Genética de paisagem de Bovinos no Brasil

Ana Clara Barbosa de Souza[1], Andrea Alves do Egito[2], Concepta Margaret McManus[3]

[1]Aluna de Graduação do curso de Agronomia – Universidade de Brasília . E-mail: anaclarabarbosadesouza1@gmail.com
[2] Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte
[3] Professora Titular da Universidade de Brasília. Email:concepta@unb.br

Resumo

O objetivo deste estudo foi de explorar padrões de estrutura genética espacial em raças bovinas localmente adaptadas no Brasil. Os 876 animais das dez raças avaliadas foram georeferenciados usando o software QGIS 2.4.0, demonstrando os diferentes locais de amostragem. Os testes de Mantel, autocorrelação espacial e Teste de Monmonier foram realizados. Para os testes de correlação espacial as distâncias variaram de 5 a 15 classes. Em sequência os dados foram analisados utilizando o procedimento Forma da Paisagem Genética. Os resultados indicam descontinuidades genéticas no Centro-oeste, Sul e Sudeste. Existe uma falta de correlação entre distância genética e geográfica. Assim os animais geograficamente mais distanciados não são geneticamente mais distantes. O Monmonier Maximum Distance Algorithm indica em uma subdivisão inicial que separa o Curraleiro dos outros e depois o Pantaneiro dos outros. Outra subdivisão separa Crioulo, Mocho Nacional e Caracu. Se atendo que no município de Brasília e Alvorada do Norte tiveram três raças pontuadas: Caracu, Curraleiro e Mocho Nacional, mas para análise somente foram utilizados os dados da raça Curraleiro. Foi apresentada descontinuidade genética a partir dos 176 km quando analisados com uma quantidade maior de classes.

Palavras-chave: Mantel, Monmonier, georreferenciamento.

Os autores deste trabalho são os únicos responsáveis por seu conteúdo e são os detentores dos direitos autorais e de reprodução. Este trabalho não reflete necessariamente o posicionamento oficial da Sociedade Brasileira de Biometeorologia (SBBiomet).

The authors of this paper are solely responsible for its content and are the owners of its copyright. This paper does not necessarily reflect the official position of the Brazilian Society of Biometeorology (SBBiomet).

DOI: 10.6084/m9.figshare.5183155

Introdução

A relação entre adaptação das espécies e as características de paisagem levou ao surgimento da "genética de paisagens", que consiste em uma linha de pesquisa interdisciplinar que combina conhecimentos de genética de populações, ecologia de paisagem e estatística espacial (Storfer *et al*., 2007, 2010) com o objetivo de descrever e explicar como a paisagem e seus componentes afetam a variação genética de populações de animais e de plantas. Essa disciplina provê informações sobre a interação entre a paisagem e os processos microevolucionários, como o fluxo gênico, seleção natural, entre outros (Manel *et al*., 2003, 2010), auxiliando no conhecimento sobre como a heterogeneidade da paisagem influencia a estrutura populacional, o fluxo gênico e as adaptações das plantas e animais.

Observa-se que os fazendeiros empiricamente tentam eliminar ou controlar fatores externos que afetam negativamente a produção agropecuária (Herrero *et al*., 2010), tais como os relacionados ao ambiente físico (vegetação, solo, clima e geomorfologia), fazendo com que seja importante o conhecimento dos controles ambientais locais, como as características climáticas (temperatura e umidade do ar) e a altitude (Costa *et al*., 2014), por exemplo, que são fatores importantes na implementação e estabelecimento da produção (Joost *et al*., 2010). Nesse sentido, a aplicação de informações corretas e modernas e de pesquisas tecnológicas representam 99% do sucesso econômico e quantitativo das fazendas (Sibbald *et al.*, 2008), levando ao entendimento de que o controle dos fatores físicos pode incrementar a produção.

Segundo Manel *et al.* (2003), as duas chaves da genética de paisagens são a detecção da descontinuidade genética e a correlação entre essa com a paisagem e as barreiras impostas pelas feições ambientais. Mas é importante ressaltar, como afirmam Anderson *et al.* (2010), que a escala espacial é relevante e deve ser ditada pelos atributos ecológicos dos organismos em estudo, coincidindo com a distribuição espacial e o tempo que os fenômenos podem ter influenciado na estrutura genética.

Assim, o objetivo deste estudo foi de explorar padrões de estrutura genética espacial em raças de bovinos localmente adaptados e comerciais no Brasil.

Material e Métodos

Um total de 876 indivíduos pertencentes a 10 raças bovinas criadas no Brasil foram analisados e georeferenciados através da utilização de um sistema de informação geográfica (software QGIS 2.4.0), um sistema de projeção de latitude-longitude geográfica e SIRGAS 2000. Foram utilizados animais provenientes de diferentes rebanhos e regiões (Figura 1), com o intuito de obter amostras representativas, os quais podem ser divididos em três grupos: (a) raças taurinas localmente adaptadas (Caracu; Crioulo Lageano; Curraleiro; Mocho Nacional e Pantaneiro); (b) raças taurinas especializadas (Holandês e Jersey) e (c) raças zebuínas (Gir; Guzerá e Nelore).

O DNA genômico foi extraído utilizando um procedimento inorgânico com altas concentrações salinas e vinte um microssatélites foram amplificados pela reação em cadeia da polimerase (PCR) em cinco sistemas multiplexes diferentes em que o *primer forward* de cada microssatélite foi marcado com os fluorocromos 6-FAM, HEX ou NED de acordo com o tamanho esperado dos alelos. Os produtos amplificados foram eletroinjetados em um sequenciador automático de DNA (ABI PRISM 3100, Applied Biosystems) e o filtro virtual D foi utilizado para a leitura das florescências. Um padrão interno marcado com Rox (Brondani & Grattapaglia, 2001) foi utilizado para predizer o tamanho dos alelos. Os programas GeneScan 2.0 e Genotyper 2.1 (Apllied Biosystems) foram utilizados para a genotipagem dos alelos observados (Egito et al., 2007).

Foram usados os testes de Mantel e autocorrelação espacial implementados pelo programa *Alleles In Space* (Miller, 2005). Nos testes de Mantel, 1000 repetições de randomização foram usadas para avaliar a significância das correlações entre a (P/(1-P). Para as análises de correlação espacial, as distâncias variaram de 5 a 15 classes.

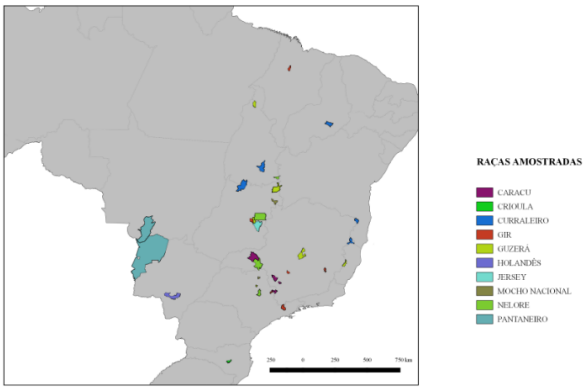

Figura 1: Mapa de distribuição das raças de bovinos no Brasil.

Resultados e Discussão

Há um interesse crescente no uso de tecnologias de georreferenciamento, juntamente com a informação genética na gestão e planejamento de sistemas de produção de gado, bem como previsão de capacidades adaptativas. Os resultados podem ser utilizados como critérios para otimizar a gestão das populações conservadas *in situ* e os esquemas de conservação *ex situ*, bem como no planejamento de expansão e adaptação dos sistemas de produção (Hermuche et al 2013; Costa et al, 2014). Compreender as diferenças genéticas espaciais em programas de conservação pode favorecer a amostragem e representação adequada das populações. A maior parte das raças no presente estudo teve dois ou mais locais de coleta em sistemas de criações e ambientes diferentes. A maior divisão é entre as raças do Sul e Sudeste com as regiões Nordeste e Centro-oeste. Enquanto algumas subdivisões podem estar evidenciado a diferenciação racial em si, outras podem representar subdivisões de raça.

A correlação de Mantel de distâncias genéticas e geográficas foram de 0,012. Tendo a probabilidade de observar uma correlação maior do que ou igual à observada foi de P = 0,13 e menor do que ou igual ao observado P = 0,868. Essas probabilidades indicaram que houve uma baixa variação individual dentro das raças e locais amostrados. Existiu então, uma falta de correlação entre distância genética e geográfica. Assim os animais geograficamente mais distanciados não são geneticamente mais distantes.

A média de distância genética de pares de conjuntos a partir de dados completos foi definida com 0,729 usando o Spatial Autocorrelation Analyses. Quanto as classes de distância analisada (Tabela 1) apresentaram um padrão claro de descontinuidade genética com raças de bovinos no Brasil podendo ser notado já nos 176 km quando comparado em um maior número de classes.

Tabela 1: Classes de distância igual e as diferenças genéticas entre os animais amostrados.

	Results for each distance class					
	Range:					
Class	From	To	Ay	n	Upper-tail P	Lower-tail P
1	0	176	0,704863	47351	P = 1,00000	P = ,00000
2	176	352	0,734877	42655	P = ,00100	P = ,99900
3	352	527	0,737905	79536	P = ,00000	P = 1,00000
4	527	703	0,738488	68742	P = ,00000	P = 1,00000
5	703	879	0,722093	36595	P = 1,00000	P = ,00000
6	879	1055	0,726741	33238	P = ,92000	P = ,08000
7	1055	1231	0,752098	7015	P = ,00000	P = 1,00000
8	1231	1406	0,728307	36299	P = ,60700	P = ,39300
9	1406	1582	0,699773	14894	P = 1,00000	P = ,00000
10	1582	1758	0,74311	7398	P = ,00000	P = 1,00000
11	1758	1934	0,74216	2955	P = ,02000	P = ,98000
12	1934	2110	0,761241	1426	P = ,00000	P = 1,00000
13	2110	2285	0,689607	2746	P = 1,00000	P = ,00000
14	2285	2461	0,763811	100	P = ,13200	P = ,86800
15	2461	2637	0,738848	2300	P = ,07000	P = ,93000

Dependendo do ambiente, genótipos diferentes podem responder de maneiras diferentes (Blackburn *et al.*, 1998). Sem estresse ambiental os genótipos de raças altamente produtivas e selecionadas podem se expressar. Em ambientes adversos animais selecionados/adaptados para características de "fitness", que no passado foram ignoradas pelos melhoristas, podem produzir melhor. Estas características incluem os desafios a carrapatos, parasitas internos, forragem de baixa qualidade e nutrição altamente variável em termos de quantidade ou qualidade, bem como temperatura ambiental (Hammond & Leitch, 1996).

A interpolação do formato da paisagem genética que se mostra na Figura 2 com uma perspectiva, picos e vales altos representam descontinuidades genéticas. Portanto, altas descontinuidades genéticas são observadas ao Sudeste, Centro-oeste e Sul do país. Estas são representadas por Pantaneiro no Centro-Oeste, Crioula ao Sul e Nelore no Sudeste.

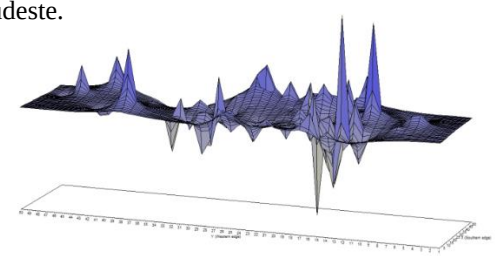

Figura 2. Duas perspectivas da superfície 3D de distâncias genéticas espacializadas de bovinos no Brasil.

Em termos de distribuição geográfica e genética a raça Pantaneiro é o mais perto da Curraleira, assim como notado em Egito et al. (2007). A raça Pantaneira tem Associação de criadores deste 2012 mas ainda não tem registro no MAPA (Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento). Assim o registro oficial da raça seria importante para auxiliar no fomento da raça e na sua criação, facilitando e contribuindo para a disseminação do material genético deste bovino por parte de seus criadores.

O estabelecimento de um sistema de criação economicamente viável em determinada região requer a escolha de raças ou variedades que sejam adequadas às condições ambientais locais. Um tema comum para muitos argumentos para conservação genética é a resistência a doenças, porque esta afeta a conservação de várias maneiras. Raças ou populações requerendo conservação são frequentemente as que têm grande variabilidade de adaptação para doenças ou para ambientes inóspitos (Scherf, 2000). O tamanho da população, individualmente, é um risco, especificamente quando se consideram doenças às quais a população não é resistente. A agrobiodiversidade é um componente crítico de biodiversidade global. Mais de 75% da produção mundial de alimentos são produzidos por pouco mais de 25 espécies domésticas de plantas e animais. A manipulação e manejo destes recursos são essenciais para a segurança alimentar do mundo. Por outro lado, a pressão para aumento de produtividade e sustentabilidade dos sistemas de produção é intensa e crescente. Desta forma, buscar alternativas que manipulem o ambiente e gere conforto aos animais é uma das soluções apontadas para condicioná-los a apresentar melhor desempenho para o uso comercial.

Como foi ser visto aqui, a diferenciação existe com uma distância de 176 km. Uma razão pode ser devido a amostragem e a falta de coleta de animais cobrindo todo o território, a qual foi restrita em algumas populações ou por sua existência local à época ou pelo nível de extensão do Brasil. Pode ser útil para avaliar a especiação local, adaptação e os efeitos da seleção humana (Manel et al., 2010). Como o fluxo de genes em animais é influenciado principalmente por fatores humanos (Storfer et al, 2007;. Berthouly et al, 2009; Anderson et al, 2010), a distribuição das raça é o resultado da seleção dos indivíduos mais desejados, adaptação aos diferentes ambientes e efeitos demográficos, como a domesticação e migração (Bruford et al., 2003). Nos resultados mostrados aqui, raças localmente adaptadas são distribuídas regionalmente com elevada diferenciação genética em curtas distâncias, o que pode causar confundimento na hora de avaliar os resultados observados. Isto pode ser devido a uma falta de circulação de animais entre localidades devido a deficiências em infra-estrutura, especialmente nas regiões do Nordeste, onde as fazendas tendem a ser isoladas e rebanho pequeno tamanho (Lobo et al., 2011). Outro ponto a ser considerado e que, até pouco tempo, estas raças tinham pouco valor de mercado e, desta forma, havia pouco intercâmbio entre as distintas fazendas, sendo estes utilizados apenas para consumo familiar ou regional. Todas as raças localmente adaptadas são geneticamente próximas, pois tiveram sua origem na Península Ibérica portanto existe pouca diferença entre elas pela mesma origem inicial. Há possibilidade de miscigenação entre estas quando aqui chegaram e não havia distinção entre as diferentes raças (conceito de raça veio muito depois por aqui, tanto que nos próprios zebuínos, existiu alguma miscigenação inicial, muito tempo depois, porque era tudo zebu).

A diferenciação existente em curtas distâncias pode ser devido à criação em sistemas familiares e rebanhos fechados. O que gera uma diferenciação entre animais das mesmas raças, justamente pela fixação de alelos distintos. No Curraleiro isto é bem evidente pelo número de populações amostradas. Com microssatélites foi possível dizer quais populações tem intercambio de animais e são mais próximas e as que são mais distintas embora estejam no mesmo estado (Egito et al 2007), inclusive demostrar a similaridade de duas populações criadas em estados distintos mas cujo proprietário é o mesmo.

A disponibilidade de gado de diversas raças com grandes diferenças adaptativas e produtivas permite que estas possam ser combinadas com os diferentes ambientes, capacidades de gestão e mercados - maximizando assim a oportunidade para alta produtividade e lucratividade. É quase certo que o conteúdo taurino em bovinos compostos nos ambientes (sub) tropicais se tornará maior no futuro (Bourdon, 2008). No entanto, Ntombizake (2002), Burrow (2006) e Scholtz & Theunissen (2010) reiteraram que raças bovinas localmente adaptadas devem ser conservadas para assegurar sua disponibilidade contínua para produção de carne bovina nos (sub)trópicos, em função da manutenção da variabilidade de seus genes adaptativos. Nas áreas mais desenvolvidas, no qual as competências de gestão podem ser melhores, mas as condições são muitas vezes inóspitas, com níveis relativamente baixos de nutrição natural, cruzamento com vacas de pequeno porte, enquadradas como crioulas ou localmente adaptadas, pode ter sucesso na melhoria da produção de gado de corte (Calegare et al,. 2007).

Conclusão

O estudo mostra a necessidade de aumentar a amostragem de bovinos para fins de conservação já que há diferenciação entre locais de coleta relativamente pertos (176km) que pode ser em função do sistema de criação existente.

Agradecimentos

Agradecemos a Embrapa, Capes e CNPq para bolsas e financiamento.

Referências

- ANDERSON, C.D.; EPPERSON, B.K.; FORTIN, M.; HOLDEREGGER et al. (2010). Considering spatial and temporal scale in landscape-genetic studies of gene flow. **Molecular Ecology**, V.19, 3565–3575, 2010.
- BERTHOULY, C., DO NGOC, D., THÉVENON, S., et al. (2009). How does farmer connectivity influence livestock genetic structure? A case-study in a Vietnamese goat population. Molecular Ecology, vol. 18, pp. 3980-3991.
- BRUFORD, M.W., BRADLEY, D.G., & LUIKART, G. (2003). Dna markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature, vol. 4, pp. 900-910.
- BURROW, H.M.(2006). Utilization of diverse breed resources for tropical beef production. Proc. 8th Wrld Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., August 13-18, Belo Horizonte, MG, Brazil. www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles.
- CALEGARE, L., ALENCAR, M.M., PACKER, I.U., LANNA, D.P.D., 2007. Energy requirements and cow/calf efficiency of Nellore and Continental and British *Bos Taurus* x Nellore crosses. J. Anim. Sci. 85, 2413–2422.
- COSTA, N. S.; HERMUCHE, P**. et al. (2014)** Georeferenced evaluation of genetic breeding value patterns in Brazilian Holstein cattle. Genetics and Molecular Research, v. 13, p. 9806-9816.
- EGITO, A.A.; PAIVA, S.R.; ALBUQUERQUE, M.S.M. et al. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. BMC Genetics, v.8, p.83, 2007.
- HERMUCHE, P.; MARANHÃO, R. L. A.; et al. (2013) Dynamics of Sheep Production in Brazil. ISPRS International Journal of Geo-Information, v. 2, pp. 665-679.
- MHERRERO, M.; THORNTON, P.K.; NOTENBAERT, A.M.; WOOD, S.; MSANGI, S.; FREEMAN, H.A.; BOSSIO, D.; DIXON, J.; PETERS, M.; VAN DE STEEG, J.; LYNAM, J.; RAO, P. P.; MACMILLAN, S.; GERARD, B.; MCDERMOTT, J.; SERÉ, C.; ROSEGRANT, M. Smart Investments in Sustainable Food Production: Revisiting Mixed Crop-Livestock Systems. **Science**, 327:822-827. 2010.
- JOOST, S., COLLI, L., BARET, P.V., GARCIA, J.F., BOETTCHER, P.J., TIXIER-BOICHARD, M. , AJMONE-MARSAN, P. & the GLOBALDIV Consortium. **Integrating geo-referenced multiscale and multidisciplinary data for the management of biodiversity in livestock genetic resources**, **Animal Genetics**, Volume 41, Issue s1. 2010. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2010.02037.x
- LOBO R.N.B., PEREIRA I.D.C., FACÓ O. & MCMANUS C.M. 2011. Economic values for production traits of Morada Nova meat sheep in a pasture based production system in semi-arid Brazil. Small Rumin. Res. 96:93-100
- MANEL, S., SCHWARTZ, M.K., LUIKART, G., AND TABERLET, P. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. Trends Ecol. Evol. 18: 189-197.
- MANEL, S.; JOOST, S.; EPPERSON, B.K.; HOLDEREGGER, R.; STORFER, A.; ROSENBERG, M.S.; SCRIBNER, K.T.; BONIN, A.; FORTIN, M. Perspectives on the use of landscape genetics to detect genetic adaptive variation in the field. **Molecular ecology 19** (17): 3760-3772, 2010.
- MCMANUS, C.M., RIBEIRO, R.S., MARIANTE, A.S., EGITO, A.A., LOUVANDINI, H., PAIVA, S.R. Production aspects of a herd of Mocho Nacional breed. *Arch. Zootec. 54: 459-464. 2005*
- MILLER, MP, 2005. Alleles In Space (AIS): Computer Software for the Joint Analysis of Interindividual Spatial and Genetic Information. J Hered 96 (6): 722-724. doi: 10.1093/jhered/esi119
- NTOMBIZAKHE, M., 2002. The multiplication of Africa's indigenous cattle breeds internationally: the story of the Tuli and Boran breeds. Available at: http://agtr.ilri.cgiar.org/Casestudy/case-mpofu-1-TuliBoran-31.htm
- SCHOLTZ, M. M., THEUNISSEN, A. (2007) The use of indigenous cattle in terminal cross-breeding to improve beef cattle production in Sub-Saharan Africa. Anim Gen Res, 2010;46:33–39.
- STORFER A., MURPHY M.A., EVANS, J.S.et al. Putting the "landscape" in landscape genetics. **Heredity**, v.98 p. 128–42.
- STORFER, A.; MURPHY, M.A.; SPEAR, S.F.; HOLDEREGGER, R.; WAITS, L.P. Landscape genetics: where are we now? **Molecular Ecology** V.19, P 3496–3514, 2010.