

### **Endogamia e tamanho efetivo em uma população de bovinos compostos multirraciais**

Bárbara da Conceição Abreu Silva<sup>1\*</sup>, Fernando de Oliveira Bussiman<sup>2</sup>, Laís Grigoletto<sup>1</sup>, Alisson Stefany Aceró Valderama<sup>1</sup>, Felipe Eguti de Carvalho<sup>1</sup>, Bruna Folegatti Santana<sup>1</sup>, Elisângela Chicaroni de Mattos<sup>1</sup>, José Bento Sterman Ferraz<sup>1</sup>, Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>,

<sup>1</sup>Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Nutrição e Produção Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da USP, Pirassununga, SP, Brasil.

\*Autor correspondente: [barbara.abreusilva@usp.br](mailto:barbara.abreusilva@usp.br)

**Resumo:** Como principais parâmetros utilizados para caracterizar a estrutura de uma população podemos citar: a endogamia, o tamanho efetivo populacional e o intervalo de gerações. O objetivo deste estudo foi encontrar o tamanho efetivo populacional ( $Ne$ ) e a taxa de endogamia ( $\Delta F$ ) de uma população brasileira de bovinos compostos. O arquivo de pedigree continha a informação de 1.118.251 animais nascidos entre 1980 e 2018, pertencentes ao Programa Montana Composto Tropical. Foram utilizadas três metodologias para a estimativa do  $Ne$  (1: com base na informação censitária; 2: na taxa de endogamia; 3: gerações completas equivalentes), as análises foram realizadas no software PopRep. A taxa de endogamia por geração foi de 0,10% ao ano, o que representa um valor baixo, vista que, se trata de uma população multiracial. As estimativas de  $Ne$  foram de 3768, 951, 339 para os 3 métodos, respectivamente; estas estimativas podem indicar que o verdadeiro  $Ne$  varia perto de 1000 animais efetivos. Por ser um composto aberto é permitida a inclusão de várias raças nos sistemas de acasalamento, o que pode indicar o alto tamanho efetivo observado. Outros estudos estão sendo desenvolvidos para determinar a estrutura populacional desse gado de corte composto.

**Palavras-chave:** heterose, cruzamento, pedigree, estrutura populacional.

### **Inbreeding and effective population size in a population of composite beef cattle**

**Abstract:** Among all parameters to characterize population structure, inbreeding, effective population size and generation interval can be highlighted. The aim of this study was to find the effective population size ( $Ne$ ) and inbreeding rate ( $\Delta F$ ) of a Brazilian composite beef cattle population. The pedigree file contained information of 1,118,251 animals born between 1980 and 2018, belonging to the Montana Tropical Composite Program. Three methodologies were used to estimate the  $Ne$  (1: based on census information, 2: on inbreeding rate, 3: equivalent complete generations) were performed in the PopRep software. The rate of inbreeding was 0.10% per year, which is a low value because it is a multibreed population. Estimates of  $Ne$  were 3768, 951, 339 for the 3 methods, respectively; these estimates may indicate true  $Ne$  ranges around 1000 effective animals. Since Montana is open composite cattle in it is allowed the inclusion of many breeds in the mating systems, which may explain the high observed effective population size. Other studies are being developed to determine the population structure of this composite beef cattle.

**Keywords:** heterosis, breeding, pedigree, population structure.

### **Introdução**

Na bovinocultura uma prática que vem sendo realizada com bastante frequência são os cruzamentos. Segundo Eler (2017), a utilização de bovinos compostos permite a democratização destes acasalamentos, sobretudo, possibilita ao pequeno criador a utilização de animais com material genético eficiente e graças a sua adaptação ele pode ser utilizado em monta natural por meio de um delineamento que vise atender as necessidades do mercado nas diferentes regiões do país.

O Montana Composto Tropical® foi criado em 1994 através de uma iniciativa conjunta entre a Agropecuária CFM Ltda. e a Leachman Cattle Co. visando a obtenção de touros compostos, provindos de um programa de melhoramento que explorasse a heterose e complementariedade na avaliação dos animais e hoje o programa conta 12 propriedades e cerca de 35 mil matrizes. Uma das premissas de um programa de melhoramento baseado em animais compostos é a retenção de heterose, o que impacta diretamente as estimativas de endogamia e como o parentesco médio da população tende a ser baixo o tamanho efetivo

populacional ( $Ne$ ) deveria ser investigado. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o  $Ne$ , bem como a taxa de endogamia ( $\Delta F$ ) nesta população de animais por meio de dados de pedigree.

#### Material e Métodos

O banco de pedigree continha informações de 1.118.251 animais nascidos entre 1980 e 2018. Os animais que compõem o Programa Montana Composto Tropical são cruzamentos de diversas raças, agrupadas em quatro tipos biológicos e classificados de acordo com o sistema NABC (Tabela 1).

Tabela 1. Tipos biológicos utilizados na formação do Montana Composto Tropical.

Grupo	Sigla	Características	Principais raças
Zebuínos ( <i>Bos taurus indicus</i> )	N	Rusticidade, resistência a parasitas e rendimento de carneça.	Nelore, Guzerá, Brahman, Gir, Tabapuã
Adaptados ( <i>Bos taurus taurus</i> )	A	Adaptabilidade, fertilidade, qualidade de carne.	Belmont Red, Bonsmara, Caracu, Senepol
Taurinos Britânicos ( <i>Bos taurus taurus</i> )	B	Precocidade sexual, acabamento, conformação, qualidade de carneça.	Red Angus, South Devon
Taurinos Continentais ( <i>Bos taurus taurus</i> )	C	Crescimento, rendimento e qualidade de carneça.	Simental, Gelbvieh, Pardo-Suíço, Charolês, Limousin, Marchigiana

O  $Ne$  foi calculado a partir da informação de pedigree, para toda a população, de acordo com as informações censitárias (Wright, 1923), ponderado pela taxa de endogamia ( $Ne-\Delta F$  – Falconer & Mackay, 1996) e pelo número de gerações equivalentes completas ( $Ne-Ecg$  – Gutiérrez et al., 2009) e, a taxa de endogamia foi calculada de acordo com Falconer & Mackay (1996). Todas as análises foram realizadas no software PopRep (Groenveld, 2009).

#### Resultados e Discussão

O coeficiente médio de endogamia da população ( $\bar{F}_i$ ) foi de 0,10% enquanto que para o ano de 2018 ele foi de 0,14%. Considerando apenas os animais endogâmicos esses mesmos coeficientes foram 1,99% e 0,78%, respectivamente. Os valores de endogamia encontrados para esta população são baixos o que está relacionado com o fato de se tratar de uma população de animais compostos; mesmo que a endogamia seja criada em algum determinado acasalamento, ela é logo desfeita uma vez que as chances de os animais endogâmicos deixarem descendentes na população é baixa, fruto do não acasalamento de animais aparentados dentro dos tipos NABC. O que pode ser corroborado pelo  $\Delta F$  (0,01%) encontrado que evidenciaria ainda, a retenção de heterose na população. A endogamia paterna foi maior do que a materna na população (0,14% e 0,05%, respectivamente), enquanto que o  $\Delta F$  teve pouca variação ao longo do período estudado Figura 1.

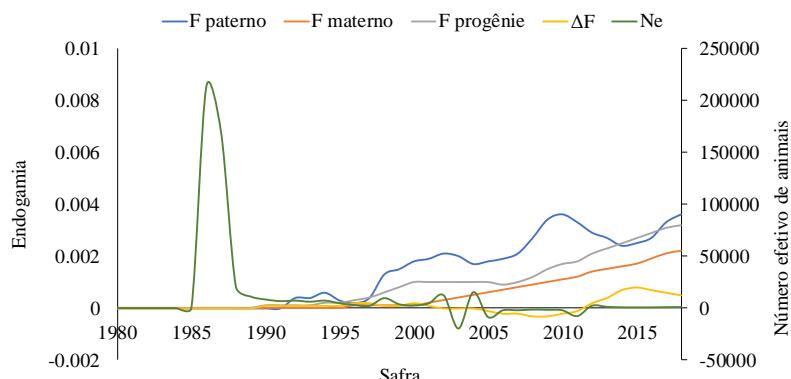
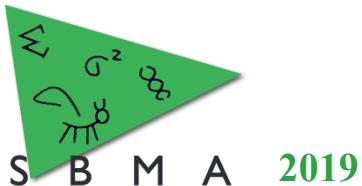


Figura 1. Endogamia paterna, materna,  $\Delta F$  e tamanho efetivo observado ao longo dos anos estudados.



## XIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal

Salvador, BA – 17 e 18 de junho de 2019

As estimativas de  $N_e$  encontradas foram de: 3768, 951, 339 para os 3 métodos, respectivamente; estas estimativas podem indicar que o verdadeiro  $N_e$  varia perto de 1000 animais efetivos. O Montana é um composto aberto, portanto, é permitida a inclusão de várias raças nos sistemas de acasalamento, o que pode ajudar a explicar os altos valores de tamanho efetivo observados. É sabido que a metodologia desenvolvida para calcular o  $N_e$  pelo método censitário, responde a quantidade de pais e mães envolvidos nos acasalamentos, desta forma, este alto valor encontrado (3768) pode estar inflado devido à quantidade de informações no pedigree.

É possível que o valor inferior para o  $N_e$  quando ponderado pelo número de gerações equivalentes completas tenha sido baixo devido à completude do pedigree que é afetada pela inclusão de animais com genealogia desconhecida a cada novo ciclo de seleção, uma vez que, nesta população, são utilizadas diversas raças.

### Conclusão

As estimativas das médias dos coeficientes de endogamia podem ser consideradas baixas, tanto analisando a população total quanto a população de animais endogâmicos, a retenção de heterose encontrada nos compostos pode explicar parte desse baixo coeficiente de endogamia observado. Todas as metodologias aplicadas para a avaliação do tamanho efetivo indicaram que a população possui um valor de  $N_e$  elevado, porém, estes valores precisam ser acompanhados ao longo das futuras gerações. Outros estudos estão sendo desenvolvidos para melhor determinar a estrutura populacional desse bovino de corte composto.

### Agradecimentos

Ao Programa Montana Composto Tropical pela concessão do banco de dados. Ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da USP/FZEA. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

### Literatura citada

- Eler J. P. 2017. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: sistemas de acasalamento.** Pirassununga: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. Disponível em: <http://www.livrosabertos.sibi.usp.br/portaldelivrosUSP/catalog/view/164/150/722-1>. Acesso em 04 de abril de 2019.
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. 1996. **Introduction to Quantitative Genetics.** Longman, Essex, U.K., 4th ed. edition.
- Groeneveld, E., v.d. Westhuizen, B., Maiwashe, A., Voordewind, F., & Ferraz, J. B. S. 2009. POPREP: A Generic Report for Population Management. **Genetics and Molecular Research**, 8(3):1158-1178.
- Gutiérrez, J. P., Cervantes, I., & Goyache, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population size in farm animals. **J. Anim. Breed. Genet.**, 126:327-332.
- Wright, S. 1923. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. **J. Hered.**, (14):339-348.