

ANCESTRALIDADE TAURINA E ZEBUÍNA EM POPULAÇÃO COMPOSTA POR MÚLTIPLOS CRUZAMENTOS

Camila Alves dos Santos¹; Josiel Borges Ferreira¹; Elisangela Chicaroni de Mattos Oliveira²; Rafael Espigolan²; José Bento Sterman Ferraz²; Tiago do Prado Paim¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano - Campus Rio Verde.

²Departamento de Zootecnia, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, São Paulo, Brazil, *tiago.paim@ifgoiano.edu.br

A população composta MONTANA TROPICAL[®] foi desenvolvida com cruzamento de diferentes tipos biológicos: raças zebuínas (N), taurinas adaptadas (A), taurinas britânicas (B) e taurinas continentais (C). O objetivo foi manter um mínimo de 50% de grupos genéticos adaptados ao ambiente tropical na composição racial. O processo de cruzamento entre raças para obtenção da população envolve no mínimo 3 cruzamentos iniciais e, posteriormente, foram realizados cruzamentos dentro da população. O presente estudo objetivou identificar como a ancestralidade taurina e zebuína se manteve nesses animais com as pressões seletivas aplicadas nessa população. Assim, foi realizada a análise de ancestralidade local e identificação de QTLs localizados nas regiões com altas proporções de zebu e taurino no genoma. Foram utilizados dados de 3.217 animais Montana, 2.588 animais do grupo N, 68 do A, 182 do B e 127 do C, com total de 40.646 SNPs. Para inferência da ancestralidade local, foi utilizado o software R por meio do pacote GHAP. A identificação de QTLs foi realizada nas regiões top 1% da distribuição normal da ancestralidade de cada grupo biológico, e a anotação de QTLs foi realizada utilizando-se o software R por meio do pacote GALLO. Os animais Montana apresentaram média de 24% (desvio padrão de $\pm 5,41$) de ancestralidade zebuína. A ancestralidade taurina total foi de 62%, composta por 19,6% ($\pm 6,96$) do grupo A, 20,1% ($\pm 5,99$) do grupo B, e 21,92% ($\pm 7,79$) do grupo C. O método não foi capaz de determinar a ancestralidade de 14% ($\pm 5,26$) do genoma. Foram identificadas 7 regiões genômicas com alta ancestralidade zebuína nos animais Montana (BTA 4, 6, 9, 21, 24). Os QTLs identificados nessa região foram majoritariamente relacionados a ganho de peso corporal, longevidade de vida produtiva e intervalo para retorno ao estro pós-parto. Já para a ancestralidade taurina, foram identificadas nove regiões com alta ancestralidade do grupo A (BTA 3, 4, 6, 7, 10, 16, 17, 18, 20), dez regiões para o grupo B (BTA 1, 3, 6, 8, 10, 15, 17, 21, 22, 28) e oito para o grupo C (BTA 1, 3, 9, 10, 14, 20, 26). Os principais QTLs identificados nas regiões de alta ancestralidade taurina foram: grupo A: escore de marmoreio, textura de pelagem, força de cisalhamento; B: facilidade de parto, escore de marmoreio, período de gestação, ganho de peso diário; C: consumo de matéria seca, ganho de peso corporal, espessura de gordura na 12^a costela. Os diferentes grupos biológicos contribuíram com porções genômicas que impactam diretamente a capacidade de produção de carne em ambiente tropical a pasto. Características adaptativas como o "Slick hair" (localizado no cromossomo 20), proveniente do grupo A, agrega vantagens para a termorregulação em ambientes tropicais. Os resultados demonstram que a população oriunda de cruzamento pode ser um reservatório genético para seleção futura tanto para características produtivas quanto de adaptação ao ambiente.

Palavras-chave: Adaptação tropical; Cruzamentos; Conservação

Agradecimentos: Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano pelo suporte acadêmico e financeiro, à Associação de Criadores de Montana, ao Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia (GMAB) - FZEA/USP, Pirassununga, São Paulo e ao National Animal Germplasm Program, Agricultural Genetic Resources

Preservation Research (Fort Collins, CO, USA) pelos genótipos concedidos para este estudo.