensivamente melhoradas, comercialmente viáveis em curto espaço de tempo (raças precoces), que tende a homogeneizar as populações trabalhadas. A conservação efetiva destas raças depende muito do conhecimento a respeito dos aspectos históricos e da relação genética existente entre as mesmas, assim como dos fatores econômicos e culturais que modelam o uso atual e potencial destas populações. O objetivo do trabalho foi avaliar a estrutura populacional de raças localmente adaptadas de bovinos do Brasil e o compartilhamento alélico existente entre estas visando auxiliar o manejo populacional e uso destes recursos genéticos.

### Material e métodos

Foram genotipados 237 indivíduos das raças Caracu (n=50), Crioula Lageana (n=39), Curraleira (n=50), Mocha Nacional (n=50) e Pantaneira (n=48) com 28 locos microssatélites escolhidos a partir de listas da FAO/ISAG e do projeto BIOBOVIS, sendo estes: INRA63, ETH225, ETH10, HEL9, CSSM66, INRA32, ETH3, BM2113, BM1824, BM1818, ILSTS6, MM12, CSRM60, ETH185, HAUT27, TGLA227, TGLA122, TGLA53, SPS115, INRA37, ILSTS5, HEL5, ETH152, INRA5, HEL1, CSSM33, CSSM9 e INRA23. Índices de diversidade genética foram calculados a partir do programa FSAT e a estrutura populacional foi obtida com base em análise Bayesiana implementada pelo programa STRUCTURE. A Análise de Variância Molecular foi realizada utilizando-se o programa ARLEQUIN.

### Resultados e discussões

Observou-se uma diferenciação genética significativa ( $p < 0,05$ ) entre as raças estudadas, sendo a porcentagem de variação observada entre as populações de 4,64%. De um modo geral a heterozigosidade esperada foi superior a observada (0,751 vs 0,696).



**Figura 1.** Análise de Structure para as 5 raças estudadas com base em dados de 28 locos microssatélites (*Structure software analysis for the five studied breed based on 28 microsatellites loci*)

Embora a população fundadora destas raças origine-se de um grupo pequeno de animais, a miscigenação destas raças fundadoras, de origens geográficas distintas, no novo Continente (Primo, 1992) seguida pela seleção natural aos diferentes habitats e ambientes encontrados, somada a deriva genética, promoveram a formação de grupos raciais distintos e com grande variabilidade genética. A raça Crioula Lageana apresentou a maior riqueza

alélica (8,9) enquanto que a menor riqueza foi observada na raça Caracu (7,07). O maior  $F_{IS}$  foi observado na raça Curraleira (0,106) e o menor na raça Mocho Nacional (0,035). Pela análise Bayesiana foi possível observar que as raças Curraleira e Pantaneira compartilham o maior número de alelos enquanto que a raça Caracu se distingue rapidamente das demais (Fig. 1). Os resultados obtidos são condizentes com o histórico da formação destas populações a partir da sua introdução no Brasil pelos colonizadores e por análises genéticas realizadas com um número menor de marcadores STR (Egito et al., 2007). A menor diversidade genética da raça Curraleira e os níveis de endogamia observados refletem uma menor diversidade genética quando comparadas com as demais, embora este fato não reflita necessariamente em um aumento da endogamia na população.

### **Conclusões**

Os altos índices de endogamia observados na raça Curraleira indicam a necessidade de ser planejar e executar, com a menor brevidade, estratégias de manejo e gestão destes recursos genéticos visando minimizar uma possível perda alélica. As raças Pantaneira e Curraleira apresentam um maior compartilhamento alélico quando comparada com as demais.

### **Bibliografia**

- Egito, AA; Paiva, SR; Albuquerque, MSM; Mariante, AS; Almeida, LD; Castro, SR; Grattapaglia, D. 2007. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics* **8**:83.
- FAO. 2000. World Watch List for domestic animal diversity. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. 726 p.
- Primo, AT. 1992. El ganado bovino Iberico en las Americas: 500 años después. *Archivos de Zootecnia*, v.41, p.421-32.