UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

HISTÓRICO GENÉTICO E POPULACIONAL DE REBANHOS ANGUS E NELORE

Autor: Vanius Buzzatti Falleiro
Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA-BRAZIL
Novembro de 2013

VANIUS BUZZATTI FALLEIRO

HISTÓRICO GENÉTICO E POPULACIONAL DE REBANHOS ANGUS E NELORE

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA

BAHIA-BRASIL

Novembro de 2013

Ficha Catalográfica Preparada pela Biblioteca da UESB, Campus de Itapetinga

636.2 Falleiro, Vanius Buzzatti.
F183h Histórico genético e populacional de rebanhos Angus e Nelore. / Vanius Buzzatti Falleiro. – Itapetinga-BA: UESB, 2013.

85f.

Tese de Doutoramento apresentada como parte das exigências para obtenção do título de doutor em zootecnia, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado.

1. Bovinos - Angus e Nelore - Parâmetros e tendências genéticas - Inferência Bayesiana. 2. Bovinos - Angus e Nelore – Pedigree. 3. Bovinos - Angus e Nelore – Variabilidade genética. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Título.

CDD(21): 636.2

À minha esposa e à minha filha,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus.

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia e ao Curso de Pós-Graduação em Zootecnia.

Ao professor Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, pela oportunidade, confiança e pela espetacular orientação.

Ao professor Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro, por toda ajuda ao longo do curso.

À minha esposa Francielly, pelo incentivo, força e companheirismo nas idas e vindas à Bahia.

Aos meus pais, Aldo e Neusa Falleiro, por terem me proporcionado a base para mais esta conquista.

BIOGRAFIA

VANIUS BUZZATTI FALLEIRO, filho de Aldo Michel Falleiro e Neusa Buzzatti Falleiro, nasceu em Santa Maria, Rio Grande do Sul, no dia 12 de novembro de 1973.

Graduado em Zootecnia pela Universidade Federal de Santa Maria e Mestre em Zootecnia, área de concentração Produção de Ruminantes, pela Universidade Federal do Ceará.

Em março de 2011, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Doutorado, área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, realizando estudos na área de Melhoramento Animal.

É professor do Instituto Federal Catarinense, campus Rio do Sul, Santa Catarina, desde 2005.

SUMÁRIO

Página

LISTA DE FIGURAS..... vii

LISTA DE TABELAS..... x

RESUMO..... xi

ABSTRACT..... xii

I – REFERENCIAL TEÓRICO..... 1

1.1 Introdução..... 1

1.2 Revisão de literatura..... 3

1.2.1 Histórico do rebanho Wye Angus..... 3

1.2.2 Estrutura genética populacional..... 5

1.2.2.1 Endogamia..... 5

1.2.2.2 Tamanho efetivo..... 7

1.2.2.3 Coeficiente médio de relação..... 8

1.2.2.4 Intervalo de gerações..... 9

1.2.3 Inferência Bayesiana e o algoritmo de Gibbs ("*Gibbs sampler*")..... 9

1.2.4 Parâmetros e tendências genéticas..... 12

1.3 Referências Bibliográficas..... 13

II – OBJETIVOS GERAIS..... 17

III – CAPÍTULO I – COMPARAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE UM REBANHO ANGUS NÚCLEO FECHADO E UM REBANHO NELORE MULTIPLICADOR ABERTO

Resumo..... 18

Abstract..... 19

1 Introdução..... 20

2 Material e Métodos..... 22

2.1 Descrição dos dados..... 22

2.1.1 Angus..... 22

2.1.2 Nelore..... 22

2.2 Técnicas..... 22

2.2.1 Análise de pedigree..... 22

2.2.2 Intervalo de geração e integralidade de pedigree..... 22

2.2.3 Probabilidade de origem do gene..... 23

2.2.4 Endogamia e coeficiente médio de parentesco (CR)..... 23

2.2.5 Tamanho efetivo da população..... 24

2.2.6 Variância genética e os valores genéticos..... 25

3 Resultados e Discussão..... 27

3.1 Intervalos de geração..... 27

3.2 Integralidade de pedigree e número de geração..... 28

3.3 Endogamia e coeficiente médio de parentesco..... 31

3.4 Tamanho efetivo..... 33

3.5 Ganho genético, variabilidade genética e correlação genética e materna..... 35

4 Conclusões..... 39

5 Referências Bibliográficas..... 40

IV – CAPÍTULO II – PARÂMETROS E TENDÊNCIAS GENÉTICAS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS DE UM REBANHO NÚCLEO FECHADO ANGUS

Resumo..... 43

Abstract..... 44
1 Introdução..... 45
2 Material e Métodos..... 47
2.1 Descrição dos dados..... 47
2.2 Técnicas..... 47
3 Resultados e Discussão..... 52
4 Conclusões..... 74
5 Referências Bibliográficas..... 75
V – CONCLUSÕES FINAIS..... 81
VI – ANEXOS
Anexo A: Normas para publicação na revista “Archives of Animal Breeding”..... 82

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

Página

Figura 1. Percentagem de ancestrais conhecidos nas dez primeiras gerações nos rebanhos Nelore e Angus..... 29

Figura 2. Tamanho efetivo calculado a partir da variância do tamanho de famílias para os rebanhos Nelore e Wye Angus..... 35

Figura 3. Ganho genético para efeito direto (GV) e materno (MGV) para os rebanhos Nelore (NEL) e Wye Angus (ANG)..... 36

Figura 4. Variância dos valores genéticos para efeitos diretos (DV) e maternos (MV) para os rebanhos Nelore (NEL) e Angus (ANG)..... 37

CAPÍTULO II

Figura 1. Histograma da característica peso ao nascimento (PN)..... 51

Figura 2. Histograma da característica peso aos 205 dias de idade (P205)..... 51

Figura 3. Histograma da característica ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND)..... 51

Figura 4. Histograma da característica idade ao primeiro parto (IPP)..... 51

Figura 5. Histograma da característica intervalo de partos (IDP)..... 51

Figura 6. Histograma da característica circunferência escrotal (CE)..... 51

Figura 7. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para PN de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 8. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para PN de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 9. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para PN de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 10. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 11. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 12. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para P205 de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 61

Figura 13. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para GPND de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 14. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para GPND de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 15. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para GPND de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 16. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para CE de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 17. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para CE de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 18. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para CE de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 62

Figura 19. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para IPP de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 20. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para IDP de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 21. Distribuição *a posteriori* para repetibilidade para IDP de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 22. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre PN e P205 de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 23. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre PN e P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 24. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípíca entre PN e P205 de Bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 63

Figura 25. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre PN e GPND de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 26. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre PN e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 27. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípica entre PN e GPND de bovinos Aberdeen Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 28. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 29. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 30. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípica entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana..... 64

Figura 31: Tendência genética para a característica PN em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011..... 67

Figura 32: Tendência genética para a característica P205 em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011..... 68

Figura 33: Tendência genética para a característica GPND em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011..... 69

Figura 34: Tendência genética para a característica SC em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1971 a 2011..... 70

Figura 35: Tendência genética para a característica IPP em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1937 a 2011..... 70

Figura 36: Tendência genética para a característica IDP em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1960 a 2011..... 71

Figura 37: Tendência genética para efeito materno para a característica PN em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011..... 72

Figura 38: Tendência genética para efeito materno para a característica P205 em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.. 72

Figura 39: Tendência genética para efeito materno para a característica GPND em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011... 73

Figura 40: Tendência genética para efeito materno para a característica CE em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1971 a 2011.. 73

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Página

Tabela 1. Parâmetros caracterizando a probabilidade de origem do gene nos rebanhos Nelore e Angus..... 30

Tabela 2. Contribuição e Contribuição Acumulada para variabilidade genética e número de progênie dos dez principais ancestrais (fundadores ou não) nos rebanhos Angus e Nelore..... 31

CAPÍTULO II

Tabela 1: Número de observações (N), média e desvio padrão (SD), valor mínimo (Mín.), valor máximo (Máx.), animais na matriz de parentesco (A^{-1}) e número de grupos contemporâneos (GC) para características peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), circunferência escrotal ao desmame (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) de bovinos Aberdeen Angus..... 47

Tabela 2. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade *a posteriori* (IC) e erro de Markov dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias (P205), peso ao nascimento (PN) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), obtidos através do Amostrador de Gibbs, para o rebanho Wye Angus..... 54

Tabela 3. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade (IC) e erro de Markov dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para circunferência escrotal (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo entre partos (IDP), obtidos através do Amostrador de Gibbs para o rebanho Wye Angus.. 58

Tabela 4. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade (IC) das correlações genéticas (CORRG), ambientais (CORRE) e fenotípicas (CORRF) entre peso ao nascimento (PN) e peso aos 205 dias de idade (P205), peso ao nascimento (PN) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), e peso aos 205 dias de idade (P205) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), obtidos através do Amostrador de Gibbs, em bovinos Aberdeen Angus..... 65

RESUMO

FALLEIRO, V.B. **Histórico genético e populacional de rebanhos Angus e Nelore.** Itapetinga, BA: UESB, 2013. 85p. Tese (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).*

O rebanho Wye Angus (EUA), fundado em 1937, é historicamente importante e contribuiu consideravelmente para a expansão da raça Aberdeen Angus em todo o mundo. A natureza fechada e a integridade de seus registros fazem do rebanho Wye Angus um candidato ideal para estudos com análise de pedigree. O objetivo principal deste trabalho foi realizar um estudo do histórico genético e populacional deste rebanho. Este trabalho consiste em um referencial teórico e mais dois capítulos. No primeiro capítulo, nós analisamos o histórico populacional do rebanho Wye através de análise de pedigree com estimativas de endogamia, tamanho efetivo, coeficiente médio de relação, número de fundadores e ancestrais, entre outros. Adicionalmente, nós avaliamos o impacto de alguns desses parâmetros populacionais sobre a variância genética do peso aos 205 dias de idade. Além disso, nós avaliamos um rebanho multiplicador aberto Nelore do Brasil, com o objetivo de se obter parâmetros de comparação e pontos de referência. Não foi observada nenhuma ligação clara entre a variância genética e os parâmetros genéticos da população (endogamia, seleção forte, pequeno tamanho efetivo e número reduzido de ancestrais). Contudo, é claro que o conhecimento de várias gerações fornece melhores estimativas de tamanho efetivo da população e endogamia em rebanhos com consangüinidade média e cumulativa. No segundo capítulo, nós avaliamos os parâmetros e as tendências genéticas das características peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), idade ao primeiro parto (IPP), intervalo de partos (IDP) e circunferência escrotal (CE) para os animais Wye no período de 1937 a 2012. Os componentes de (co)variância foram obtidos através de metodologia Bayesiana. Os coeficientes de herdabilidade para as características PN, P205, GPND e CE tiveram magnitude moderada, enquanto as características IPP e IDP apresentaram coeficientes de herdabilidade próximos de zero, em virtude da forte influência que estas duas características sofrem de efeitos não aditivos. As correlações tiveram magnitude baixa entre PN e GPND, média entre PN e P205 e alta entre P205 e GPND. As estimativas das tendências genéticas, obtidas através de regressão linear, foram significativas ($P<0,01$) para todas as características estudadas, com exceção da característica IPP, refletindo a forte seleção exercida sobre estas características, principalmente para P205 e GPND, no rebanho Wye Angus.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, pedigree, tendências genéticas, variabilidade genética

---

*Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado, Dr., UESB e Co-orientador: Paulo Luiz Souza Carneiro, Dr., UESB.

ABSTRACT

FALLEIRO, V.B. **Genetic and population history of Angus and Nelore herds.** Itapetinga, BA: UESB, 2013. 85p. Tesis

The Wye Angus herd (USA), founded in 1937, is historically important and has contributed significantly to the expansion of the Aberdeen Angus breed worldwide. The closed nature and the integrity of its records make the Wye Angus herd an ideal candidate for studies with pedigree analysis. The main objective of this work was to study the genetic history and population of this herd. This work consists of a theoretical introduction and two chapters. In the first chapter, we analyzed the population history of the Wye herd through pedigree analysis with estimates of inbreeding, effective population size, average coefficient of relationship, number of founders and ancestors, among others. Additionally, we evaluate the impact of some of these parameters on the population genetic variance of the characteristic weight at 205 days of age. In addition, we evaluated an open multiplier Nellore herd from Brazil, with the objective of obtaining benchmarks and reference points. We have observed no clear link between the genetic variation and population genetic parameters (inbreeding, strong selection, small effective size and small number of ancestors). However, it is clear that the knowledge of several generations provides best estimates of effective population size and inbreeding in herds with cumulative and average inbreeding. In the second chapter , we evaluated the parameters and the genetic trends of the following characteristics: birth weight (PN), weight adjusted to 205 days of age (P205) , weight gain from birth to weaning (GPND) , age at first calving (IPP) , calving interval (IDP) and scrotal circumference (CE) in the period 1937-2012 . The (co) variance components were estimated by Bayesian methodology. The heritability of the characteristics PN , P205 , GPND and CE had moderate magnitude , while the characteristics IPP and IDP showed heritability coefficients close to zero because of the strong influence that these two characteristics suffer from non-additive effects . The correlations showed low magnitude between PN and GPND, averaging between PN and P205 and high between P205 and GPND. The estimates of genetic trends were obtained by linear regression and were significant ($P<0.01$) for all traits, except for the characteristic IPP, reflecting the strong selection upon these features, especially for P205 and GPND.

Key-words: genetic parameters, genetic trends, genetic variability, pedigree

---

*Adviser: Carlos Henrique Mendes Malhado, Dr., UESB e Co-adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, Dr., UESB.

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1 INTRODUÇÃO

O contínuo crescimento da população mundial faz com que cresça, também continuamente, a demanda por produtos de origem animal como fonte de proteínas de alto valor biológico, e este panorama força produtores a buscarem maiores índices de produtividade nos diferentes sistemas de produção animal. Assim, evidencia-se um grande interesse no melhoramento genético dos rebanhos por parte dos produtores. Isto ocorre porque é notória a eficiência da utilização de animais geneticamente superiores para características de importância econômica quando se objetiva a obtenção de melhores resultados.

Estudos sobre parâmetros populacionais e genéticos são importante ferramenta para a compreensão do comportamento de características produtivas e reprodutivas, bem como no auxílio à avaliação da eficiência de programas de seleção.

Os diferentes métodos de seleção e o progresso genético dependem da acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos das populações.

Recentemente, a metodologia probabilística Bayesiana vem sendo utilizada como alternativa para a avaliação do mérito genético em populações animais. Segundo Ehlers (2007), os métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov (Markov Chain Monte Carlo - MCMC), dentre os quais se destaca o amostrador de Gibbs ("*Gibbs Sampler*"), têm sido aplicados na obtenção das distribuições marginais dos parâmetros de interesse de forma iterativa, propiciando uma inferência bayesiana que gera estimativas precisas de componentes de variância, valores genéticos e ganhos genéticos, descrevendo de forma bastante completa a confiabilidade dos parâmetros genéticos.

Embora grande parte dos estudos de avaliação genética sejam desenvolvidos em universidades e institutos de pesquisa, nada seria possível sem a intensa cooperação entre esses institutos e seus pesquisadores e os criadores, através de suas associações ou individualmente.

O melhoramento animal, na prática, resulta da aplicação de tecnologias em populações reais, modificando as frequências dos genes, aumentando a produtividade em determinado ambiente e refletindo nas próximas gerações. Essas populações reais, utilizadas por pecuaristas e criadores em geral, abastecem os pesquisadores com dados, e recebem resultados das avaliações genéticas. Por sua vez, os criadores utilizam essas avaliações nos processos de decisão sobre quais materiais genéticos serão utilizados para a formação da próxima geração.

Neste sentido, destaca-se a importância dos rebanhos núcleo para a disseminação do melhoramento genético nos rebanhos comerciais, ou seja, a criação seletiva de indivíduos geneticamente superiores que se tornarão os progenitores a serem multiplicados nos rebanhos multiplicadores. Em outras palavras, os rebanhos núcleo são os de maior qualidade genética, são os que sofrem forte seleção, são poucos e estão situados no ápice de uma pirâmide teórica, proporcionando reprodutores para os estratos inferiores.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Histórico do rebanho Wye Angus

Em 1937, os herdeiros de um dos primeiros governadores de Maryland (EUA) venderam a propriedade Wye Plantation em Queenstown para Arthur A. Houghton Jr., o qual, junto com seu gerente de fazenda (Jim Lingle) fundaram um dos rebanhos de bovinos Angus mais exclusivos do mundo. No livro " The Breed of Noble Bloods" (Lingle, 2001), Houghton escreve: "Lingle tinha como objetivo criar uma grande raça de corte. Ele começou seu programa de melhoramento com pouco, um touro jovem e algumas novilhas, e uma fé determinada. Ele estava determinado a criar um gado que seria ótimo em tamanho, grande em termos de qualidade e economicamente rentável para o criador comercial. Ele admirava as qualidades produtivas dos Angus, em especial a uniformidade da raça, então decidimos escolher Angus como a raça de Wye, e começaram a seleção de ações para o novo rebanho".

O rebanho foi fundado com 18 novilhas de sobreano registrados e um touro. Dez dessas novilhas compartilhavam o mesmo pai(Blackcapper 24) e mais oito trazidas de Oklahoma. Doze dessas 18 vacas ainda têm influência contínua no rebanho atual. Desde então, não foram introduzidos outras fêmeas no rebanho. Contudo, existiu uma adição temporária de 11 vacas Red Angus em 1967, mas foram todas vendidas em 1973. Nessa época, foi dado prioridade na busca de touros, como Blakeford Buxton, adquirido de uma fazenda vizinha de Wye Plantation.

O número de criadores de Angus estava aumentando nos EUA, e foi feita muita seleção para animais grandes e compactos. Lingle gostava de gado grande e bem conformado, e ele notou o grande tamanho do Angus britânico, então, entre 1942 e 1958 Lingle fez viagens para a Escócia, Irlanda, Inglaterra e País de Gales em busca de touros maiores para adicionar ao rebanho Wye. No total, importou 19 touros das Ilhas Britânicas. Esses touros são responsáveis por grande parte do germoplasma atual do rebanho. O rebanho Wye Angus foi fechado para a introdução de germoplasma adicional em 1958, com a exceção de um curto período em uma pequena parte do rebanho para que se terminasse um projeto de pesquisa. Entretanto, suas progênies não permaneceram no rebanho. Desde então, o rebanho Wye Angus permanece fechado.

A Universidade de Maryland estabeleceu sua primeira presença oficial no rebanho Wye Angus no outono de 1954 através do Prof. Willard Green, que acordou com Lingle em supervisionar os primeiros testes de desempenho pós-desmame de touros Wye Angus. Este trabalho do Prof. Green fundou um dos programas mais abrangentes de avaliação de desempenho de bovinos nos Estados Unidos. Através do Prof. Green, a Universidade de Maryland esteve envolvida em vários projetos de pesquisa com o rebanho Wye Angus até 1977.

A popularidade do rebanho Wye Angus aumentou com os adventos da inseminação artificial, e dos processos de importação e exportação que tomaram forma nesta época. Em 1975, Wye tinha mais de 1.000 clientes de sêmen em diversos estados e 11 países estrangeiros.

Em 1979, Houghton doou o rebanho Wye Angus à Universidade de Maryland e foi criada a Fundação Universidade de Maryland para administrar o rebanho e realizar pesquisa inovadora, multidisciplinar e de extensão. Um dos focos principais da fundação é a pecuária e a genética animal. Dentro da Universidade de Maryland, a Estação Experimental de Agricultura é responsável pelo manejo diário do rebanho. O programa de ensino abrange pesquisa básica e aplicada, extensão, educação e treinamento no nível de graduação e pós-graduação em produção e ciências de bovinos de corte (“beef-cattle science and production”).

O verdadeiro valor do rebanho Wye Angus está na sua genética, que é bem complementada com uma história escrita, fotografias, completa informação de pedigree, tornando-se um dos rebanhos mais documentados em todo o mundo. A disponibilidade de informações desta população fechada fornece vantagens únicas em termos de realização de pesquisas em melhoramento genético animal, principalmente, em estudos baseados em informações de pedigree. Além das suas aplicações em pesquisa, a forte seleção exercida sobre o rebanho Wye Angus estabeleceu um impacto duradouro sobre a constituição genética da população de bovinos Aberdeen Angus, bem como Brangus e Red Angus em todo mundo.

2.2 Estrutura genética populacional

Desde os primórdios que o homem procura entender e explicar a variabilidade dos seres vivos, como evoluíram e de que forma sua diversidade pode ser mensurada. Segundo Carneiro (2010), esta distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações determina a estrutura genética populacional, a qual é definida pelo resultado da combinação entre mutação, fluxo gênico, seleção e deriva genética.

Estudos da estrutura genética das populações, mediante informações de pedigree, podem clarear importantes circunstâncias que afetam o histórico genético das populações (Valera et al., 2005). Adicionalmente, alguns parâmetros populacionais, largamente dependentes do manejo e dos sistemas de acasalamento, têm grande impacto na variabilidade genética (Malhado et al., 2008). O conhecimento conjunto do progresso genético e da estrutura populacional por meio de informações de pedigree é importante para se entender o histórico do melhoramento das raças e para nortear ações futuras que permitam alcançar maiores ganhos genéticos (Carneiro et al., 2009).

Informações de pedigree e diferentes técnicas de genética molecular têm sido utilizadas no estudo de diversidade genética e estrutura populacional (Spritze et al., 2003; Bouquet et al., 2011).

Faria et al.(2002) relatam que populações que passaram por processos de seleção apresentam modificações em suas frequências gênicas levando a uma uniformização das diferenças e consequente diminuição da variabilidade genética, número de linhagens e de genomas fundadores.

Dentre os principais parâmetros populacionais, pode-se citar o coeficiente de endogamia (F), o tamanho efetivo (Ne), o coeficiente médio de relação (CR), o intervalo de geração (IG) e a integralidade do pedigree.

2.2.1 Endogamia

A endogamia é a consequência do acasalamento de indivíduos aparentados. Em espécies diplóides, indivíduos endogâmicos possuem duas cópias do mesmo alelo que são idênticos por ascendência, ou seja, a partir de um mesmo ancestral comum, através da replicação do DNA (Malecot, 1969).

A seleção e a endogamia foram combinadas de forma eficaz nos primeiros criatórios de animais domésticos com o propósito de estabelecer as populações que

serviriam de base para o melhoramento de seus animais (Falcão et al., 2001). Dessa maneira, a endogamia foi usada por criadores de elite para assegurar a uniformidade racial e a fixação de características peculiares a certas linhagens de touros famosos (como cor de pelagem, tamanho de orelhas entre outras). Porém, acima de certos níveis, pode deteriorar substancialmente o desempenho reprodutivo dos rebanhos (Schenkel et al., 2002; Faria et al., 2001).

O grau de endogamia é descrito pelo coeficiente de endogamia (F), que é a probabilidade de dois alelos em um locos tomado ao acaso tenham a mesma descendência. Para uma precisa estimação do coeficiente de endogamia, é necessário a utilização de informações de pedigree profundos e completos, de forma que contribuições de ancestrais desconhecidos não sejam ignoradas levando a estimativas subestimadas (Carneiro et al., 2010).

Uma das consequências da endogamia é a homozigose com diminuição da variabilidade genética, o que teoricamente, reduziria o ganho genético, ou seja, a medida que os indivíduos se tornam mais aparentados, se tornam também mais "parecidos" como resultado da diminuição da variância da população, reduzindo o progresso genético a longo prazo (Carvalheiro & Pimentel, 2004). O aumento da homozigose é desejável para alelos de efeito favorável, entretanto, os animais possuem uma fração de alelos deletérios indesejáveis que normalmente se manifestam em homozigose recessiva, e a endogamia aumenta a expressão desses alelos. Carvalheiro & Pimentel (2004) salientam que estes alelos devem estar presentes na população, ou seja, a endogamia não cria alelos com efeito deletério.

Outra consequência do aumento da homozigose é a depressão endogamica, que é representada por uma queda gradativa de desempenho em características poligênicas, ou seja, ocorre perda de vigor, diminuição da produtividade, devido à ocorrência de alelos recessivos em homozigose na descendência (Carrillo & Siewerdt, 2012).

2.2.2 Tamanho efetivo

O tamanho efetivo (Ne) é definido por Wright (1931) como sendo o número de indivíduos de ambos os sexos que estão contribuindo geneticamente numa dada população, isto é, o número efetivo representa a relação entre o número de machos e fêmeas que estão sendo usados na reprodução numa dada população. Já Gutierrez et al. (2003) definiram tamanho efetivo como o tamanho de uma população idealizada, que daria origem à taxa de endogamia (ΔF) . De acordo com Boichard et al.(1997), o Ne nos permite prever a redução da variância genética nas próximas gerações, assumindo que o mesmo foi bem estimado no passado (Boichard et al., 1997).

Existem diversas formas de calcular o tamanho efetivo. Inicialmente Hill (1979) propôs calcular o tamanho efetivo (Ne) a partir das variações de tamanhos familiares.

Gutierrez et al. (2008) relataram que Ne computado a partir de variâncias de tamanho das famílias não é útil para caracterizar o “real effective size”. No entanto, esses autores descrevem que Ne calculado dessa forma reflete uma política de acasalamento temporária e pode ser útil quando o conhecimento do pedigree é limitado e/ou subdivisão ainda não ocorreu.

Três décadas depois, Gutierrez et al. (2009) propuseram uma estimativa do tamanho efetivo da população ($\bar{N}$e) a partir do aumento da endogamia individual- o chamado "realized effective size" que é computado a partir de $\overline{\Delta F}$, que é calculado pela média do ΔF_is do n indivíduo incluído numa dada subpopulação de referência. Recentemente, Cervantes et al. (2011) sugeriu o cálculo do tamanho da população efetiva ($\bar{N}$ec) a partir do aumento de coancestria para todos os pares de indivíduos *j* e *k* (ΔC_{jk}) em uma subpopulação de referência (Cervantes et al., 2011). De acordo com Gutierrez et al.(2008), a comparação entre $\bar{N}$e e $\bar{N}$ec fornece informações valiosas sobre a estrutura da população. Os dois parâmetros são assumidos como medidas de um mesmo processo de deriva acumulado na população, desde a fundação até o presente. Como eles seriam assintoticamente equivalentes em uma população idealizada, a divergência entre eles caracteriza a influência de acasalamentos preferenciais na população.

2.2.3 Coeficiente médio de relação

O coeficiente médio de relação (CR) é a probabilidade de um indivíduo apresentar um alelo escolhido ao acaso na população que pertença a um dado indivíduo no pedigree. Segundo Navarro (2008), o CR permite a mensuração da variabilidade genética de uma população, e assim, é possível a avaliação de estratégias de acasalamento usadas em programas de melhoramento de uma população.

A endogamia é uma consequência do acasalamento entre indivíduos parentes, mas, o coeficiente médio de relação não explica a razão para este tipo de acasalamento (Gutiérrez et al., 2003). Assim, o CR entre todos os animais na população tende a ser muito mais elevado, quando todos os animais são altamente aparentados e não há nenhuma chance de acasalamento de indivíduos não aparentados ou ligeiramente parentes (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Usando o coeficiente médio de relação, é possível determinar o percentual de contribuição genética de uma determinada linha ou linhagem dos fundadores em toda a população, equilibrando a contribuição genética das diferentes linhagens, evitando assim, perdas genéticas decorrentes de práticas de manejo inadequadas. Além disso, é possível calcular o CR de cada indivíduo não-fundador, a fim de conhecer a representação genética desse indivíduo sobre a população. Pode-se usar essas informações para se caracterizar os rebanhos indiretamente como componentes de toda a população. Somam-se os valores de CR dos indivíduos incluídos em um rebanho, como o indicador do grau de endogamia e coancestria dentro de cada rebanho (Goyache et al., 2003).

2.2.4 Intervalo de gerações

O intervalo de geração (IG) é calculado como a média de idade dos pais, quando os seus descendentes tornam-se pais (Gutiérrez et al., 2003). O IG pode ser obtido considerando as quatro vias gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha).

A utilização de reprodutores por tempo limitado e/ou de jovens touros avaliados são estratégias para a redução do intervalo de gerações, principalmente, do intervalo pai-filho e pai-filha (Faria et al., 2001; Malhado et al., 2008). Adicionalmente, a redução da idade ao primeiro parto, que é extremamente elevada em zebuínos nos trópicos (Malhado et al., 2013), contribui com a diminuição do IG. A otimização do

intervalo médio de gerações é de fundamental importância em programas de melhoramento, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual para as características selecionadas, consequentemente um menor retorno econômico do programa (Reis-Filho et al., 2010).

2.3 Inferência Bayesiana e o Algoritmo de Gibbs ("*Gibbs Sampler*")

Diferentes pesquisadores (Shoemaker et al., 1999; Resende, 2000) descrevem que a metodologia Bayesiana se baseia na distribuição *a posteriori* dos parâmetros genéticos p(θ|X), a qual é a distribuição condicional do parâmetro, dada as observações fenotípicas (X). Ou seja, é uma combinação da informação *a priori* e os dados observados. A partir do Teorema de Bayes:

$$p(\theta|X) = \frac{p(\theta)p(X\,|\,\theta)}{p(X)}$$

Onde o termo p(θ) representa a informação *a priori* para os parâmetros. Esta informação *a priori* pode ser baseada em experimentos prévios ou em considerações subjetivas (Shoemaker et al., 1999).

De acordo com Santos (2011), o Teorema de Bayes pode ser visto como um mecanismo de atualização da opinião do estatístico sobre o parâmetro θ e, assim, é considerado elemento primordial na análise Bayesiana, pois toda inferência é feita a partir da obtenção da densidade *a posteriori*.

Os métodos de Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC) são técnicas de simulação estocástica onde a distribuição estacionária do processo iterativo é a distribuição *a posteriori* de interesse. Existem diversos tipos de métodos MCMC, dentre estes, o Amostrador de Gibbs ("*Gibbs sampler*") que permite a realização da metodologia probabilística Bayesiana.

A metodologia do amostrador de Gibbs ("*Gibbs Sampler"*) tornou-se importante ferramenta computacional para avaliação genética animal através da estatística Bayesiana. Ao se utilizar o algoritmo de amostragem de Gibbs para analise de dados de desempenho de funções produtivas, o método considera que cada parâmetro da função

de produção como uma característica diferente, levando em consideração os efeitos sistemáticos e as relações genéticas entre os animais no ajuste da produção para cada animal, permitindo também a estimação de parâmetros da função de produção em animais com apenas uma performance (Varona et al., 1997).

A metodologia do algoritmo de Gibbs é usada para estimar as distribuições conjunta e marginal de todos os parâmetros do modelo, através da reamostragem das distribuições condicionais da cadeia de Markov(Blasco, 2001). A ideia básica é obter uma amostra da distribuição *a posteriori* e calcular estimativas amostrais de características desta distribuição. De acordo com Ehlers (2007), o objetivo é simular um passeio aleatório no espaço paramétrico que converge para uma distribuição estacionária (equilíbrio), que é a distribuição de interesse no problema, ou seja, o estado da cadeia após um grande número de passos (processo iterativo) é então usado como amostra da distribuição desejada.

Geman & Geman (1984) explicam que, sob condições normais, após um grande número de iterações, a sequência de valores gerados pelo amostrador de Gibbs converge para uma distribuição estacionária igual a $p(\theta \mid y)$, ou seja, cada valor de θ obtido pelo amostrador de Gibbs após convergência é um valor simulado da distribuição conjunta de seus elementos. Segundo Barbosa (2007), dada a função de máxima verossimilhança e as densidades *a priori*, calcula-se a densidade conjunta *a posteriori* dos parâmetros desconhecidos. A partir dessa densidade, obtém-se a distribuição condicional completa de cada variável, fixando-se as demais variáveis da densidade conjunta. Esse conjunto de densidades condicionais completas permite a implementação do amostrador de Gibbs (Mrode, 2005). A partir das densidades marginais, pode-se obter os componentes de (co)variância, estimar de forma precisa os parâmetros genéticos e valores genéticos e ainda construir intervalos de confiança exatos para as estimativas, com base nas distribuições marginais *a posteriori* (Gianola & Fernando, 1986; Resende, 1999).

Van Tassel et al. (1995) citam duas vantagens de se usar o método da amostragem de Gibbs em relação aos métodos usuais que empregam a teoria BLUP ("Best Linear Unbiased Prediction"): permite a análise de conjunto de dados maiores/menores do que quando se usa a metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML); propicia estimativas diretas e acuradas dos componentes de (co)variância, valores genéticos com intervalos de confiança para essas estimativas.

2.4 Parâmetros e tendências genéticas

Componentes de (co)variância são parâmetros populacionais essenciais, tanto para a pesquisa, como para a prática de melhoramento genético animal, uma vez que possibilita a estimação de parâmetros genéticos (coeficientes de herdabilidades e correlações genéticas), parâmetros fenotípicos (repetibilidade, correlações fenotípicas e ambientais) e a predição de valores genéticos. Esses parâmetros são inerente à determinada população e podem mudar no decorrer dos anos, devido a mudanças na estrutura genética populacional dos rebanhos e decisões de manejo.

Na pecuária de corte é fundamental selecionar animais visando melhorias nos desempenhos produtivos e reprodutivo, pois esses animais determinam a eficiência total de produção, tanto do ponto de vista genético como econômico. A seleção com base em características de desempenho ponderal tem sido bastante utilizada, enquanto, entre aquelas indicadoras de fertilidade e precocidade sexual, a única amplamente empregada na maioria dos programas de melhoramento no Brasil é a circunferência escrotal (Boligon et al., 2008).

A limitação na utilização de características reprodutivas de fêmeas como critério de seleção ocorre principalmente pela maior dificuldade de mensuração. Além disso, alguns produtores atrasam a entrada de fêmeas na reprodução, determinando idade ou peso para início da vida reprodutiva, o que dificulta a identificação das fêmeas sexualmente precoces (Boligon et al., 2008).

As estimativas das herdabilidades para a característica intervalo de partos é geralmente de baixa magnitude, indicando baixa variabilidade genética aditiva, sugerindo que estratégias de manejo trarão melhores resultados que a seleção (Malhado et al., 2009). Essas estimativas são obtidas com dados de campo, os quais estão sujeitos à interferência do criador, por exemplo, as medidas de intervalo entre partos, geralmente, não incluem vacas descartadas por baixa produção ou por problemas reprodutivos, fato que proporciona uma diminuição da variância genética aditiva (Ramos et al., 2006).

Entre os métodos de melhoramento genético disponíveis para modificar o potencial genético dos animais, a seleção é aquele que, por meio da escolha dos pais que irão produzir a próxima geração, procura aumentar a frequencia dos genes desejáveis na população. Todo programa de seleção deve ser acompanhado periodicamente para que se possa corrigir rumos de forma rápida. Uma das maneiras de se promover o

monitoramento dos resultados é por meio da avaliação da mudança genética ao longo do tempo. Desta forma, com o objetivo não só de avaliar o progresso genético que vem sendo alcançado, mas, principalmente, para que os resultados sirvam de elementos norteadores de ações futuras, torna-se de grande importância avaliar a tendência genética ao longo do tempo (Euclides Filho et al., 1997).

Euclides Filho et al. (2000) afirmaram que, para se avaliar as tendências genéticas de uma população é preciso considerar o trajeto histórico quanto ao melhoramento genético, especialmente com respeito aos programas de seleção. De acordo com esses mesmos autores, tendências genéticas próximas a zero e, até mesmo negativas, não são raras na literatura, principalmente quando são resultados de avaliações conduzidas sem critérios de seleção bem definidos.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, L. **Avaliação Genética de Suínos Utilizando Abordagens Frequentistas e Bayesianas**. 2007,Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) Universidade Federal de Viçosa.

BLASCO, A.The Bayesian controversy in animal breeding. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2023-2046, 2001.

BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOË, D.; FORABOSCO, F.; FOGH, A.; PABIOU, T. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. **J. Animal Science**, 2011 Jun;89(6):1719-30.

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

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. de; RORATO, P.R.N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore.**Revista Brasileira de Zootecnia**. [online]. 2008, vol.37, n.4 [cited 2011-10-13], pp. 596-601

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R. et al. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **RevistaBrasileira de Zootecnia**, v.38, p.2327-2334, 2009.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. VI Congresso Nordestino de Produção Animal. **Anais**... Mossoró, 2010.

CARRILLO, J.A.; SIEWERDT, F. Cytoplasmic inheritance has limited importance on early calf growth traits in a closed breeding nucleous Angus herd. **Genomics and Quantitative Genetics**. 4: 8-16, 2012.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E.C.G. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. Workshop em genética e melhoramento na pecuária de corte. FCAV/UNESP. II Gempec. Jaboticabal, 2004.

CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GUTIÉRREZ, J.P. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **J. Anim. Breed**. Genet.128, 56-63, 2011.

EHLERS,R.S. Introdução a Inferência Bayesiana, 2007.

EUCLIDES FILHO, K.;SILVA, LOC.; FIGUEIREDO, GR. Tendências genéticas na raça Guzerá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34.,1997, Juiz de Fora. **Anais**... Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997. p.173.

EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.C.; ALVES, R.G.O. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.4, p.787-791, 2000.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS-FILHO, R.; MAGNABOSCO, C.U. et al. Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos da raça Pardo-Suíça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.83-92, 2001.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; JOSAHKIAN, L.A. 2002 Pedigree analysis in the brazilian zebu breeds. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 2002, Montpellier, France.Session 26. **Anais**… Management of genetic diversity, 2002.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A.Parâmetros populacionais do rebanho Sindi registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30(6S), p.1989-1994, 2001.

FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. Parceria público x privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **R. Bras. Zootec**., v.39, p.216-222, 2010.

GEMAN, S.; GEMAN, D. Stochastic relaxation, gibbs distribution and theBayesian restoration of images. IEEE **Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.6, p.721- 741, 1984.

GIANOLA, D.; FERNANDO, R.L. Bayesian methods in animal breeding theories.**Journal Animal Science**, v.63, p.217-244, 1986.

GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I.; et al. Using pedigree information to monitor genetic variability os endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as na example.**Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.120, p.95-105, 2003.

GUTIÉRREZ, J.P. & GOYACHE, F.A note on ENDOG a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005.

GUTIERREZ, J. P., I. CERVANTES, MOLINA, A.; VALERA, M.; GOYACHE, F. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genet. Sel.Evol**. 40:359-378. 2008.

GUTIERREZ, J.P.; CERVANTES, I.; GOYACHE, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals **J. Anim. Breed Gene.** 126: 327-332. 2009.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; et al. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p. 43-63, 2003.

HILL, W.G., 1979. A note on effective population size with overlapping generations. Genetics, 92: 317-322.

LINGLE, J.B., KOCH, C.R., BARAO, S.M. 2001. The Breed of Noble Bloods. 2nd ed. University of Maryland Foundation, Adelphi.

MALÉCOT, G. 1969. The Mathematics of Heredity.D. M. Yermanos, translator.Freeman, San Francisco, CA. 88p.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G.; et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p. 1163-1169, 2008

MALHADO, CHM.; RAMOS, AA.; CARNEIRO, PLS. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.4, p.830-839, 2009.

MALHADO, C.H.M.; MALHADO, A.C.M., MARTINS FILHO, R. Age at first calving of Nellore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. **Livestock Science,** Volume 154, Issue1 , Pages 28-33, 2013.

MRODE, R. A. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2 ed. Wallingford: CABI Publishing, 2005.

NAVARRO, C.I. **Estructura genética del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologias en el cálculo del tamaño efectivo.** Tese de doutorado. Madrid. Universidad Complutense de Madrid, 2008.

RAMOS, AA.; MALHADO, CHM.; CARNEIRO, PLS. et al. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n.8, p.1261-1267, 2006.

REIS FILHO, J.C.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. *et al.* Estrutura populacional de Bovinos leiteiros da raça Gir no Brasil. **Rev. Bras. Zootec**., v.39, p.2640-2645, 2010.

RESENDE, M.D.V. de. **Predição de valores genéticos, componentes de variância, delineamentos de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal.** Curitiba: Universidade Federal do Paraná, 1999. 434p. Tese Doutorado.

RESENDE, M. D. V. Inferência Bayesiana e Simulação Estocástica (Amostragem de Gibbs) na Estimação de Componentes de Variância e de Valores Genéticos em Plantas Perenes. **Embrapa Florestas**. Colombo, 2000.

SANTOS, N. P. S. **Aspectos Ambientais e Genéticos Sobre Características Reprodutivas e Produtivas em Caprinos Leiteiros Utilizando Inferência Bayesiana**. Teresina, 2011 (Dissertação – Mestrado em Ciência Animal).

SCHENKEL, F.S.; LA GIOIA, D.R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Campo Grande, **Anais**... Campo Grande: SBMA, 2002.

SHOEMAKER, J.S.; PAINTER, I.S.; WEIR, B.S. Bayesian statistics in genetics. **Bayesian Statistical Methods**.v.15, p.354-358, 1999.

SPRITZE, A., Andréa Alves de Egito(3), Arthur da Silva Mariante(3) e Concepta McManus(2) Caracterização genética da raça bovina Crioulo Lageano por marcadoresmoleculares RAPD(1). **Pesq. agropec. bras.,** Brasília, v. 38, n. 10, p. 1157-1164, out. 2003.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P.; et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v.95, p.57-66, 2005.

VAN TASSELL, C. P., VAN VLECK, L. D. A manual for use of MTGSAM: A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation. Lincoln: USDA, ARS, 1995.

VARONA, L.; MORENO, C.; GARCÍA CORTÉS, L. A.; ALTARRIBA, J. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. **Livestock Production Science**, 47, p.201-209, 1997.

WRIGHT, S.Evolution in Mendelian populations. **Genetics,** v. 16, p.97-159, 1931.

ZUCCHI, M.I.; CAVALLARI, M.M.; SIQUEIRA, M.V.B.M. A importância do conhecimento sobre a diversidade e estrutura genética de populações e sua utilidade para a conservação e manejo de espécies vegetais.**Pesquisa & Tecnologia**, vol. 8, n.2 Jul-Dez 2011.

II – OBJETIVOS GERAIS

Estabelecer um estudo comparativo entre um rebanho núcleo fechado Angus dos EUA e um rebanho multiplicador aberto Nelore do Brasil, em termos de estrutura populacional e variabilidade genética.

Estimar e avaliar os parâmetros genéticos e as tendências genéticas de um rebanho núcleo fechado de bovinos Angus dos EUA.

III – CAPÍTULO I

COMPARAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE UM REBANHO ANGUS NÚCLEO FECHADO E UM REBANHO NELORE MULTIPLICADOR ABERTO

RESUMO – Teoricamente, o isolamento reprodutivo de rebanhos bovinos pode ocasionar consequências genéticas negativas significativas, incluindo a depressão por endogamia e diminuição da variabilidade genética. Rebanhos bovinos também podem sofrer efeitos prejudiciais na variância genética causados por outros parâmetros populacionais, como o tamanho efetivo da população, intensa seleção e efeito fundador. No presente estudo, nós avaliamos esses impactos através de uma análise do histórico populacional de um núcleo Angus fechado dos EUA e um rebanho Nelore multiplicador aberto do Brasil por meio de registros de pedigree. A descrição combinada da estrutura populacional e variabilidade genética destes dois rebanhos indicam que é possível manter a variabilidade genética com níveis médios de endogamia em rebanhos com forte seleção e pequeno tamanho efetivo. Além disso, a análise ilustra a importância de profundidade de pedigree para uma estimativa precisa dos parâmetros populacionais, especialmente, de endogamia e tamanho efetivo.

Palavras-chave: efeito fundador, endogamia, ganho genético, tamanho efetivo da população

POPULATION STRUCTURE AND GENETIC VARIABILITY COMPARISON BETWEEN A CLOSED NUCLEOUS ANGUS HERD AND AN OPEN MULTIPLIER NELLORE HERD

ABSTRACT

Theoretically, reproductive isolation of cattle herds could have significant negative genetic consequences including inbreeding depression and the loss of diversity through genetic drift. Cattle herds may also suffer detrimental effects caused by other demographic and population parameters such as effective population size, strong selection and founder effect on genetic variance. In the present study we evaluate these impacts through a careful analysis of the population history of a closed nucleus Angus from the U.S.A. and an open multiplier Nellore herd from Brazil using pedigree records. The combined description of population structure and genetic variability of these two herds indicates that it is possible to maintain genetic variability with medium levels of inbreeding in herds with strong selection and small effective population size. Additionally, the analysis illustrates the importance of depth in the pedigree for an accurate estimation of population parameters, particularly, inbreeding and effective size.

Key words: effective population size, founder effect, genetic gain, inbreeding

1 INTRODUÇÃO

Estudos que utilizam registros históricos de pedigree têm o potencial para identificar os fatores que influenciaram a evolução genética de uma população (Valera et al., 2005). Além disso, alguns parâmetros populacionais são fortemente dependentes de sistemas de manejo e de acasalamento, tendo impactos significativos sobre a variabilidade genética.

Populações que são submetidas a altas intensidades de seleção, ao longo do tempo sofrem alterações de estrutura e de frequências gênicas. Estas alterações são fruto da existência de uma estrutura, onde poucos indivíduos são utilizados como reprodutores, criando um fluxo unidirecional, favorecendo a diminuição das diferenças e reduzindo a variabilidade genética. Carneiro et al.(2009) comentam que este fluxo de genes é ilustrado por núcleos de seleção contribuindo com rebanhos multiplicadores e comerciais com uma amostra dos alelos de uma população.

Uma avaliação da variabilidade intra-populacional e estrutura genética da população é necessária para a implementação de programas mais eficazes de seleção e para estabelecer regimes adequados para o manejo do estoque genético. A este respeito, estudos por meio do pedigree são importantes para orientar a gestão das estratégias genéticas (Glazewska & Jezierski, 2004).

Uma série de estudos tem documentado a depressão por endogamia em características de bovinos (Carrillo & Siewerdt, 2010; Mc Parland et al, 2007; Santana et al, 2012). No entanto, poucos trabalhos experimentais foram realizados a respeito do efeito da endogamia e outros parâmetros como o tamanho efetivo da população, intensa seleção e efeito fundador sobre a variância genética. A maioria destes poucos estudos foram realizados por meio de simulações ou experimentos com invertebrados (Kristensen et al, 2005; Van Grevenhof et al, 2012). Assim, estudos utilizando rebanhos comerciais em seus respectivos ambientes de produção são claramente necessários e desejáveis.

O rebanho Wye Angus foi fundado em 1937 e o primeiro bezerro nasceu em 1939. Desde 1958, o rebanho está fechado para a introdução de novos animais (Lingle et al., 2001). O rebanho foi reaberto no início dos anos 90 por um curto período de tempo para

completar um projeto de pesquisa, mas as progênies dos touros não foram mantidos para reprodução. Este rebanho é historicamente importante e contribuiu consideravelmente para a expansão da raça Angus em todo o mundo. A natureza fechada e a integridade de seus registros fazem do rebanho Wye Angus, um candidato ideal para a análise de pedigree. Com o objetivo de se obter parâmetros de comparação e pontos de referência, nós avaliamos um rebanho multiplicador aberto Nelore do Brasil.

O objetivo principal deste trabalho foi avaliar o histórico populacional de um rebanho núcleo fechado Aberdeen Angus e um rebanho multiplicador aberto Nelore por análise de pedigree. A inclusão de parâmetros adicionais, tais como o tamanho efetivo da população (Ne), número efetivo de fundadores (fe), número efetivo de ancestrais (fa) e coeficiente médio de parentesco (CR), oferece informações mais detalhadas do que apenas a utilização do coeficiente de endogamia . Além disso, nós também avaliamos a variabilidade genética e ganho genético (efeito direto e materno) para a característica peso ajustado aos 205 dias (P205). As informações obtidas podem ser úteis para a otimização de estratégias de seleção e reprodução em outros rebanhos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Descrição dos dados

2.1.1 Angus

As informações de Pedigree foram obtidas do Wye Centro de Pesquisa e Educação da Universidade de Maryland (EUA), para 11.692 indivíduos de um rebanho núcleo fechado Aberdeen Angus, nascidos entre 1937 e 2012.

2.1.2 Nelore

Informações de Pedigree e registros de produção obtidos de um rebanho multiplicador da região Nordeste, com 11.954 bovinos da raça Nelore nascidos entre 1960 e 2012. Os dados pertencem ao programa de monitoramento de peso da raça Nelore da "Associação Brasileira dos Criadores de Zebu - ABCZ" (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu).

2.2 Técnicas

2.2.1 Análise de pedigree

As estimativas de parâmetros e análise do *pedigree*, baseada na probabilidade de origem do gene, foram obtidas através do software ENDOG 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

2.2.2 Intervalo de geração e integralidade de pedigree

Foram estimados intervalos médios de geração para os quatro caminhos gaméticos, na seguinte ordem: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha. A integralidade do pedigree foi calculada para cada animal incluído no *pedigree*. Os seguintes parâmetros foram calculados para cada indivíduo: 1) O número máximo de gerações - definido como o número de gerações que separam o indivíduo a partir do seu antepassado conhecido mais distante. 2) O número de gerações completas equivalente - calculado como a soma de todos os antepassados conhecidos dos termos calculados como a soma de $½^{n}$, onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada antepassado conhecido.

2.2.3 Probabilidade de origem do gene

O histórico genético foi avaliado calculando o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais. O número efetivo de fundadores (*fe*) representa o número de animais, que escolhido aleatóriamente iria produzir a mesma variação genética que a observada na população em estudo. É calculado como $fe = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2}$ em que, *qk* é a probabilidade de origem do gene ancestral k.

O número efetivo de ancestrais (*fa*) representa o número mínimo de animais (fundadores ou não-fundadores) que são necessários para explicar a variação genética total observada na população em estudo. É calculada de forma semelhante ao número efetivo de fundadores: $fa = \frac{1}{\sum_{j=1}^{a} q_j^2}$, em que q_j é a contribuição marginal do antepassado *j*, representa a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicado por outro antepassado previamente escolhido. Este parâmetro complementa a informação fornecida pelo número efetivo de fundadores porque considera as perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutivos.

2.2.4 Endogamia e coeficiente médio de parentesco (CR)

As mudanças em endogamia (ΔF) foram calculadas como descrito por Gutierrez et al. (2009), utilizando a fórmula: $\Delta Fi = 1 - \sqrt[t-1]{1 - fi}$ onde *Fi* é o coeficiente de endogamia individual e *t* é a geração equivalente para este indivíduo (Boichard et al., 1997). A expressão que relaciona a endogamia na geração *t* com a taxa de endogamia conforme proposto por Gutierrez et al., (2009) é:

$$F = 1 - (1 - \Delta F)^{t-1}$$

O coeficiente médio de parentesco é definido como a probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente a partir de toda a população da linhagem pertencer a um determinado animal (Gutiérrez & Goyache, 2005). O coeficiente de parentesco médio

pode assim ser interpretado como uma representação do animal em todo o *pedigree* independentemente do conhecimento da sua linhagem.

2.2.5 Tamanho efetivo da população

O tamanho efetivo foi calculado de três maneiras: primeiro, uma estimativa do tamanho efetivo da população ($\overline{N}$e) a partir do aumento da endogamia individual- o chamado "realized effective size" proposto por Gutiérrez et al. (2009) , foi computado a partir de $\overline{\Delta F}$, que é calculado pela média do ΔF_is do n indivíduo incluído numa dada subpopulação de referência, como $\overline{N}$e = 1/2 $\overline{\Delta F}$. Além disso, um erro padrão de $\overline{N}$e foi calculado a partir do desvio padrão de ΔF e a raiz quadrada do tamanho (n) da sub-população de referência como $\sigma\,\overline{N}\mathrm{e} = 2\overline{N}\mathrm{e}\,{}^{2}_{e}\,\sigma\Delta F\,\frac{1}{\sqrt{\overline{N}e}}$ (Gutiérrez et al., 2008).

Em segundo lugar, o tamanho efetivo da população ($\overline{N}$ec) foi estimado a partir do aumento de coancestria para todos os pares de indivíduos *j* e *k* (ΔC_{jk}) em uma subpopulação de referência (Cervantes et al., 2010). Este parâmetro é calculado como: $\Delta C_{jk} = 1 - \sqrt[(\frac{g_j+g_k}{2})]{1 - Cjk}$), onde *Cjk* é o valor de endogamia correspondente a uma prole de *j* e *k*, e g_j e g_k são a geração equivalente discreta de *j* e *k* individualmente. Através da média do aumento de coancestria de todos os pares de indivíduos em uma subpopulação de referência, pode-se estimar o tamanho efetivo da população com base em coancestrais: $\overline{N}\mathrm{ec} = \frac{1}{2\overline{\Delta c}}$, que fornece informações sobre o efetivo tamanho de uma população sob acasalamento ao acaso. Também foi calculado o erro padrão de $\overline{N}$ec a partir do desvio padrão destes aumentos na coancestria $(\sigma\Delta c)$ e a raiz quadrada do tamanho efectivo do número efectivo de coancestrais emparelhados na sub população de referência: $\sigma_{\overline{N}\mathrm{ec}} = 2\,\overline{N}\mathrm{ec}^{\,2}\,\sigma_{\Delta c}\,\frac{1}{\sqrt{\frac{\overline{N_{ec}}\,(\overline{N_{ec}}-1)}{2}}}$

Finalmente, o tamanho efetivo (*Ne*) foi calculado a partir das variações de tamanhos familiares:

$\frac{1}{Ne} = \frac{1}{16\,ML} = \left[2 + \sigma^2_{mm} + 2\left(\frac{M}{F}\right) cov(mm, mf) + (\frac{M}{F})^2\, \sigma^2_{mf}\right] + \frac{1}{16\,FL}\left[2 + (\frac{F}{M})^2 \sigma^2_{fm} + 2\left(\frac{F}{M}\right) cov(fm, ff) + (\frac{M}{F})^2\, \sigma^2_{ff}\right]$ (Hill, 1979), onde M e F são os números de indivíduos do sexo masculino e feminino nascidos ou amostrados para a criação de cada período de tempo (cinco anos), L é o intervalo médio de geração, σ^2_{mm} e σ^2_{mf} são as variâncias da prole masculina e feminina de um macho, σ^2_{fm} e σ^2_{ff} são as variações da prole masculina e feminina de uma fêmea, e *cov* (mm, mf) e *cov* (fm, ff) as respectivas covariâncias.

2.2.6 Variância genética e os valores genéticos

Foram utilizados dados de 8739 Angus e 7077 Nelore, pesos ajustados aos 205 (P205) dias de idade. As médias para a característica (P205) foram 231,36 ± 28,87 e 177,36 ± 28,7, respectivamente.

Para a obtenção de (co) variância e das estimativas dos valores genéticos, foi realizada análise univariada por amostragem através do software GIBBS3F90 (Misztal, 2003). A distribuição a priori da (co) variância dos efeitos genéticos aditivos direto e materno foi um Wishart invertido.

O modelo incluiu os efeitos aleatórios genéticos direto e materno, o efeito de ambiente permanente materno, a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático) e os efeitos de grupo de contemporâneos (GC). Matricialmente o modelo utilizado pode ser assim descrito:

$$y = XB + Za + Zm + Zc + e$$

onde: y = vetor de observações; B = vetor de efeitos fixos de grupos de contemporâneos (GC), mais a idade da vaca ao parto como covariável (linear e quadrática); X = matriz de incidência que relaciona o vetor de efeitos de grupos de contemporâneos ao vetor de observações; a = vetor de efeitos aleatórios genético aditivo direto; m = vetor de efeitos aleatórios genético materno; c = vetor de efeitos de ambiente permanente materno; Z = matriz de incidência que relaciona os efeitos aleatórios ào vetor de observações; e e = vetor de resíduos alatórios.

Os grupos contemporâneos consistiram em animais do mesmo sexo e estação (ano e época). Grupos de contemporâneos com menos de quatro indivíduos foram excluídos da

análise. O total de grupos contemporâneos foram 260 e 690 para Nelore e Angus, respectivamente.

O número inicial de iterações foi arbitrariamente obtido utilizando uma única cadeia de 200.000 iterações e um período de queima (“burn-in”) de 20000 iterações com um intervalo de amostragem (“thinning interval”) de 20.

O diagnóstico de convergência da cadeia de Gibbs para as amostras foi realizado através do pacote BOA - Bayesiam Output Analysis (*software* R Development Core Team, 2008), seguindo o método de Geweke (1992).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Intervalos de geração

As estimativas de intervalos de geração para o rebanho Angus nas passagens correspondentes foram iguais a 9,17 ± 10,33 (pai e filho), 6,43 ± 6,27 (pai e filha), 6,43 ± 6,22 (mãe-filho) e 5,37 ± 3,32 anos (mãe e filha), resultando em um intervalo médio de 6,14 ± 5,55 anos.

Para o rebanho Nelore os valores correspondentes foram 7,38 ± 32,87 (pai e filho), 8,29 ± 4,40 (pai e filha), 6,32 ± 2,76 (mãe-filho), 7,13 ± 3,27 (mãe e filha) e 7,69 ± 3,89 (intervalo médio).

Bozzi et al. (2006) relataram intervalos que variaram de 4,36 a 6,02 em três raças da Itália. Gutierrez et al. (2003) estudando raças de gado de corte da Espanha obtiveram estimativas variando de 3,70 a 6,08 anos na população de referência. Ao contrário dos resultados obtidos por este trabalho para Angus e Nelore, nestes dois estudos o caminho pai-filho foi sempre inferior ao caminho mãe-descendentes porque os touros foram substituídos precocemente e houve um uso generalizado de inseminação artificial (IA).

Os altos intervalos de geração para as vias de touros são causados por fatores diferentes nestes dois rebanhos. Para o rebanho Angus, dois fatores são importantes: primeiro, o uso de poucos touros por longos períodos durante a formação do rebanho, como os dois touros Puck de Wickwire e Gaird de Dalmeny, que possuiram um grande número de descendentes durante os 9 anos que ficaram no rebanho como reprodutores. O segundo fator, e provavelmente o mais importante, foi a utilização de sêmen de touros fundadores ao longo das duas últimas décadas. De acordo com Lingle et al. (2001), a reintrodução de touros em programas de melhoramento teve como objetivo reforçar e solidificar a habilidade materna e características de carcaça. Para a raça Nelore, o alto intervalo de geração é uma consequência do uso de touros por várias estações reprodutivas em sistemas extensivos.

Segundo Malhado et al. (2010) o alto intervalo de geração nas vias pai-filho e pai-filha pode ser diminuída pela substituição rápida dos touros pelos descendentes.

Vários estudos têm relatado altos intervalos médios de geração e suas causas em bovinos de corte em regiões tropicais. Barbosa (2012), ao trabalhar com dados de rebanhos registrados da raça Nelore do nordeste do Brasil, encontrou valores elevados para os intervalos de gerações, 9,7±5,3 (Pai-filho); 9,5±5,0 (Pai-filha); 7,1±3,2 (Mãe-filho) e 7,4±3,5 anos (Mãe-filha), sendo o intervalo médio de gerações de 8,5±4,5 anos. Resultados semelhantes foram encontrados nos estudos de Malhado et al. (2008), avaliando o progresso genético e a estrutura populacional da raça Nelore no estado da Bahia, observaram intervalos de 9,1±4,6 (pai-filho), 9,0±4,5 (pai-filha), 7,6±3,6 (mãe-filho), 7,5±3,5 anos (mãe-filha) com intervalo de gerações médio de 8,3±4,2 anos.

Intervalos relativamente menores foram encontrados por Carneiro et al.(2009) em seu estudo com bovinos Indubrasil da região Nordeste, onde relataram valores de 6,91±2,81 (pai-filho), 6,84±2,74 (pai-filha), 7,62±3,17 (mãe-filho), 7,53±3,21 anos (mãe-filha), com intervalo médio de 7,23±2,99 anos. Faria et al. (2002) estimaram médias de 7,2 (pai–filho), 7,2 (pai–filha), 7,0 (mãe–filho) e 6,9 (mãe–filha), para animais registrados das raças Tabapuã, enquanto Vercesi Filho et al. (2002) estimaram médias de 7,1 (pai–filho), 7,2 (pai–filha), 7,2 (mãe–filho) e 7,1 (mãe–filha), para animais registrados das raças Nelore Mocho.

O intervalo médio relatado no atual estudo pode ser considerado alto, podendo levar a redução do ganho genético por unidade de tempo. Além disso, a permanência de animais nos rebanhos por um maior período de tempo aumenta as chances de acasalamentos entre parentes, podendo levar ao aumento do coeficiente de endogamia.

3.2 Integralidade de *pedigree* e número de gerações

A integralidade do pedigree Angus foi muito elevada, especialmente durante as três primeiras gerações, onde foram obtidos os valores de 99,1, 91,2 e 82,6 % (Figura 1). Em contraste, a integralidade de pedigree do rebanho Nelore foi baixa, com valores de 90,1, 44,9 e 16,1% para o primeiro, segundo e terceira gerações, respectivamente. Estes valores sugerem que o curto pedigree para a raça Nelore pode confundir seriamente as estimativas dos parâmetros populacionais.

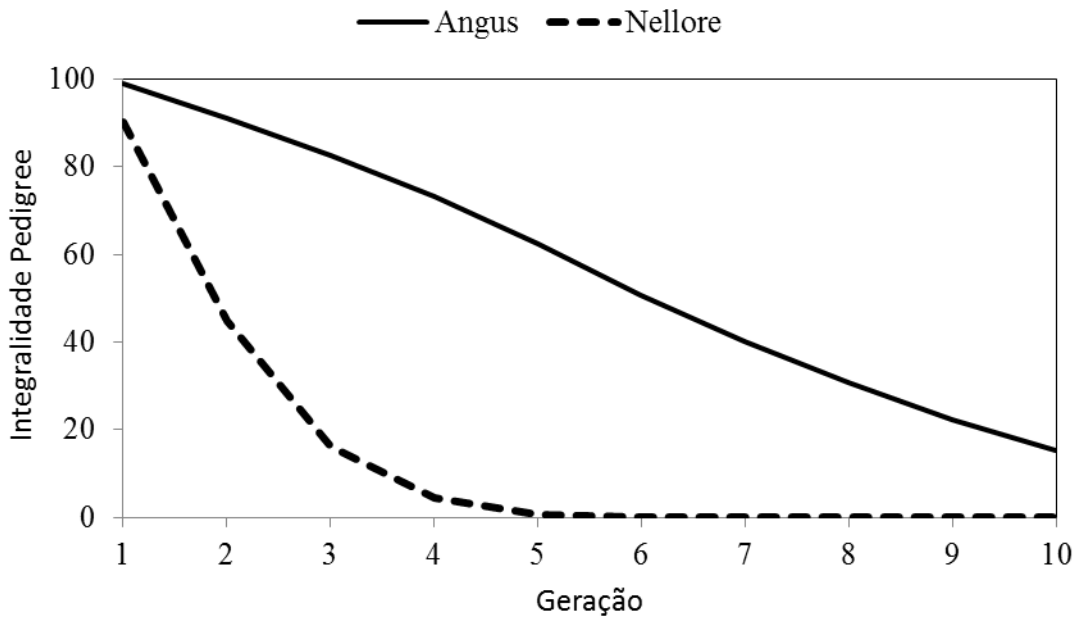

Figura 1. Percentagem de ancestrais conhecidos nas dez primeiras gerações nos rebanhos Nelore e Angus.

O resultado para o rebanho Angus está de acordo com o relatado por Marquéz et al. (2010), que estudou 2.141.506 animais registrados Red Angus nascidos entre 1927 e 2006 (Red Angus Association of America -RAAA), e constatou que mais de 94, 92 e 88 % de todos os animais no pedigree tem pais conhecidos na primeira, segunda e terceira gerações.

As associações americanas e européias iniciaram no inicio do século XX a coletar e armazenar dados de pedigree e, consequentemente, possuem informações de *pedigree* mais "profundas" do que as associações tropicais de gado de corte.

O número efetivo de fundadores (fe) e ancestrais (fa) são menores para o rebanho Angus (fe = 15 e fa = 12) do que para o rebanho Nelore (fe = 88, e fa = 87) (Tabela 1). A proporção do número efetivo de fundadores com o número de fundadores foram de 0,09 (Angus), e 0,07 (Nelore), indicando um elevado desequilíbrio entre as contribuições dos fundadores. Este fato resulta de um uso excessivo de alguns animais como reprodutores, especialmente os "bons touros", como é esperado em rebanhos núcleo e multiplicador. O número efetivo estimado menor para o rebanho Wye Angus é esperado, devido ao longo histórico do pedigree e ao "isolamento reprodutivo" do rebanho desde 1958.

Tabela 1. Parâmetros caracterizando a probabilidade de origem do gene nos rebanhos Nelore e Angus.

	Nelore	**Angus**
Tamanho da População	11954	11692
População referência	10750	11657
População base	1204	35
Número de fundadores para a população referência	1154	155
Número de ancestrais para a população referência	1138	146
Número efetivo de fundadores para população referência	88	15
Número efetivo de ancestrais para a população referência	87	12
Número de ancestrais explicando 50% da variabilidade	38	4
Endogamia esperada causada por desequilíbrio na contribuição de fundadores %	0.47	3.37

O efeito "gargalo" expresso pela relação fe/fa (número efetivo de fundadores / número efetivo de ancestrais) foram 1,25 (Angus), e 1,01 (Nelore), indicando que, além do pequeno número efetivo de fundadores, o rebanho Angus também sofreu um efeito gargalo. A relação fe/fa é causada por uma redução do número de reprodutores em qualquer geração. Além disso, um gargalo é logicamente mais frequentemente observado em populações com pedigree profundo (Ghafouri-Kesbi, 2010; Santana et al, 2012).

Apenas quatro ancestrais explicaram quase metade (49,2%) da variabilidade genética na população Angus (Tabela 2). Um número superior de ancestrais (38), explicou a mesma variabilidade no rebanho Nelore.

O pequeno número de indivíduos que explicam amplamente a variabilidade genética do rebanho Angus é uma consequência do reduzido número efetivo de ancestrais. Em contraste, os 10 principais ancestrais do rebanho Nelore foram utilizadas mais intensamente (mais que o dobro) do que os ancestrais da raça Angus. De acordo com Pedrosa et al. (2010), o uso excessivo de certos indivíduos como reprodutores pode levar a uma redução acentuada na variabilidade genética. No entanto, nossos resultados indicam que o pequeno número de ancestrais que explicam a variabilidade genética do rebanho não está fortemente relacionada ao uso intensivo de alguns animais, mas mais como uma consequência do fechamento do rebanho e da profundidade do pedigree Angus.

Tabela 2. Contribuição e Contribuição Acumulada para variabilidade genética e número de progênie dos dez principais ancestrais (fundadores ou não) nos rebanhos Angus e Nelore.

Angus	**Cont (%)**	**Acum.**	**Progênie**	**Nelore**	**Cont (%)**	**Acum.**	**Progênie**
Puck of Wickwire	16,6	16,6	313	1144401	5,5	5,5	560
Gaird of Dalmeny	12,1	28,7	231	1442095	3,9	9,4	313
Juryman of Wick	11,2	39,9	209	2860551	2,9	12,3	337
Prince of Malpas	9,3	49,2	145	1353767	2,8	15,1	236
Blackapper	7,2	56,4	10	1491270	2,3	17,4	118
Clarice of Wye	5,6	62,0	15	1438006	1,9	19,3	228
G. of Swiftbrook	4,8	66,8	113	2301359	1,8	21,1	318
Backford Buxton	4,6	71,4	122	1843896	1,8	22,9	244
Valour of Ardrass	4,6	76,0	55	2138039	1,7	24,6	261
Mulben Envoist	3,3	79,3	139	836551	1,7	26,3	187

O desequilíbrio na contribuição dos fundadores foi muito maior no rebanho Wye Angus do que na raça Nelore, como já era esperado em um rebanho fechado. Esta contribuição desequilibrada dos fundadores também foi relatada por Malhado et al. (2012) em búfalos da raça Murrah e por Santana et al. (2012) com bovinos de corte.

3.3 Endogamia e coeficiente de parentesco médio

A formação do rebanho Wye Angus começou na década de 40, e consistia em uma grande proporção de cruzamentos endogâmicos, que atingiu o pico em 1944, quando cerca de 45% dos acasalamentos eram entre parentes próximos, produzindo uma prole com coeficiente médio de endogamia (F) igual a 14 %. Os dois primeiros touros do rebanho Wye Angus participaram de 40 e 55 acasalamentos altamente endogâmicos, resultante do cruzamento com suas filhas e netas. De acordo com Lingle et al (2001), o primeiro touro (Blakeford Buxton) cobriu suas descendentes fêmeas durante três gerações ("*triple inbreeds*"). Desde 1965 o manejo reprodutivo do rebanho tem sido direcionado a evitar cruzamentos entre animais com parentesco próximo. No entanto, o coeficiente de endogamia aumentou até os anos 80, como resultado de endogamia

cumulativa (Carrillo & Siewerdt, 2010). Em contraste, o rebanho Nelore não mostra evidência alguma de acasalamento endogâmicos devido à falta de informações de pedigree. Os primeiros cruzamentos endogâmicos foram registrados no início da década de 1980, como um resultado de acasalamentos pai-filha.

Os valores médios de F para a população de referência foram 7,93% e 0,2% para Angus e Nelore, respectivamente. As médias de F para os animais endogâmicos foram 10,06% (Angus) e 6,3% (Nelore). Além de ser maior do que o grupo Nelore, a consangüinidade no rebanho Angus é maior do que os valores relatados na maioria dos outros estudos com bovinos de corte, tais como a raça Nelore, com um valor de 0,2% (Malhado et al., 2010); raças zebuínas (0,41 a 2,21%; Santana et al., 2010); Marchigiana Brasileira e Bonsmara (1,8 a 2,15%; Bozzi et al., 2006); raças leiteiras da Dinamarca (0,9 a 1,1% ; Sorensen et al, 2005), raça espanhola (0,25 a 3,13%; Gutiérrez et al., 2003) e a raça Japanese Black Cattle (5%, Nomura et al., 2001). É interessante notar que, em todos estes estudos, o grau de integralidade do pedigree eram menores que o pedigree Wye Angus, com a exceção de Nomura et al. (2001), que não calculou o número de gerações e a integralidade do pedigree.

Cleveland et al. (2005), estudando o pedigree da raça American Hereford (1900 a 2001), calcularam a endogamia média igual a 0,115 em 2001. No entanto, Cleveland et al. (2005), também calcularam a endogamia média de uma sub-amostra de animais nascidos entre 1990 e 2001, com pelo menos 12 gerações de pedigree, para investigar o impacto da integralidade de pedigree. Os autores relataram um aumento de 18% em 2001, e quase um terço dos animais nascidos em 2001 teve nível de endogamia superior a 20%, em comparação com 6% dos animais que utilizam o pedigree completo. Neste trabalho, a mesma restrição foi aplicada no rebanho Angus, eliminando os animais com menos de 12 gerações conhecidas. Desta forma a endogamia aumentou de 7,93 para 10,8%. O aumento relativo da endogamia dos pedigrees foi de 36 e 56% para o rebanho Wye Angus e para o rebanho American Hereford, respectivamente, o que enfatiza a necessidade de um pedigree longo e completo para estimar com precisão a endogamia e outros parâmetros com base em probabilidades de origem do gene.

Os aumentos de endogamia por geração equivalente conhecida foram 0,34% e 1,51% para os rebanhos Nelore e Angus, respectivamente. Este resultado destaca que

em rebanhos com alta e cumulativa endogamia, o viés pode ser até cinco vezes maior do que em rebanhos com baixa endogamia.

Os coeficientes médios de parentesco entre indivíduos da população foram estimados em 14,49% e 1,1% para Angus e Nelore, respectivamente. Apesar da alta média do rebanho Wye Angus, existe uma ampla variação dos valores individuais de CR (0,0001-0,23). Uma possível estratégia de manejo com base nessas informações, pode ser a utilização do coeficiente de parentesco médio (CR) para orientar a seleção de touros. De acordo com Goyache et al. (2010), o coeficiente médio de parentesco pode ser utilizado para estimar a endogamia de uma população a longo prazo e para sugerir modificações na prática de manejo para conservar a variabilidade genética numa população.

Um coeficiente médio de parentesco muito alto indica que os pais de um indivíduo têm antepassados comuns próximos, enquanto um baixo coeficiente médio de parentesco indica que os animais compartilham alelos ascendentes comuns com apenas uma proporção relativamente pequena da população. Assim, os criadores de gado devem usar os indivíduos com baixos coeficientes médios de parentesco (CR) para evitar acúmulo de endogamia. Os valores de CR dos indivíduos incluídos no rebanho podem ser utilizados como um indicador do grau de endogamia e co-ancestria de cada rebanho. Se os valores relativamente altos CR são observados em um rebanho, ele deve ser aberto para novos animais sub-representados (Goyache et al, 2003).

3.4 Tamanho efetivo

Para o rebanho Angus, o tamanho efetivo calculado via aumento individual na coancestralidade ($\bar{N}$ec), foi 26,23 ± 0,75, uma estimativa que ficou próximo do tamanho efetivo ($\bar{N}$e) calculado pelo aumento individual de endogamia (29,47 ± 7,09). O valor mais baixo para $\bar{N}$ec reflete um pequeno grau de subdivisão populacional. Para a raça Nelore, os parâmetros $\bar{N}$ec e $\bar{N}$e foram 58,36 ± 3,35 e 103,68 ± 36,89, respectivamente. Esta grande discrepância entre os parâmetros e as altas estimativas é, provavelmente, devido à baixa integralidade e superficialidade do pedigree do rebanho Nelore. Boichard et al. (1997) demonstraram que quando a informação de pedigree é

incompleta, a endogamia computada é viesada para baixo e o "*realized effective size*" é superestimado. As magnitudes do erro padrão entre os dois rebanhos indicam estimativas mais precisas do rebanho Angus. Recente estudo com sete raças com diferentes estruturas populacionais, também relatou a relação entre o erro padrão e o número de equivalentes gerações conhecidas (Cervantes et al., 2011).

As relações $\frac{\bar{N}ec}{\bar{N}e}$ foram de 0,88 e 0,56 para os rebanhos Angus e Nelore, respectivamente. Numa população idealizada o valor esperado é próximo de 1. De acordo com Gutierrez et al. (2008) a comparação entre $\bar{N}$ec e $\bar{N}$e fornece informações valiosas sobre a estrutura da população. Os dois parâmetros são assumidos como medidas de um mesmo processo de deriva acumulado na população, desde a fundação até o presente. Como eles seriam assintoticamente equivalentes em uma população idealizada, o desacordo entre eles é causado principalmente pelo efeito de acasalamentos preferenciais. Em outras palavras, a comparação entre estes dois parâmetros caracterizam a influência de acasalamentos preferenciais na população.

Os tamanhos efetivos por geração calculada a partir das variâncias dos tamanhos das famílias foram abaixo de 40 até o início da década de 1980 para os dois rebanhos. A partir de então os tamanhos efetivos oscilaram, mas foram sempre superiores a 40 (Figura 2). O pico para o rebanho Angus ocorreu no início da década de 1990, como consequência da aquisição de novos reprodutores para fins científicos. De acordo com Lingle et al (2001), no início dos anos 90, produtores americanos reconheceram a necessidade de priorizar as características de carcaça. Desta forma, em 1990 uma pesquisa sobre carcaças começou com a introdução de vários touros "estrangeiros" a fim de estabelecer características de carcaça na população base.

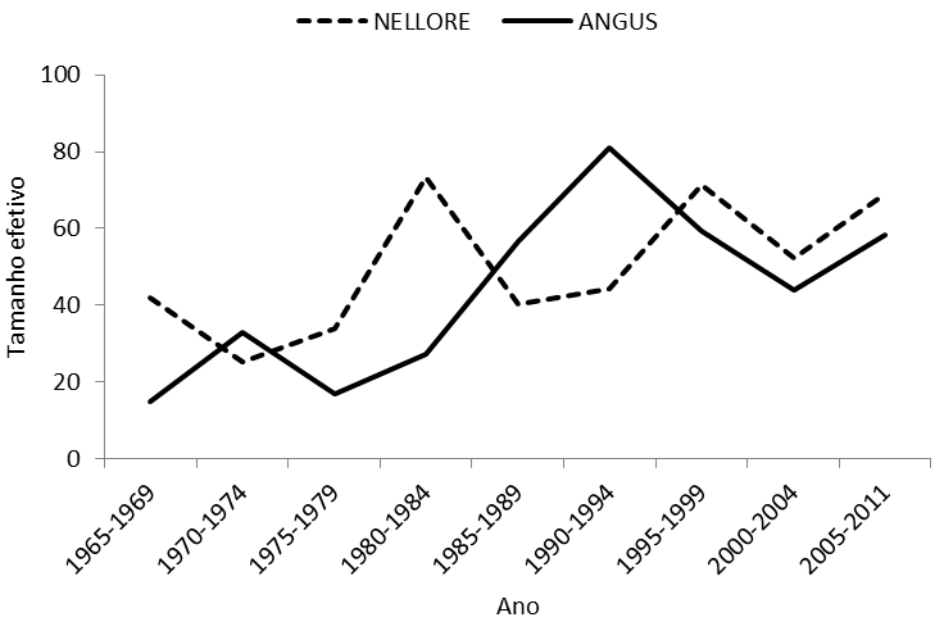

Figura 2. Tamanho efetivo calculado a partir da variância do tamanho de famílias para os rebanhos Nelore e Wye Angus.

Gutierrez et al. (2008) relataram que *Ne* computado a partir de variâncias de tamanho das famílias não é útil para caracterizar o "*real effective size*". No entanto, esses autores descrevem que *Ne* calculado desta forma reflete uma política de acasalamento temporária e pode ser útil quando o conhecimento do pedigree é limitado e / ou subdivisão ainda não ocorreu.

3.5 Ganho Genético, Variabilidade Genética e Correlação Genética e Materna

Os coeficientes de herdabilidade direta e materna (moda) foram de 0,17 e 0,11 (Nelore) e, 0,27 e 0,13 (Angus). O rebanho Angus demonstrou forte seleção para efeitos direto e materno na característica P205, com elevado ganho genético (Figura 3), cerca de 20 kg e 17 kg para o efeito direto e materno, respectivamente, para o período estudado (46 anos).

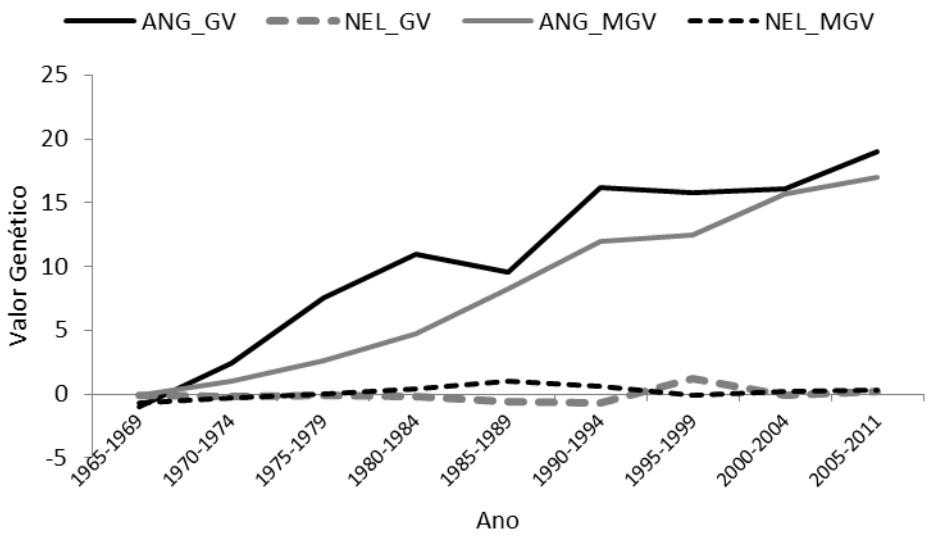

Figura 3. Ganho genético para efeito direto (GV) e materno (MGV) para os rebanhos Nelore (NEL) e Wye Angus (ANG).

Segundo Lingle et al. (2001), de 1954 a 1974 os touros eram selecionados para ganho de peso, resultando em um grande ganho fenotípico por geração durante este período. No entanto, eles também mencionam que nas últimas gerações os incrementos de progresso tem diminuído. Além disso, os mesmos autores relataram que o rebanho Wye Angus foi exposto a uma forte seleção para efeitos maternos (habilidade materna), fato que concorda com o grande ganho genético materno observado no presente.

Por outro lado, o rebanho Nelore teve um pequeno ganho genético durante o mesmo período de tempo, abaixo de 0,5 kg para ambos os efeitos. Animais em condições tradicionais de manejo, normalmente são selecionados por criadores com base em características anatômicas e raciais e não a partir do desempenho produtivo e reprodutivo. No entanto, Malhado et al. (2008) relata que essa tendência tem diminuído nos últimos anos, o uso de valores genéticos têm aumentado em alguns rebanhos da raça Nelore na região nordeste.

A variância dos valores genéticos diretos do rebanho Wye Angus diminuiu no período 1965-1975, possivelmente como resultado da forte seleção (Figura 4). O período de 1975-1979 foi caracterizado pelo menor tamanho efetivo do rebanho Wye Angus, que pode ser o resultado de um efeito de gargalo. No entanto, a variância genética aumentou nos anos seguintes. O resultado deste aparente paradoxo pode estar

relacionado à forma como a variância genética aditiva, o fator genético que determina a resposta à seleção, é alterado pela passagem através de um gargalo populacional (Taft & Roff, 2012). Um aumento na variância genética aditiva é possível se houver variância de dominância ou epistasia presente na população (Barton & Turelli, 2004).

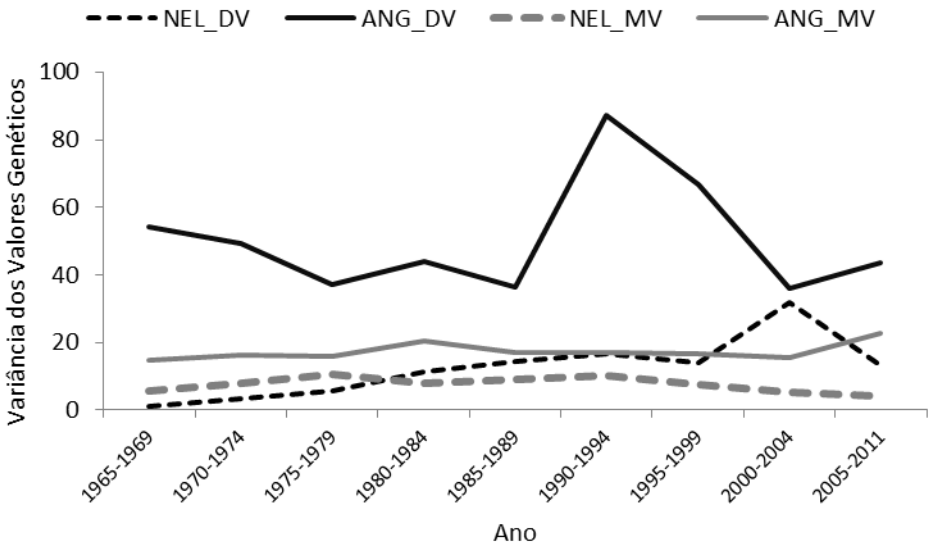

Figura 4. Variância dos valores genéticos para efeitos diretos (DV) e maternos (MV) para os rebanhos Nelore (NEL) e Angus (ANG).

A introdução de touros em 1990 (Lingle et at., 2001), para realização de projeto de pesquisa, fez com que a variância genética do rebanho Angus atingisse seu máximo na década de 1990. No entanto, os touros adquiridos de fora e seus descendentes foram removidos do rebanho em 1996, fazendo com que os níveis de variância genética voltassem aos patamares observados na década de 1980.

As variâncias genéticas maternas e direta do rebanho Nelore foram inferiores ao Angus, em todo o período. Alguns fatores, como a pequena magnitude de herdabilidade, médias diferentes para as características (Nelore=177,4 kg, Angus = 231,4 kg) e o grande número de descendentes dos reprodutores da raça Nelore mais importantes, pode explicar essa diferença. Os resultados confirmam que o rebanho Wye Angus foi fechado (com exceção de um curto período de tempo) e tem um número muito baixo de ancestrais, que são responsáveis pela variabilidade genética. Além disso, o rebanho sofreu média endogamia, pequeno tamanho efetivo e seleção forte. A atual variabilidade genética é próximo do valor no início e é maior do que o rebanho aberto Nelore ao longo de todos os anos. Supõe-se geralmente que a alta endogamia reduz a variância

genética aditiva dentro das populações (Kristensen et al., 2005). No entanto, os autores ressaltam que a associação entre o nível de endogamia e variância genética aditiva é menos previsível com menores níveis de endogamia.

4 CONCLUSÃO

Não foi observada nenhuma ligação clara entre a variância genética e os parâmetros genéticos da população (endogamia, seleção forte, pequeno tamanho efetivo, e número reduzido de ancestrais). Contudo, é claro que o conhecimento de várias gerações fornece melhores estimativas do tamanho efetivo da população e endogamia em rebanhos com consanguinidade média e cumulativa.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BARBOSA, A.C.B. Histórico dos rebanhos zebuínos da raça Nelore registrados no nordeste brasileiro: Melhoramento genetic e estrutura populacional. 2012. Dissertação (Mestrado em Zootecnia), UESB – Itapetinga, BA.

BARTON, N.H., TURELLIi, M. 2004. Effects of genetic drift on variance components under a general model of epistasis. Evol. 58, 2111-2132.

BOICHARD, D., MAIGNEL, L., VERRIER, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet Sel Evol**. 29, 5-23.

BOZZI, R., FRANCI, O., FORABOSCO, F., PUGLIESE, C., CROVETTI, A., FILIPPINI, F. 2006. Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information**. Ital J Anim Sci**. 5, 129-137.

CAIRES, D.N., MALHADO, C.H.M., SOUUZA, L.A., TEIXEIRA NETO, M.R., CARNEIRO, P.L.S., MARTINS FILHO, R. 2012. Tabapuã breed in Northeastern Brazil: genetic progress and population Structure. **R Bras Zootec**. 7, 1858-1865.

CARNEIRO, LSC.; MALHADO, CHM.; FILHO, RM.; CARNEIRO, APS.; SILVA, FFE.; TORRES, RA. 2009. A Raça Indubrasil no Nordeste Brasileiro: Melhoramento e Estrutura Populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2327-2334.

CARRILLO, J. A., SIEWERDT, F. 2010. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **J Anim Sci**. 88, 87-95.

CERVANTES, I., GOYACHE, F., MOLINA, A., VALERA, M., GUTIERREZ, J.P. 2011. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **J Anim Breed Genet**. 128, 56-63.

CLEVELAND, M.A., BLACKBURN, H.D., ENNS, R.M., GARRICK, D.J. 2005. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **J Anim Sci**. 83, 992-1001.

FARIA, FJC.; VERCESI FILHO, AE.; MADALENA, FE.; JOSAHKIAN, LA. 2002. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.5.

GEWEKE, J., 1992. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: Bernardo, J.M., Berger, J.O., Dawid, A.P., Smith, A.F.M. (Eds.), Bayesian Statistics, 4. Oxford University Press, Oxford, pp. 625-631.

GHAFOURI-KESBI, F. 2010. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. **J Genet**. 89, 479-483.

GLAZEWSKA, I., JEZIERSKI, T. 2004. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. **Livest Prod Sci**. 90, 293-298.

GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I.; et al. Using pedigree information to monitor genetic variability os endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example.**Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.120, p.95-105, 2003.

GOYACHE, F., FERNANDEZ, I., ESPINOSA, M.A., PAYERAS, L., PÉREZ-PARDAL, L., GUTIERREZ, J.P., ROYO, L.J., ÁLVAREZ, I. 2010. Demographic and genetic analysis of the Mallorquina sheep flockbook. Itea.106, 3-14.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; et al. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p. 43-63, 2003.

GUTIERREZ, J.P., CERVANTES, I. GOYACHE, F. 2009. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **J Anim Breed Gene**. 126, 327-332, Germany.

GUTIERREZ, J.P., CERVANTES, I. MOLINA, A., VALERA, M., GOYACHE, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genet Sel Evol**. 40, 359-378.

GUTIERREZ, J.P., GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **J Anim Breed Genet**. 122, 172-176.

HILL, W.G. 1979. A note on effective population size with overlapping generations. Genet 92, 317-322.

KRISTENSEN, T.N., SORENSEN, A.C., SORENSEN, D., PEDERSEN, K.S., SORENSEN, J.G., LOESCHCKE, V. 2005. A test of quantitative genetic theory using Drosophila- effects of inbreeding and rate of inbreeding on heritabilities and variance components. **J Evol Biol**. 18,763-770

LINGLE, J.B., KOCH, C.R., BARAO, S.M. 2001. The Breed of Noble Bloods. 2nd ed. University of Maryland Foundation, Adelphi.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, DMMR.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, JC de. 2008. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.215-220.

MALHADO, C.H.M., MALHADO, A.C.M., CARNEIRO, P.L.S., RAMOS, A.A., AMBROSINI, D.P., PALA, A. 2012. Population structure and genetic variability in the Murrah dairy breed of water buffalo in Brazil accessed via pedigree analysis. **Trop Anim Health Prod**. 44, 1891-1897.

MALHADO, C.H.M., CARNEIRO, P.L.S., MALHADO, A.C.M., MARTINS FILHO, R., BOZZI, R., LADLE, R.J. 2010. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesq Agropec Bras**. 45, 1109-1116.

MALHADO, C.H.M., CARNEIRO, P.L.S., PEREIRA, D.G., MARTINS FILHO, R. 2008. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no estado da Bahia. **Pesq Agropec Bras**. 43, 1163-1169.

MARQUEZ, G.C., SPEIDEL, S.E., ENNS, R.M., GARRICK, D.J. 2010. Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. **J Anim Sci**. No. 88. 59-68, United States.

MC PARLAND, S., KEARNEY, J.F., RATH, M., BERRY, D.P. 2007. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. **J Dairy Sci**. 90, 4411-4419.

MISZTAL, I., 2003. BLUPF90 manual. Available at http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/newprograms.html.

NOMURA, T., HONDA, T., MUKAI, F. 2001. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. **J Anim Sci**. 79, 366-370.

PEDROSA, V.B., SANTANA, M.L.Jr., OLIVEIRA, P.S., ELER, J.P., FERRAZ, J.B.S. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Ines sheep in Brazil. **Small Ruminant Res**. 93,135-139.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org>. On line. Acesso em: 2013.

SANTANA JÚNIOR, M.L.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S. et al. Parâmetros genéticos de características reprodutivas de touros e vacas Gir leiteiro. **Rev. Bras. Zootec**., v.39, n.8, p.1717-1722, 2010.

SANTANA, M.L.Jr., OLIVEIRA, P.S., ELER, J.E., GUTIERREZ, J.P., FERRAZ, J.B 2012. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **J Anim Sci**. 90, 99-108

SMITH, B.J 2005. Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC. Avaliable: http://www.public-health.uiowa. edu/boa/boa.

SORENSEN, A.C., SORENSEN, M.K., BERG, P. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. **J Dairy Sci**. 88, 1865-1872.

TAFT, H.R., ROFF, D.A. 2012. Do bottlenecks increase additive genetic variance? **Conser Genet**.13, 333-342.

VALERA, M., MOLINA, A., GUTIERREZ, J.P., GOMEZ, J., GOYACHE, F. 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livest Prod Sci**. 95, 57-66.

VAN BUSKIRK, J., WILLI, T. 2006. The change in quantitative genetic variation with inbreeding. **Evol**. 60, 2428-2434.

VAN GREVENHOF, E.M., VAN ARENDONK, J.A.M., BIJMA, P. 2012. Response to genomic selection: The Bulmer effect and the potential of genomic selection when the number of phenotypic records is limiting. **Genet Sel Evol**.44, 26.

IV – CAPÍTULO II

PARÂMETROS E TENDÊNCIAS GENÉTICAS DE CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS DE UM REBANHO NÚCLEO FECHADO ANGUS

RESUMO – O rebanho Wye Angus foi fundado a partir de poucos animais e se destaca por possuir uma natureza fechada, complementada por registros históricos, completa informação de pedigree e forte seleção, o que proporciona vantagens únicas em termos de realização de pesquisas em melhoramento genético animal. Além disso, a genética Wye Angus estabeleceu grande influência sobre as raças Aberdeen Angus, Red Angus e Brangus em todo mundo. O objetivo deste estudo foi avaliar os parâmetros e as tendências genéticas de características produtivas e reprodutivas do rebanho Wye Angus no período entre 1937 e 2012, dados cedidos pela Universidade de Maryland (EUA). As características avaliadas foram: peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205) e o ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND). Quanto as característica reprodutivas, foram avaliadas a idade ao primeiro parto (IPP), o intervalo de partos (IDP) e a circunferência escrotal (CE). Os componentes de (co)variância foram obtidos através da metodologia Bayesiana por meio do programa GIBBS3F90. As tendências genéticas foram obtidas pela regressão linear ponderada dos valores genéticos sobre o ano de nascimento do animal. O rebanho Wye Angus possui suficiente variabilidade genética, para ganho por meio da seleção, nas características de crescimento e CE. Ao longo da sua história, os animais Wye sofreram forte seleção, com altos ganhos genéticos para estas características. As herdabilidades para IPP e IDP foram próximas a zero e apenas IDP teve pequeno ganho genético. Contudo, a IPP e o IDP do rebanho são baixos, indicando que o manejo reprodutivo trouxe resultados favoráveis para as matrizes.

Palavras-chave: bayesiana, herdabilidade, pedigree, tendência genética

ABSTRACT

The Wye Angus herd was founded on a few animals and is distinguished by having a closed nature, complemented by historical records, complete pedigree information and strong selection, which provides unique advantages in terms of conducting researches on animal breeding. Furthermore, Wye Angus genetics established great influence on the Aberdeen Angus, Red Angus and Brangus worldwide. The aim of this study was to evaluate the parameters and genetic trends for production and reproduction traits of the Wye Angus herd in the period between 1937 and 2012, data provided by the University of Maryland (USA). The characteristics evaluated were: birth weight (PN), weight adjusted to 205 days of age (P205) and weight gain from birth to weaning (GPND). The reproductive characteristics assessed were age at first calving (IPP), calving interval (IDP) and scrotal circumference (CE). The (co) variance components were estimated by Bayesian inference through the software GIBBS3F90. The genetic trends were obtained by linear regression of the genetic values over the year of birth of the animal. The Wye Angus herd has enough genetic variability for genetic gain through selection on growth characteristics and CE. Throughout its history, Wye animals undergone strong selection, with high genetic gain for these traits. The heritability for IPP and IDP were close to zero and only IDP had little genetic gain. However, the IPP and IDP of the herd are low, indicating that the reproductive management brought favorable results for the heifers.

Key-words: bayesian, genetic trend, heritability, pedigree

1 INTRODUÇÃO

O rebanho Wye Angus foi estabelecido em 1937, fundado a partir de 19 animais da raça Aberdeen Angus registrados, um touro e 18 novilhas, sendo dez meias-irmãs, filhas do mesmo pai. Nunca outra fêmea foi introduzida no rebanho. Entre 1942 e 1958, 19 touros Angus importados das Ilhas Britânicas foram introduzidos no rebanho e são responsáveis por cerca de 75% do germoplasma atual do rebanho (Lingle et al., 2001). O rebanho Wye Angus foi cedido à Universidade de Maryland (EUA) em 1979 e permanece fechado desde 1958, com uma breve exceção, quando no anos 90 foi reaberto para que se completasse um projeto de pesquisa. O rebanho Wye Angus é historicamente importante, e contribuiu consideravelmente para a expansão da raça Angus no mundo.

A natureza fechada, a confiabilidade dos dados, a forte seleção, e as qualidades de amplitude e profundidade do pedigree Wye Angus proporcionam uma excelente oportunidade na compreensão dos mecanismos hereditários envolvidos na expressão de características produtivas e reprodutivas através da realização de estudos sobre estimação de parâmetros e tendências genéticas.

Além disso, a precisão das estimativas dos parâmetros e valores genéticos dependem da escolha do modelo e metodologia apropriados para a estimação dos componentes de (co)variância.

Recentemente, os métodos de Monte Carlo baseados em cadeias de Markov (Markov Chain Monte Carlo - MCMC), dentre os quais se destaca o amostrador de Gibbs ("*Gibbs Sampler*") vem sendo utilizada através da metodologia probabilística Bayesiana como alternativa para a avaliação do mérito genético em populações animais através da obtenção das distribuições marginais dos parâmetros de interesse. Ao utilizar a matriz de parentesco completa, a inferência Bayesiana permite a obtenção de valores genéticos e parâmetros genéticos de populações que passaram por seleção e cruzamentos preferenciais, a partir de estimativas que são realizadas com base na distribuição de densidade *a posteriori*.

A partir destas distribuições, de forma iterativa, a inferência Bayesiana gera estimativas precisas de componentes de (co)variância, valores genéticos e ganhos

genéticos e ainda permite construir intervalos de confiança exatos para as estimativas (intervalos de credibilidade) (Mrode, 2005).

O principal objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros e as tendências genéticas das características peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), circunferência escrotal (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) em um rebanho Angus núcleo fechado utilizando inferência Bayesiana.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 Descrição dos dados

Os dados utilizados são provenientes do Wye Centro de Pesquisa e Educação da Universidade de Maryland (EUA). Foram utilizadas informações de pedigree de 11.692 indivíduos de um rebanho núcleo fechado Aberdeen Angus, nascidos entre 1937 e 2012, para as características peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), circunferência escrotal ao desmame (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) (Tabela 1, Figuras 1 a 6).

Tabela 1: Número de observações (N), média e desvio padrão (SD), valor mínimo (Mín.), valor máximo (Máx.), animais na matriz de parentesco (A^{-1}) e número de grupos contemporâneos (GC) para características peso ao nascimento (PN), peso ajustado aos 205 dias de idade (P205), ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), circunferência escrotal ao desmame (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) de bovinos Aberdeen Angus.

Característica	N	Média	SD	Mín.	Máx.	A^{-1}	N^0 de GC
PN(kg)	8942	33,64	4,41	11,32	56,62	8649	565
P205(kg)	8741	231,11	28,83	80,18	323,44	9005	692
GPND(kg)	8740	0,914	0,13	0,135	1,46	9455	657
CE(cm)	2235	21,36	3,07	2,00	41,00	3413	156
IPP(dias)	2509	792,54	135,74	585,00	1498,00	1903	216
IDP(dias)	5237	386,92	93,61	300,00	1153,00	2913	117

2.2 Técnicas

Os componentes de (co) variância e os valores genéticos foram estimados através de modelo uni e bi-característicos Bayesiano, utilizando o software GIBBS3F90 conforme descrito por Misztal, (2012). Os grupos de contemporâneos foram formados por animais do mesmo sexo e nascidos na mesma estação de nascimento (mês e ano). Grupos de contemporâneos com menos de cinco animais foram excluídos das análises.

Para as características PN, P205 e GPND foram utilizados modelos que incluíram os efeitos aleatórios genéticos (direto e materno) e de ambiente permanente da vaca, a co-variável idade da vaca (linear e quadrática) e o efeito de grupos de contemporâneos.

Para a CE, modelo semelhante foi utilizado, com adição da idade do animal como co-variável (linear).

Matricialmente o modelo utilizado para PN, P205, GPND e CE pode ser descrito como:

$y = X\beta + Za + Mm + Wep + e;$

Em que:

y = vetor de observações da variável dependente (PN, P205, GPND e CE);

β = vetor do grupo de contemporâneos, associados a y através da matriz de incidência de X;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associados a y através da matriz de incidência Z;

m = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo materno, associados a y através da matriz de incidência M;

ep= vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente da vaca, associados a y através da matriz de incidência W;

e= vetor dos efeitos residuais.

Para o intervalo de partos, os mesmo efeitos foram incluídos, com adição do efeito de ambiente permanente do animal.

Para IDP o modelo matricial foi:

$y=X\beta+Za+Wep+e$;

Em que:

y = vetor de observações da variável dependente (IDP);

β = vetor do grupo de contemporâneos, associados a y através da matriz de incidência de X;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associados a y através da matriz de incidência Z;

ep= vetor dos efeitos aleatórios de ambiente permanente do animal, associados a y através da matriz de incidência W;

e= vetor dos efeitos residuais.

O modelo para a idade ao primeiro parto incluiu apenas o efeito genético direto e o efeito de grupo de contemporâneos.

Para a característica IPP, o modelo matricial foi:

$y = X\beta + Za + e$;

em que;

y = vetor de observações da variável dependente (IPP);

β = vetor do grupo de contemporâneos, associados a y através da matriz de incidência de X;

a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto do animal, associados a y através da matriz de incidência Z;

e= vetor dos efeitos residuais.

As análises bivariadas entre as características de crescimento (PN, P205 e GPND) utilizou um modelo com efeito genético direto, co-variável idade da vaca (linear e quadrática) e o efeito de grupo de contemporâneos. Os efeitos, materno e de ambiente permanente, foram retirados por dificuldades na convergência. Matricialmente o modelo bivariado pode ser assim descrito:

$$\begin{bmatrix}\gamma 1\\ \gamma 2\end{bmatrix} = \begin{bmatrix}x1\beta 1 + Z1a1\\ x2\beta 2 + Z2a2\end{bmatrix} + \begin{bmatrix}e1\\ e2\end{bmatrix}$$

onde:

γi= vetor da variável dependente;

βi= vetor de efeitos de grupos de contemporâneos (vetor de parâmetros);

xi= matriz de incidência que relaciona o vetor de parâmetros ao vetor da variável dependente;

ai= vetor de efeitos aleatórios genéticos;

Zi= matriz de incidência que relaciona o vetor de parâmetros ao vetor da variável dependente;

ei= vetor de erros aleatórios.

Para a análise bayesiana o modelo mais completo utilizado seguiu as seguintes pressuposições, assumindo que a distribuição dos dados (b,a,c,e) é normal multivariada:

$$y|b,a,m,pm,e \sim N(Xb + Za + Mm + Wem + Ie); a|\sigma^2 a \sim N(0, A\sigma^2 a); m|\sigma^2 m \sim N(0, A\sigma^2 m); ep|\sigma^2 pm \sim N(0, IV\sigma^2 ep); e|\sigma^2 e \sim N(0, IN\sigma^2 e)$$

Em que: σ^2_a, σ^2_m, σ^2_{ep} e σ^2_e são componentes de variância genético aditivo direto, materno, de ambiente permanente e residual; *A* é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco e *I* é a matriz identidade de ordem igual ao número de animais com observações.

Na análise Bayesiana os efeitos inclusos no modelo são considerados variáveis aleatórias. Para o valor de *b* assumiu distribuição *a priori* informativa com base em valores referências de bibliografias para a raça em estudo.

As estimativas das tendências genéticas, diretas e maternas, para as características avaliadas foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos) sobre o ano de nascimento, obtidas pelo procedimento PROC REG SAS (SAS, 2002).

Para todas as características foi utilizado única cadeia de 200.000 interações, com um período de descarte ("*burn-in*") com 20.000 interações, e um intervalo de amostragem ("*thinning"*) de 50. A convergência da cadeia de Gibbs foi testada através do critério de Geweke. Tal critério é um diagnóstico de convergência para Cadeias de Markov baseados no teste de igualdade de médias da primeira e última parte da cadeia de Markov (geralmente dos primeiros 10% e dos últimos 50%). A convergência do algoritmo foi verificada a um nível de significância de 5% para o teste, sob a hipótese nula Ho. Neste caso, o teste considera Ho como convergência da cadeia, ou seja, não deseja-se rejeitar Ho, portanto quanto maiores os valores de p-valor (acima de 0,05) mais próximos da convergência está a cadeia (Geweke ,1992).

As estatísticas descritivas e intervalo de credibilidade e /ou de alta densidade foram obtidos utilizando o pacote BOA do software R. O intervalo de alta densidade proporciona um intervalo que inclui 95% da amostra. Além de ser uma medida de confiabilidade, este intervalo pode também ser aplicado à distribuição não-simétrica (Hyndman, 1996).

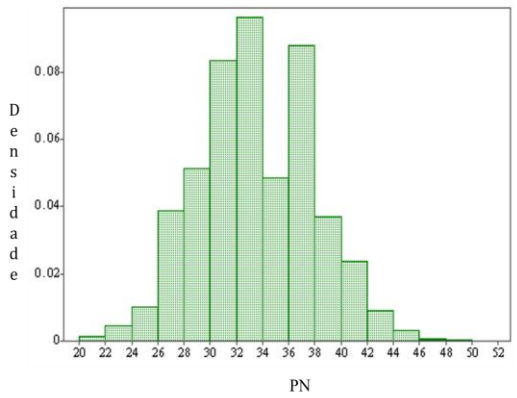

Figura 1. Histograma da característica peso ao nascimento (PN).

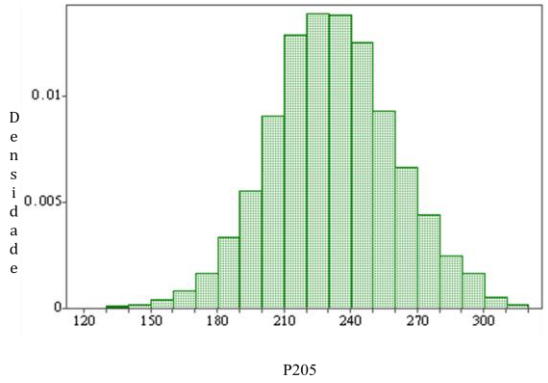

Figura 2. Histograma da característica peso aos 205 dias de idade (P205).

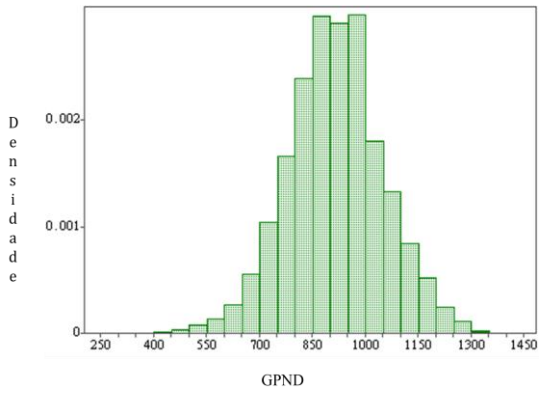

Figura 3. Histograma da característica ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND).

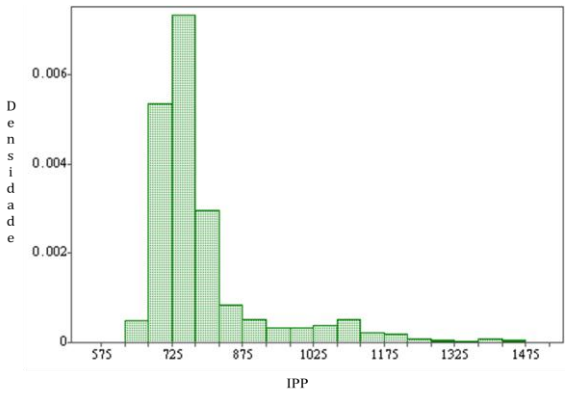

Figura 4. Histograma da característica idade ao primeiro parto (IPP).

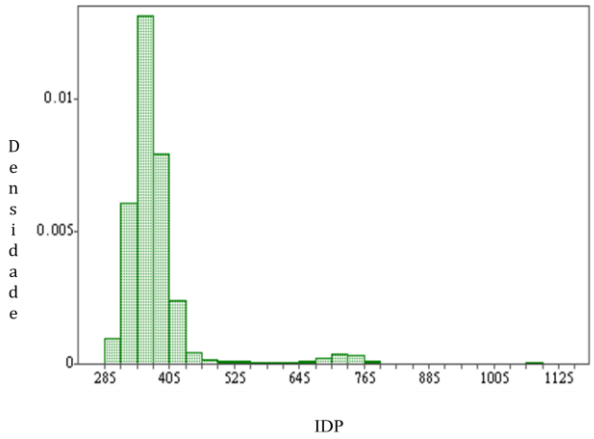

Figura 5. Histograma da característica intervalo de partos (IDP).

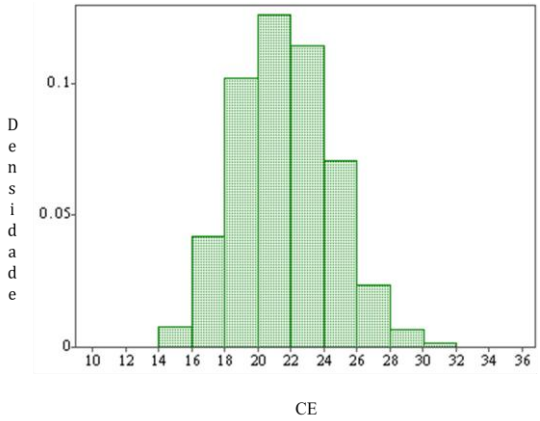

Figura 6. Histograma da característica circunferência escrotal (CE).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias, medianas e modas das estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as características de crescimento (Tabela 2, Figuras 7 a 15) e circunferência escrotal (Tabela 3 , Figuras 16 a 18) foram próximas. Isto está de acordo com Carlin & Louis (2009), que afirmam que valores semelhantes são esperados para uma densidade marginal *a posteriori* que segue uma distribuição normal. De acordo com Wright *et al*. (2000), a moda é a medida de posição mais apropriada para distribuições *a posteriori* porque reflete melhor os valores de frequência mais altos (“*maximum distribution”*). Assim, usaremos os valores modais para descrever os parâmetros destas características. Por outro lado, as características idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) apresentaram resultados diferentes para as medidas de posição (Tabela 3) e distribuições não simétricas (Figuras 19 a 21).

A magnitude das estimativas dos coeficientes de herdabilidade para PN (0,38), P205 (0,27), GPND (0,22) e CE (0,35) indicam possibilidade de obtenção de ganho genético através de seleção direta. Entretanto, a seleção direta para maiores valores de peso ao nascimento não traria benefícios, já que um maior peso ao nascimento poderia acarretar problemas ao parto. Por outro lado, a seleção para valores mais baixos de PN não se justificaria, já que neste aspecto, a raça Angus é mundialmente famosa por produzir bezerros com baixo peso ao nascimento e consequentemente grande facilidade ao parto.

O valor da herdabilidade direta para PN (0,38) é próxima à estimada por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,37) no mesmo rebanho Wye Angus, usando o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e por Souza et al. (2007) (0,36) para a raça Angus no Brasil. Valores inferiores foram relatados por Cardoso et al. (2001) (0,27) e Weber et al. (2009) (0,27), trabalhando com bovinos Angus no sul do Brasil e por Brandt et al. (2010) (0,23) com dados de bovinos German Angus na Alemanha. Por outro lado, MacNeil (2003) relatou herdabilidade direta para PN igual a 0,49 em uma população de bovinos (1/2 Red Angus, 1/4 Charolês e 1/4 Tarentaise) nos EUA.

A estimativa para herdabilidade direta para P205 (0,27), é próxima ao valor estimado por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,28) utilizando REML e superior aos

relatados por Everling et al. (2001) (0,23), em seu estudo com dados de produtos do cruzamento entre Angus e Nelore, por Weber et al. (2009) (0,24) que trabalharam com bovinos Aberdeen Angus no sul do Brasil, e por Brandt et al. (2010) (0,12) em bovinos German Angus na Alemanha. Contudo, muito inferior aos coeficientes estimados em bovinos Aberdeen Angus por Kaps et al. (2000) (0,53) e Souza et al. (2007) (0,56).

Tabela 2. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade *a posteriori* (IC) e erro de Markov dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias (P205), peso ao nascimento (PN) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), obtidos através do Amostrador de Gibbs, para o rebanho Wye Angus.

Característica	Parâmetros	Média	DP	Mediana	Moda	IC		Erro de Markov
						Limite Inferior	Limite Superior	
PN	σ^2_a	6,51	0,71	6,49	6,48	5,19	7,99	0,020
	σ^2_m	2.01	0,39	2,00	2,02	1,23	2,76	0,019
	σ_{am}	-0,61	0,37	-0,60	-0,76	-1,41	0,06	0,011
	σ^2_{pe}	0,69	0,20	0,68	0,71	0,31	1,13	0,007
	σ^2_r	7,42	0,38	7,44	7,49	6,63	8,12	0,010
	σ^2_p	16,65	0,54	16,63	16,43	15,60	17,70	0,017
	h^2_d	0,39	0,03	0,39	0,38	0,32	0,45	0,001
	h^2_m	0,12	0,02	0,12	0,12	0,07	0,16	0,001
	Cor_{dm}	-0,16	0,09	-0,16	-0,17	-0,35	0,00	0,002
P205	σ^2_a	158,78	20,79	157,72	152,72	118,57	199,90	1,233
	σ_{am}	12,90	13,11	13,39	11,95	-13,24	38,18	0,684
	σ^2_m	97,31	19,39	95,69	87,84	60,52	134,23	1,506
	σ^2_{pe}	65,24	10,53	65,04	63,47	45,64	86,36	0,530
	σ^2_r	260,98	11,55	261,17	265,53	237,98	283,43	0,572
	σ^2_p	582,32	18,51	581,29	588,42	546,89	618,28	0,954
	h^2_d	0,27	0,03	0,27	0,27	0,21	0,33	0,001
	h^2_m	0,16	0,03	0,16	0,16	0,10	0,22	0,002
	Cor_{dm}	0,11	0,11	0,11	0,10	-0,11	0,32	0,006
GPND	σ^2_a	2703,78	382,74	2689,26	2681,20	1967,87	3470,16	18,96
	σ^2_m	1561,87	294,17	1547,56	1548,9	994,21	2128,52	17,08
	σ_{am}	-731,82	271,14	-724,38	-710,00	-1292,9	-234,94	16,75
	σ^2_{pe}	2284,36	222,70	2282,19	2245,19	1853,37	2733,63	8,40
	σ^2_r	5496,67	221,50	5503,84	5513,87	5093,26	5967,65	9,36
	σ^2_p	12046,69	378,94	12035,69	12060,50	11335,89	12824,10	17,80
	h^2_d	0,22	0,02	0,223	0,227	0,169	0,275	0,001
	h^2_m	0,129	0,02	0,128	0,129	0,087	0,172	0,001
	Cor_{dm}	-0,352	0,10	-0,355	-0,347	-0,567	-0,143	0,006

(1) σ^2_a é a variância genética aditiva, σ^2_m é a variância genética materna, σ_{am} é a covariância entre os efeitos direto e materno, σ^2_{pe} é a variância de ambiente permanente, σ^2_r é a variância residual, σ^2_p é a variância fenotípica, h^2 é a herdabilidade direta, h^2_m é a herdabilidade materna, e Cor_{dm} é a correlação genética entre os efeitos direto e materno.

A estimativa para herdabilidade direta para GPND (0,22) é próximo dos valores obtidos por Cardoso et al. (2001) (0,25) e Weber et al. (2009) (0,26), em seus trabalhos com Angus no Rio Grande do Sul, e por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,26) ao trabalhar nos EUA com o mesmo rebanho Wye Angus. Valores inferiores foram relatados por Corrêa et al., 2006 (0,17) e Fernandes et al., 2002 (0,12) em seus trabalhos com Devon

e Charolês, respectivamente. Guterres et al. (2006) e Guterres et al. (2007), trabalhando com dados de rebanhos Aberdeen Angus e Brangus no Brasil, encontraram herdabilidades variando entre 0,19 e 0,55.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade materna para o peso ao nascimento foi baixa (0,12), valor muito próximo aos 0,11 relatados por MacNeil (2003) em seu trabalho com animais cruzados Red Angus-Charolês-Tarentaise nos EUA, porém, inferior ao relatado por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,18) que também trabalharam com dados do rebanho Wye Angus, e ao relatado por Brandt et al. (2010) (0,18) que trabalharam com dados de um rebanho German Angus na Alemanha.

A herdabilidade para o efeito materno P205 (0,16) foi baixa, então, a seleção de matrizes para aumento da habilidade materna teria ganho inferior a seleção para o efeito direto. Valor inferior foi relatado por Weber et al. (2009) (0,11) em seu trabalho com bovinos Angus no RS, por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,10), que trabalharam com o mesmo rebanho Wye Angus através da metodologia frequentista REML, e por Brandt et al. (2010) (0,08) que utilizaram dados de bovinos German Angus na Alemanha. Por outro lado, valores superiores ao encontrado neste estudo foram relatados por Araújo et al. (2010) (0,19) e Everling et al. (2001) (0,29), ambos trabalhando com animais cruzados Angus-Nelore; e por Lopes et al. (2009) (0,20) que trabalharam com dados de bovinos Brangus.

A correlação genética negativa (-0,17) entre os efeitos direto e materno para PN, concorda com os resultados obtidos com bovinos Charolês por Fernandes et al., 2002 (-0,57), e Aberdeen Angus por Weber et al., 2009 (-0,30), Carrillo et al. (2011) (-0,08), e Carrillo & Siewerdt (2012) (-0,02). Estes dois últimos trabalhos foram realizados com o mesmo banco de dados Wye Angus. Porém, valor positivo foi relatado em bovinos da raça German Angus na Alemanha por Brandt et al. (2010) (0,32).

A correlação genética entre os efeitos genéticos direto e materno (0,11) para P205 indica uma quase ausência de correlação entre estes dois efeitos. Este valor de correlação entre os efeitos direto e materno é bem inferior aos 0,62 relatado por Weber et al. (2009), e aos 0,50 relatados por Brandt et al. (2010). Entretanto, valores negativos de correlação entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno para P205 são frequentemente relatados na literatura: Marques et al. (2000) (-0,17), Everling et al. (2001) (-0,45), Corrêa et al. (2006) (-0,29), Souza et al. (2007) (-0,83), Araújo et al.

(2010) (-0,79), Carrillo et al. (2011) (-0,10) e Carrillo & Siewerdt (2012) (-0,10). Cabrera et al. (2001), Ribeiro et al. (2001) e Bolingon et al. (2012) afirmam que os valores negativos encontrados para esta correlação são mais em função de problemas com dados, metodologias e modelos, do que causas biológicas. Neste aspecto, acreditamos que o valor positivo obtido neste estudo seja fruto da profundidade do pedigree do rebanho Wye Angus, através do alto número de gerações conhecidas. Vale ressaltar que o desvio padrão da Cor_{dm} P205 (0,11) foi igual a sua respectiva média (0,11) e muito próxima da moda (0,10). O intervalo de credibilidade, ou o intervalo de alta densidade *a posteriori* para P205 foi bastante largo, variando de -0,11 a 0,32, o que dificulta a interpretação e reduz a confiabilidade na utilização desta estimativa. As recomendações de Lôbo et al. (2000), de utilizar covariância igual a zero entre os efeitos genéticos direto e materno pode ser um boa estratégia para estimativa dos parâmetros genéticos, enquanto ou quando estimativas duvidosas desta covariância forem geradas.

A herdabilidade materna para GPND foi 0,12, demonstrando menor resposta a seleção para este efeito. Este valor é inferior aos 0,21 relatado por Weber et al. (2009) em seu trabalho com bovinos Aberdeen Angus no sul do Brasil, entretanto, é próxima aos 0,11 estimados (REML) por Carrillo & Siewerdt (2012) em seu trabalho com este mesmo banco de dados. Além disso, a estimativa da correlação entre os efeitos genético direto e materno foi negativa (-0,35). Valores negativos para correlação genética aditivo-materna para GPND também foram relatados em bovinos Aberdeen Angus nos EUA por Carrillo et al. (2011) (-0,19) e Carrillo & Siewerdt (2012) (-0,20), e em bovinos Angus no Brasil por Weber et al. (2009) (-0,39). Contudo, similar às características PN e P205, devemos salientar o largo intervalo de credibilidade para o parâmetro e a dificuldade de interpretação desta estimativa.

A estimativa para herdabilidade direta para CE (0,35) é próxima ao relatado por Carrillo & Siewerdt (2012) (0,33) usando REML no rebanho Wye Angus. A magnitude da estimativa deste parâmetro indica que esta característica sofre limitada influência do ambiente, possibilitando a utilização da CE como critério de seleção com foco principalmente na qualidade do sêmen e libido. Além disso, alguns autores afirmam que a circunferência escrotal é correlacionada favoravelmente com idade à puberdade e com idade ao primeiro parto, podendo-se obter bons resultados ao selecionar indiretamente perímetro escrotal (Oliveira et al., 2007). Diversos autores relatam herdabilidade de magnitude média-alta para circunferência escrotal (CE) em diversas raças, entre elas,

Aberdeen Angus (EUA) (Knights et al., 1984), Nelore (Yokoo et al., 2007), Canchim (Gianlorenço et al., 2003), Hereford (Brasil) (Oliveira et al., 2004) e Hereford (EUA) (Evans et al., 1999). Atualmente, a medida do perímetro escrotal é uma das características mais utilizadas como critério de seleção para melhorar a eficiência reprodutiva em gado de corte, principalmente por ser de fácil mensuração e por apresentar magnitude de herdabilidade de média a alta (Silva et al., 2000; Pereira et al., 2002; Gianlorenço et al., 2003).

Tabela 3. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade (IC) e erro de Markov dos componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para circunferência escrotal (CE), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo entre partos (IDP), obtidos através do Amostrador de Gibbs para o rebanho Wye Angus.

Característica	Parâmetros	Média	DP	Mediana	Moda	IC		Erro de Markov
						Limite Inferior	Limite Superior	
CE	σ^2_a	2,04	0,34	2,03	1,95	1,40	2,74	0,009
	σ^2_m	1,88	0,47	1,88	1,85	0,97	2,80	0,037
	σ_{am}	-1,50	0,45	-1,52	-1,47	-2,42	-0,67	0,033
	σ^2_{pe}	0,23	0,20	0,18	0,01	0,00	0,63	0,019
	σ^2_r	1,57	0,20	1,58	1,58	1,16	1,96	0,004
	σ^2_p	5,73	0,52	5,73	5,58	4,70	6,72	0,034
	h^2_d	0,35	0,04	0,35	0,35	0,26	0,43	0,001
	h^2_m	0,32	0,06	0,33	0,34	0,20	0,43	0,005
	Cor_{dm}	-0,75	0,13	-0,78	-0,83	-0,96	-0,49	0,011
IPP	σ^2_a	230,46	137,08	203,78	146,24	24,49	485,57	13,291
	σ^2_r	9361,51	291,84	9357,15	9358	8774,37	9928,65	8,452
	σ^2_p	9591,97	280,42	9588,54	9595	9084,26	10164,17	5,658
	h^2_d	0,02	0,01	0,02	0,01	0,002	0,05	0,001
IDP	σ^2_a	314,87	126,85	304,95	337,24	83,44	559,20	8,518
	σ^2_{pe}	100,77	91,80	75,76	1,17	0,110	281,24	8,141
	σ^2_r	11497,95	248,63	11493,7	11506,07	11025,03	11980,58	6,627
	σ^2_p	11913,6	234,29	11913,11	11942,79	11463,23	12359,84	4,453
	h^2_d	0,02	0,01	0,02	0,02	0,007	0,046	0,000
	R	0,03	0,01	0,03	0,03	0,014	0,058	0,000

(1)σ^2_a é a variância genética aditiva, σ^2_m é a variância genética materna, σ_{am}é a covariância entre os efeitos direto e materno,σ^2_{pe} é a variância de ambiente permanente, σ^2_r é a variância residual, σ^2_p é a variância fenotípica, h^2 é a herdabilidade direta, h^2_m é a herdabilidade materna, Cor_{dm}se refere a correlação genética entre os efeitos direto e materno, e R é a repetibilidade.

A estimativa para herdabilidade direta (moda) para a característica IPP (0,01) foi próxima a zero, indicando pequena possibilidade de progresso genético através de seleção direta. Os baixos valores para herdabilidade direta de IPP relatados na literatura (Talhari et al., 2003; Pereira et al., 2001; Vergara et al., 2009) indicam que IPP sofre grande influência do desvio de ambiente e de efeitos não aditivos. Dados da literatura relatam que vários são os fatores que podem contribuir para a baixa herdabilidade da

característica idade ao primeiro parto tais como: interferência do manejo, entrada tardia das fêmeas em reprodução, curta duração da estação de monta (Silveira et al.,2004 e Dias et al. 2004). O rebanho Wye Angus possui algumas peculiaridades de manejo reprodutivo que podem ter contribuído para esta baixa estimativa. A principal delas é que nos últimos 30-40 anos, as novilhas começaram a ser expostas com menos de um ano de idade, com a maioria das novilhas parindo entre 650 e 750 dias de idade (Figura 4). Contudo, as novilhas que não emprenharam na primeira estação de monta, permanecem um ano vazias, tendo uma nova oportunidade somente na próxima estação de monta. Este manejo pode contribuir com uma grande inflação da variância ambiental, reduzindo o valor da herdabilidade. A utilização de modelos com dados censurados/penalizados podem auxiliar na estimativa deste parâmetro.

Valores próximos ao encontrado nesse estudo para IPP foram relatados por Pereira et al. (2010) (0,08) e Malhado et al. (2010) (0,05), ambos trabalhando com dados de rebanhos Nelore no Brasil. Valores superiores para herdabilidade direta foram apresentados por Gutierrez et al. (2002) (IPP=0,23; IDP=0,12), Goyache & Gutierrez (2001) (IPP=0,27; IDP=0,12) com dados de rebanhos da raça Asturiana de los Valles estimados através da metodologia frequentista da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), e por Vergara et al. (2009) (0,15) em seu trabalho com bovinos Angus e cruzados Angus-Zebu na Colômbia. Também trabalhando com metodologia frequentista, Bormann & Wilson (2010) estimaram herdabilidade direta de 0,28 em bovinos Angus nos EUA através de um modelo sem o efeito materno, entretanto, este valor subiu para 0,66 quando este efeito foi incluído no modelo devido ao aumento das variâncias genéticas.

A estimativa de herdabilidade direta para IDP também foi próxima de zero (0,02), indicando falta de variabilidade para seleção direta. Valores superiores para herdabilidade direta foram apresentados por Gutierrez et al. (2002) (0,12), Goyache & Gutierrez (2001) (0,12) com dados de rebanhos da raça Asturiana de los Valles estimados através da metodologia frequentista da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), e por Vergara et al. (2009), que relataram valor igual a 0,11 para intervalo entre o 1º e o 2º parto, e 0,18 para o intervalo entre o 2º e o 3º parto de vacas da raça Angus e cruzados Angus-Zebu na Colômbia. O baixo valor de herdabilidade direta para IDP obtido neste estudo indica que esta característica é fortemente influenciada por condições ambientais, consequentemente, melhorias em nutrição e manejo reprodutivo

teria, provavelmente, um impacto maior na redução dos valores de IDP do que a seleção genética. O rebanho Wye Angus têm um manejo reprodutivo no qual as novilhas que não emprenharem durante a estação de monta, ficam um ano vazias e voltam a ser inseminadas/cobertas no próximo ano.

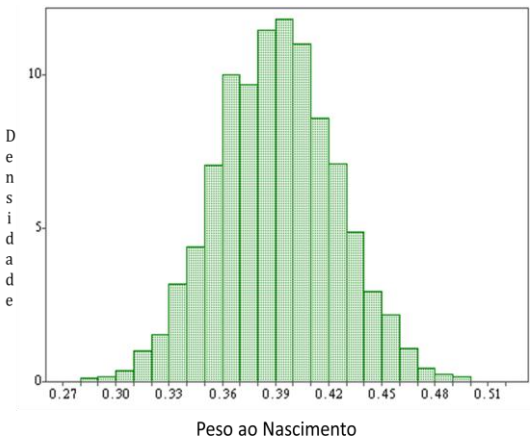

Figura 7. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para PN de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

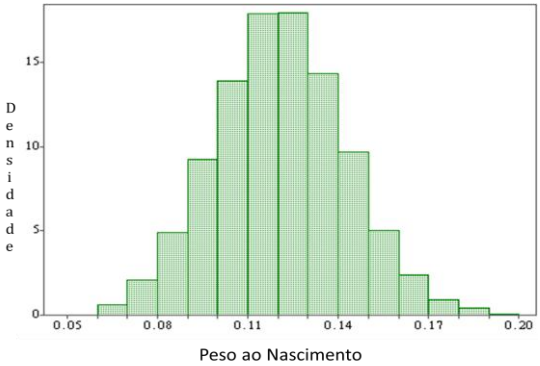

Figura 8. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para PN de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

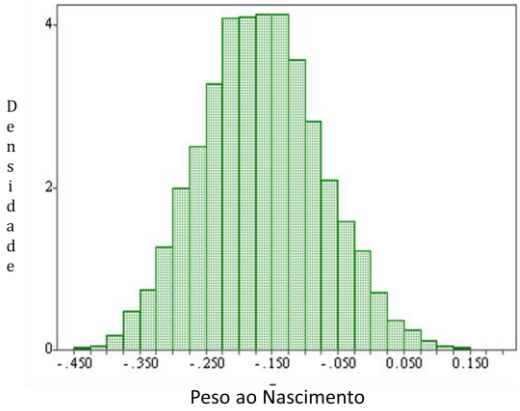

Figura 9. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para PN de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

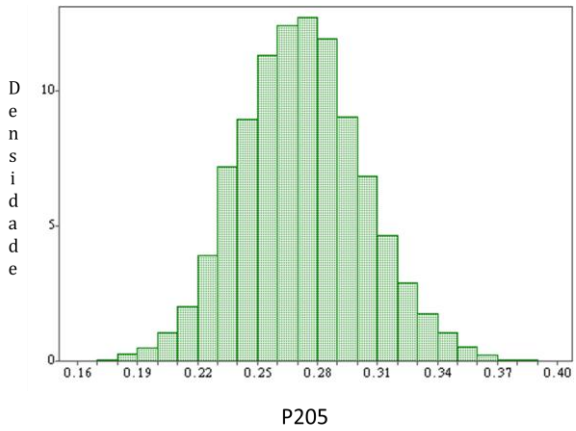

Figura 10. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

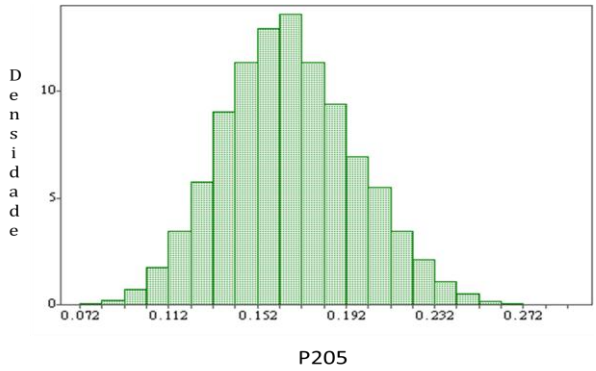

Figura 11. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

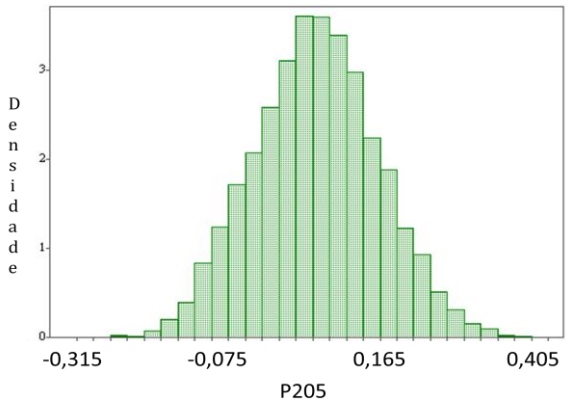

Figura 12. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

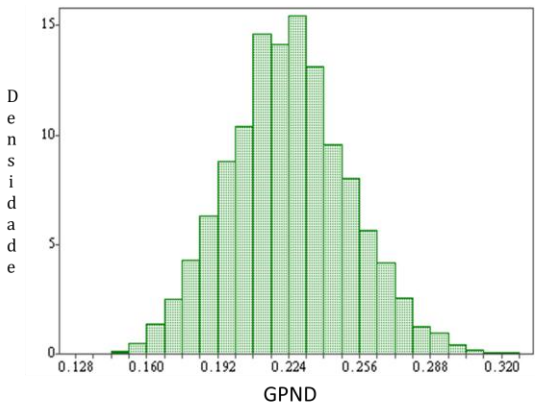

Figura 13. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

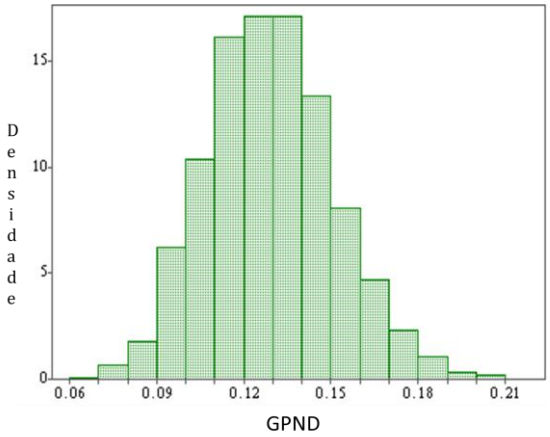

Figura 14. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

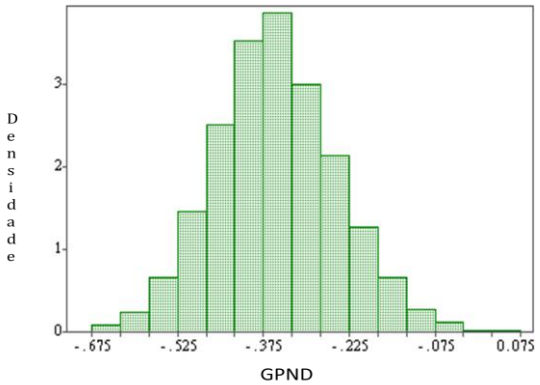

Figura 15. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

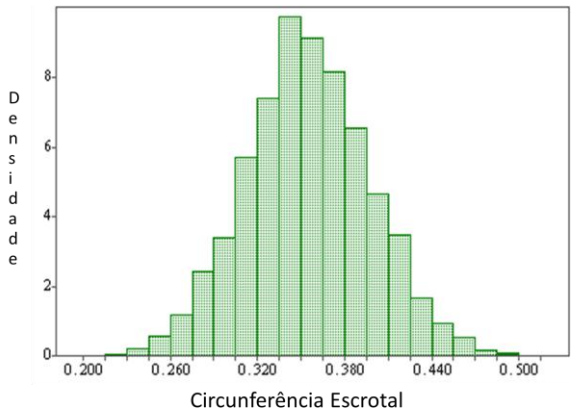

Figura 16. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para CE de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

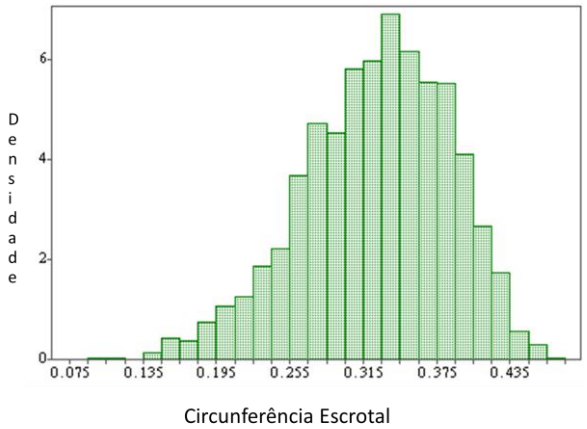

Figura 17. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade materna para CE de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

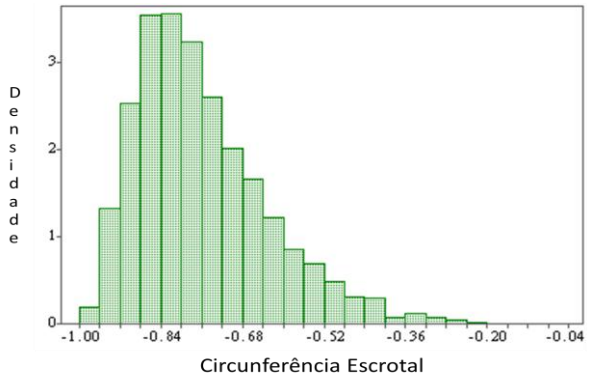

Figura 18. Distribuição *a posteriori* para correlação genética direta-materna para CE de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

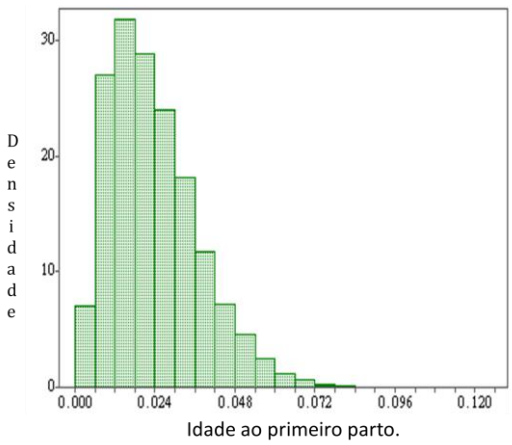

Figura 19. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade direta para IPP de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

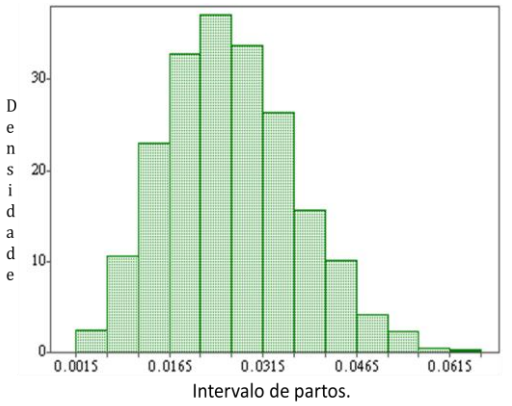

Figura 20. Distribuição *a posteriori* para herdabilidade para IDP de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

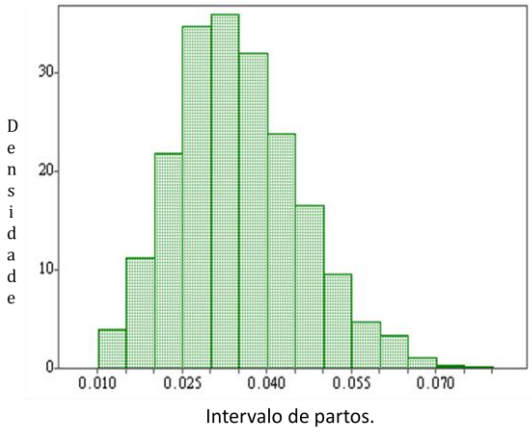

Figura 21. Distribuição *a posteriori* para repetibilidade para IDP de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

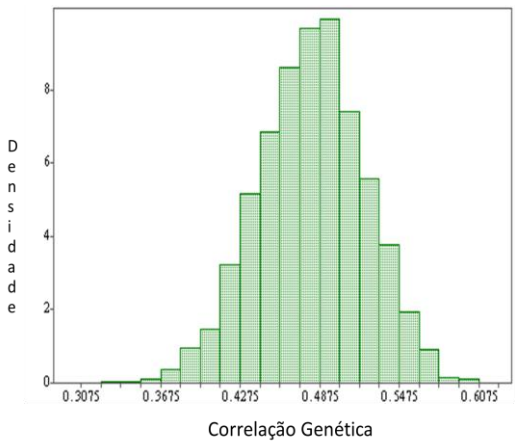

Figura 22. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre PN e P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

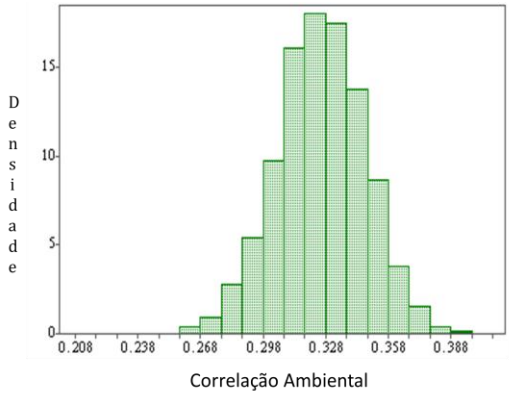

Figura 23. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre PN e P205 de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

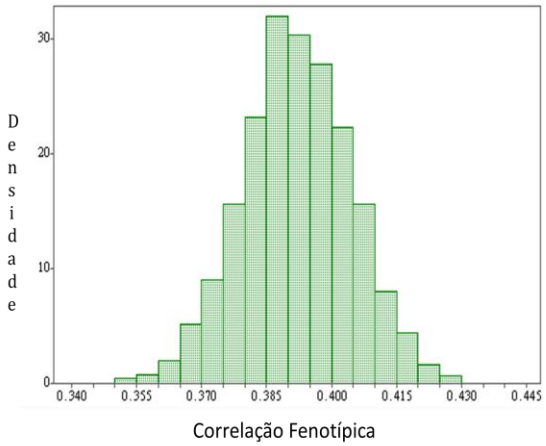

Figura 24. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípíca entre PN e P205 de Bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

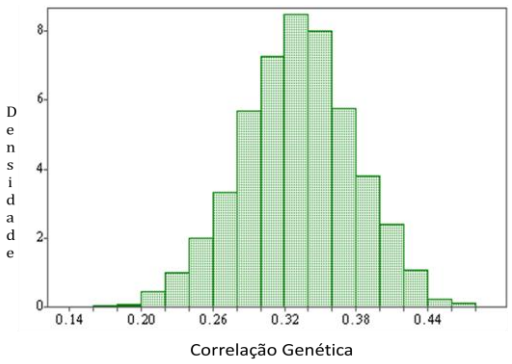

Figura 25. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre PN e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

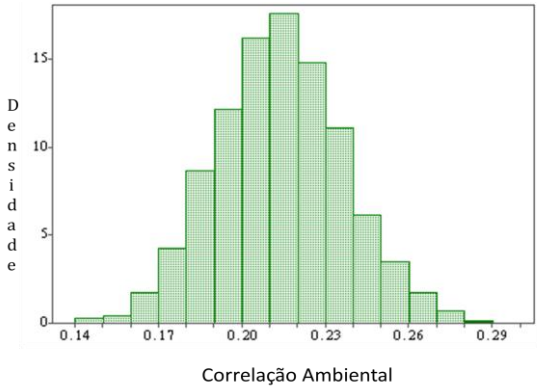

Figura 26. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre PN e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

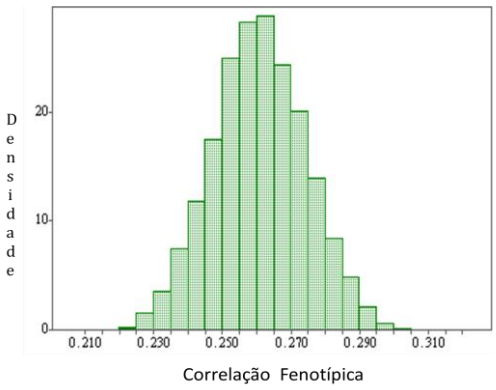

Figura 27. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípica entre PN e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

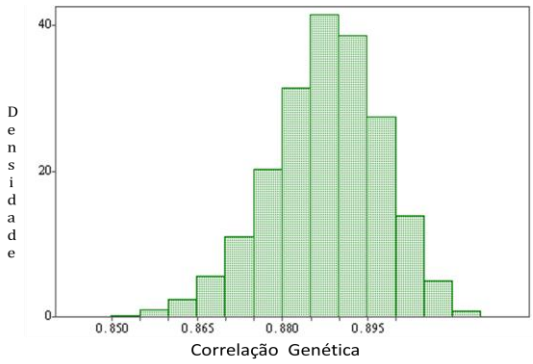

Figura 28. Distribuição *a posteriori* para correlação genética entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

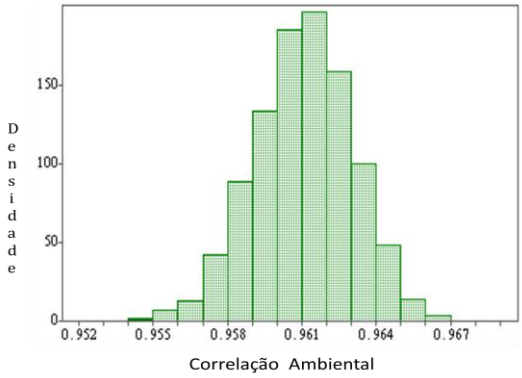

Figura 29. Distribuição *a posteriori* para correlação ambiental entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

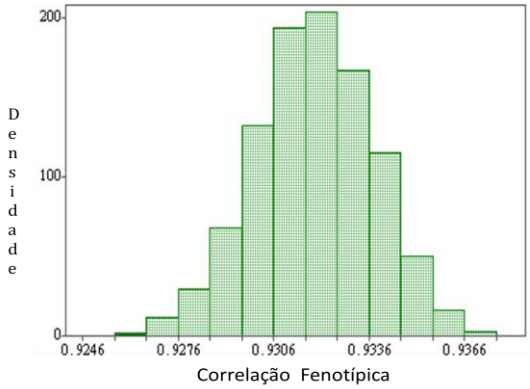

Figura 30. Distribuição *a posteriori* para correlação fenotípica entre P205 e GPND de bovinos Angus, estimados por inferência Bayesiana.

A correlação genética entre PN e P205 foi de média magnitude (0,48), assim, a seleção para maior peso à desmama (P205) implica em moderado incremento de PN, o que não seria vantajoso no que diz respeito o manejo reprodutivo, já que um maior peso ao nascer poderia ocasionar problemas ao parto. Este resultado está de acordo com os relatados por Meyer (1993) e Robinson (1996), trabalhando, respectivamente, com dados de Hereford e Angus, na Austrália, que encontraram correlações genéticas de média magnitude (0,56 e 0,61, respectivamente) entre PN e P205. Valor muito superior (0,83) foi relatado em bovinos Nelore por Martins et al. (2000). Entretanto, outros autores encontraram correlações baixas entre PN e peso à desmama em bovinos Nelore (Eler et al., 1995) e Angus (Cardoso et al., 2001).

Tabela 4. Médias, desvio padrão (DP), mediana, moda, intervalo de credibilidade (IC) das correlações genéticas (CORRG), ambientais (CORRE) e fenotípicas (CORRF) entre peso ao nascimento (PN) e peso aos 205 dias de idade (P205), peso ao nascimento (PN) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), e peso aos 205 dias de idade (P205) e ganho de peso do nascimento ao desmame (GPND), obtidos através do Amostrador de Gibbs, em bovinos Aberdeen Angus.

Parâmetros	Média	DP	Mediana	Moda	IC		Erro de Markov
					Limite Inferior	Limite Superior	
CORRG PN e P205	0,48	0,04	0,48	0,48	0,404	0,562	0,001
CORRE PN e P205	0,32	0,02	0,32	0,32	0,283	0,367	0,000
CORRF PN e P205	0,39	0,01	0,39	0,39	0,366	0,416	0,000
CORRG PN e GPND	0,33	0,04	0,33	0,33	0,238	0,426	0,001
CORRE PN e GPND	0,21	0,02	0,21	0,21	0,170	0,260	0,000
CORRF PN e GPND	0,26	0,01	0,26	0,26	0,234	0,286	0,000
CORRG P205 e GPND	0,88	0,009	0,88	0,88	0,868	0,906	0,000
CORRE P205 e GPND	0,96	0,002	0,96	0,96	0,957	0,964	0,000
CORRF P205 e GPND	0,93	0,002	0,93	0,93	0,928	0,935	0,000

A correlação genética entre PN e GPND foi baixa (0,33) demonstrando pequena associação entre as duas características. Assim, a seleção para GPND acarretará pequena resposta correlacionada no PN. A maior magnitude da correlação entre PN e P205 em relação à PN e GPND era esperada, já que o PN é parte integrante do peso à desmama. Esses resultados suportam o uso do ganho pré-desmama em substituição ao peso ao desmame, quando o produtor/melhorista não deseja o aumento do peso ao nascimento dos animais, o que pode ser vantajoso no que diz respeito a incidência de problemas de distocia e, consequentemente, mortalidade de bezerros e vacas. Valor

superior ao encontrado nesse estudo, foi relatado por Martins et al. (2000) (0,77) em bovinos da raça Nelore. A correlação genética entre o peso aos 205 dias de idade e o ganho de peso diário do nascimento ao desmame foi de alta magnitude (0,88) indicando que a seleção para qualquer uma das características promoverá resposta correlacionada na outra. Valor alto (0,99) para tal correlação também foi apresentado por Martins et al. (2000) que trabalharam com bovinos Nelore no estado do Maranhão.

A correlação ambiental entre PN e P205 e entre PN e GPND foram iguais a 0,32 e 0,21, respectivamente, indicando que os desvios de meio ambiente e os efeitos não aditivos que influenciaram uma das características, também favoreceram em baixa magnitude a outra característica. Valores negativos para as correlações entre PN e P205 e entre PN e GPND (-0,31 e -0,42, respectivamente) foram relatados em bovinos Nelore no nordeste do Brasil (Martins et al., 2000).

A correlação ambiental entre P205 e GPND foi de alta magnitude (0,96). Este valor indica que os desvios de meio ambiente e os efeitos não aditivos influenciaram de forma quase integral e no mesmo sentido ambas características. Valor bastante semelhante (0,99) é relatado por Martins et al.(2000) com dados de zebuínos no Maranhão.

As correlações fenotípicas foram baixas entre PN e P205 (0,39) e entre PN e GPND (0,26), demonstrando que, fenotipicamente, estas características apresentam pequena associação. Por outro lado, a correlação fenotípica entre P205 e GPND (0,93) foi de alta magnitude. Valores próximos aos encontrados neste estudo foram relatados por Martins et al. (2000) (PN e P205=0,33; PN e GPND=020; P205 e GPND=0,99).

Neste trabalho, ressaltamos a qualidade das informações e a profundidade e integridade do pedigree do banco de dados na obtenção das estimativas dos componentes de (co)variância com pequeno erro de Markov (Tabela 2) para grande maioria das características.

A avaliação periódica das estimativas de tendência genética permite verificar a eficiência dos programas de melhoramento genético animal. Seu conhecimento deve ser utilizado na tomada de decisões em relação ao futuro e na verificação da eficácia da escolha dos reprodutores por parte do criador. Uma das formas de se realizar este acompanhamento é por meio da determinação do progresso genético observado em características sob seleção na população (Boligon et al., 2007). A tendência genética é

uma medida que permite avaliar a mudança ocasionada por um processo de seleção para determinadas características ao longo dos anos, sendo a melhor maneira de se observar o progresso genético.

Para a característica PN, a tendência genética (regressão linear) do efeito direto foi significativa (p<0,0001) e igual a 0,029 kg/ano, que equivale a 1,8 kg durante os 63 anos avaliados (Figura 31). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,08% por ano em relação à média da característica. Acreditamos que este ganho genético seja fruto da resposta correlacionada da seleção direta para maior peso ao desmame (P205), já que estas duas características apresentaram correlação média (0,48), e não seria interessante a seleção direta para maior PN, em virtude de possíveis problemas de distocia devido ao maior peso ao nascer dos bezerros. Valores inferiores foram relatados por Weber et al. (2012) (0,017kg/ano), ao estudar uma população de bovinos Aberdeen Angus. Alguns pesquisadores relatam tendências negativas para PN em bovinos Charolês (Fernandes et al.,2002,-10,46 g/ano) e Devon (Corrêa et al., 2006, -2 g/ano), indicando que o peso ao nascimento destes animais tem reduzido com o passar dos anos, provavelmente como resultado da seleção direcionada para a produção de bezerros menores, afim de evitar problemas no parto. Por outro lado, estimativas de tendência genética superiores foram relatadas para PN por Sullivan et al. (1999) para as raças Angus (0,13 kg/ano), Charolês (0,13 kg/ano) e Limousin (0,04kg/ano) e por Mello et al. (2002) para a raça Canchim (46 g/ano).

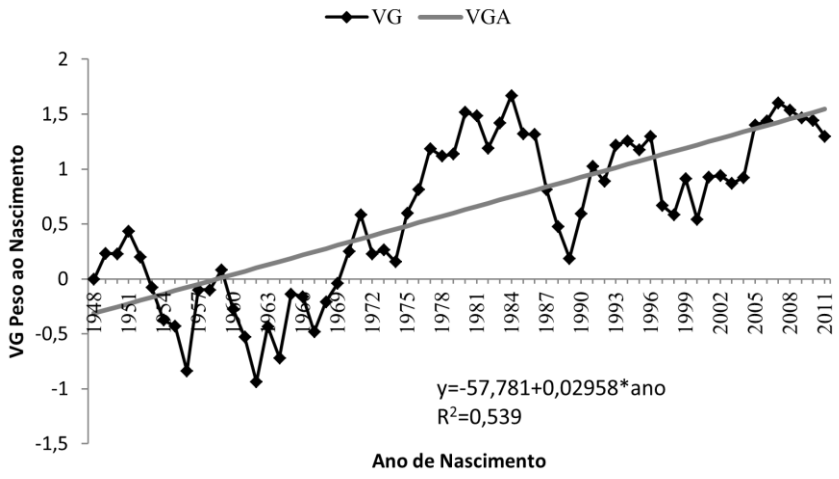

Figura 31: Tendência genética para a característica PN em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

A tendência genética (regressão linear) de efeito direto para a característica P205 foi significativa (p<0,0001) e igual a 0,43 kg/ano, o equivalente a 27,63 kg durante o

período avaliado (63 anos) (Figura 32). Em termos de mudança genética anual, representa incremento de 0,18% da média fenotípica observada por ano. Este incremento anual demonstra a forte seleção realizada, principalmente, no período entre as décadas de 70 e 90. Essa tendência foi quase 10 vezes superior às observadas em bovinos Nelore no nordeste do Brasil por Malhado et al. (2008) e Barbosa (2012) que verificaram ganho genético direto para P205 igual a 0,049 kg/ano e 0,059kg/ano, respectivamente. O valor obtido nesse estudo para tendência genética para P205 também é superior aos relatados com bovinos Tabapuã=0,134kg/ano (Ferraz-Filho et al., 2002), Devon=0,055kg/ano (Corrêa et al., 2006) e Aberdeen Angus= 0,220kg/ano(Weber et al., 2009).

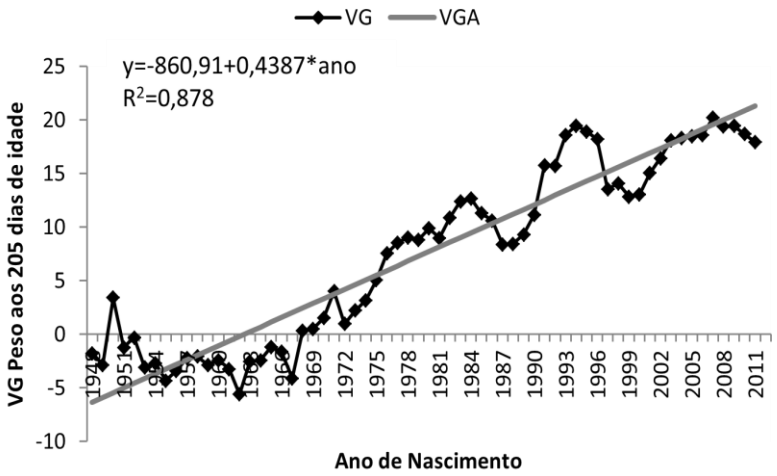

Figura 32: Tendência genética para a característica P205 em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

A tendência genética (regressão linear) de efeito direto para a característica GPND foi significativa ($p<0,0001$) e igual a 1,193 g/ano, o equivalente a 75,16 g durante os 63 anos estudados (Figura 33). Os gráficos das tendências genéticas para GPND e P205 foram bastante semelhantes, o que era esperado já que estas duas características apresentaram alta correlação. Esta tendência ilustra o resultado à seleção com foco no ganho de peso. De acordo com Lingle et al. (2001), os produtores americanos reconheceram a necessidade de focalizar a seleção em características de carcaça e ganho de peso. Anualmente, essa mudança genética representa um incremento anual de 0,13% sobre a média fenotípica observada, ilustrando a existência de ganho genético. Resultado semelhante foi relatado por Laureano et al. (2011) (0,13%) em seus estudos com dados de bovinos Nelore (1984-2006) no estado de São Paulo. Fernandes et al.

(2002) relataram tendência não significativa igual a 0,026% em bovinos da raça Charolês para GNPD.

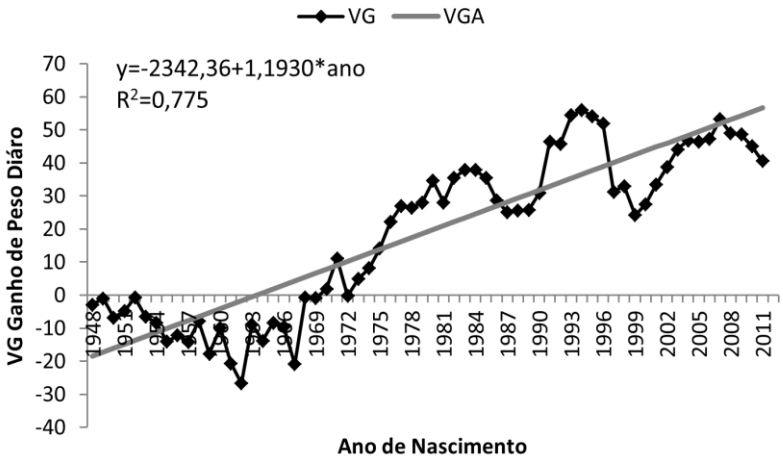

Figura 33: Tendência genética para a característica GPND em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

A tendência genética (regressão linear) de efeito direto para característica perímetro escrotal (CE) foi significativa ($p<0,0001$) e igual a 0,0105 cm/ano, o que equivale a 0,66cm ao longo dos 63 anos do estudo (Figura 34). Este incremento ao longo dos anos, embora moderado, pode ser fruto da seleção direta para CE com o intuito de se obter resultados correlacionados em características reprodutivas, como a precocidade sexual tanto em machos como em fêmeas (IPP) e, principalmente, em características ligadas à qualidade do sêmem e libido do touro. Em termos de mudança genética anual, representa um incremento de 0,049% sobre a média fenotípica de CE observada, demonstrando o ganho genético.

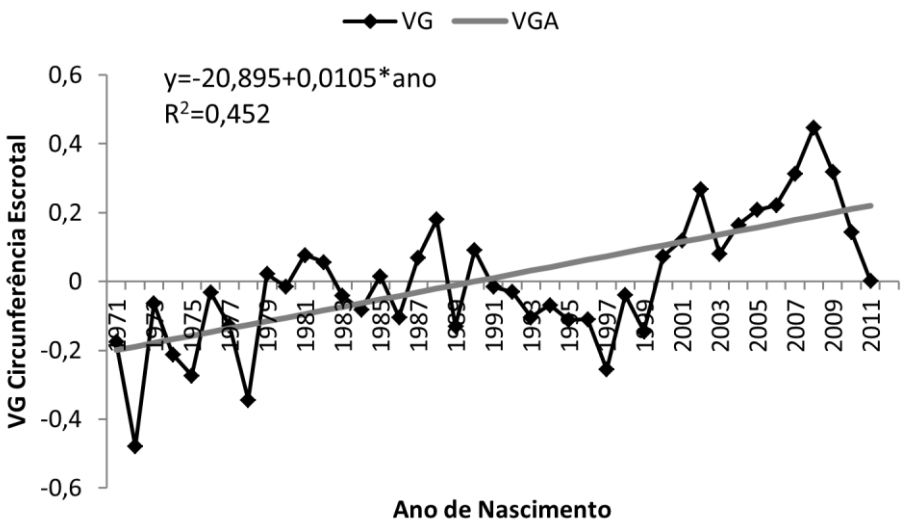

Figura 34: Tendência genética para a característica CE em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1971 a 2011.

A tendência genética (regressão linear) para a característica IPP não foi significativa (p> 0,0767) (Figura 35). Laureano et al. (2011) também encontrou tendência genética nula (-0,003 dias/ano) no período de 1984 a 1995 em um rebanho Nelore no Brasil. Entretanto, de 1996 a 2006, obtiveram melhoras na tendência genética (-3,024 dias/ano), indicando redução considerável em tal característica. Resultados significativos (p<0,0001) foram encontrados por Barbosa (2012) que relata coeficiente de regressão igual -0,0955 dias/ano para a idade ao primeiro parto em bovinos Nelore.

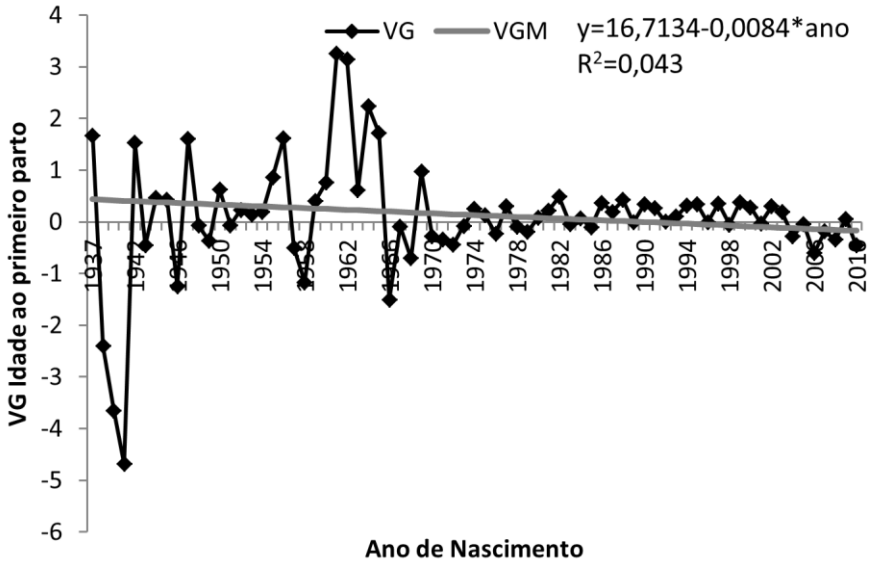

Figura 35: Tendência genética para a característica IPP em bovinos da raça Aberdeen Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1937 a 2010.

A característica intervalo de partos (IDP) apresentou tendência genética (regressão linear) significativa (p<0,0001) para efeito direto , e foi igual a -0,097 dias /ano, o que equivale a -6,15 dias nos 63 anos de estudo (Figura 36). Em termos de mudança genética, representa um decréscimo anual de 0,025% sobre a média fenotípica de IDP. Esse resultado indica que apesar da baixa herdabilidade, existiu algum tipo de seleção (direta ou indireta) para o intervalo de partos. Barbosa (2012) também obteve valor significativo (p<0,0001) para tendência genética para a característica IDP (0,03 dias/ano).

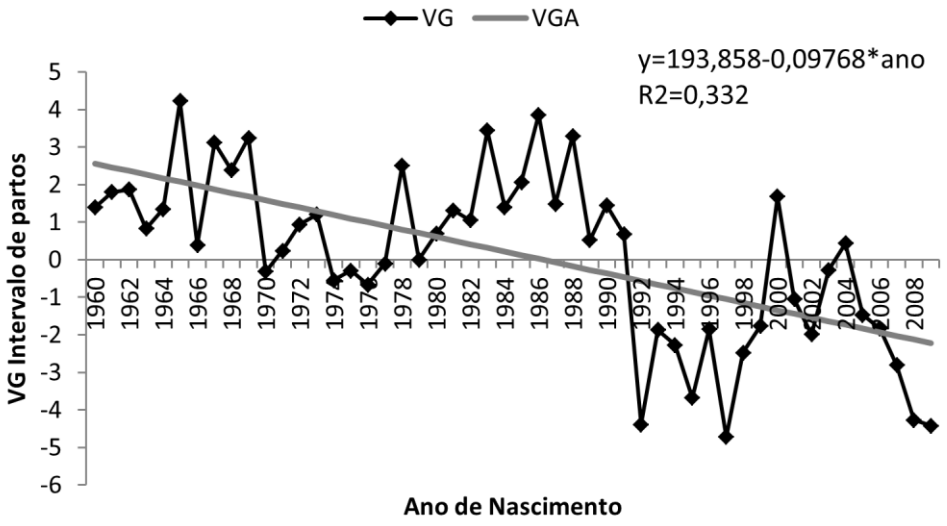

Figura 36: Tendência genética para a característica IDP em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1960 a 2011.

As tendências genéticas para os efeitos maternos (regressão linear) foram significativas (p<0,0001) para as características PN (0,0088 kg/ano ou 8,8 g/ano), P205 (0,3632 kg/ano) e GPND (0,3662 g/ano) (Figuras 37, 38 e 39), indicando também forte seleção para o efeito materno, principalmente, para P205 e GPND. Para CE, a tendência genética (Figura 40) para os efeitos maternos também foi significativa, entretanto ocorreu diminuição de -0,0089 cm/ano, ou seja, estaria ocorrendo diminuição do valor genético das vacas para tal característica com o passar dos anos.

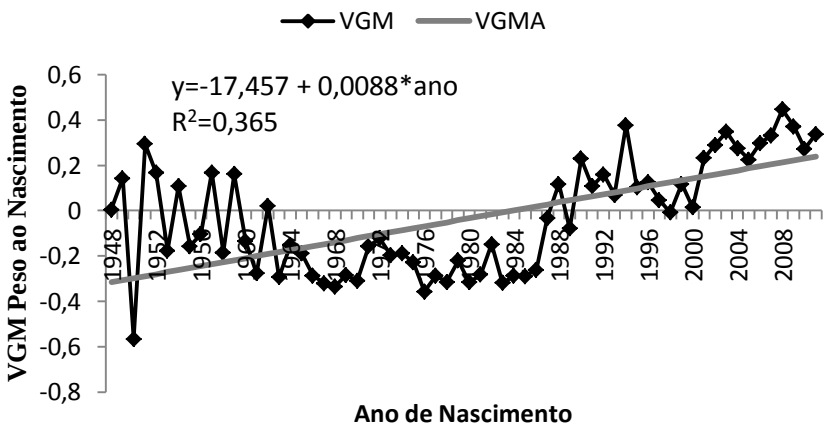

Figura 37: Tendência genética para efeito materno para a característica PN em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

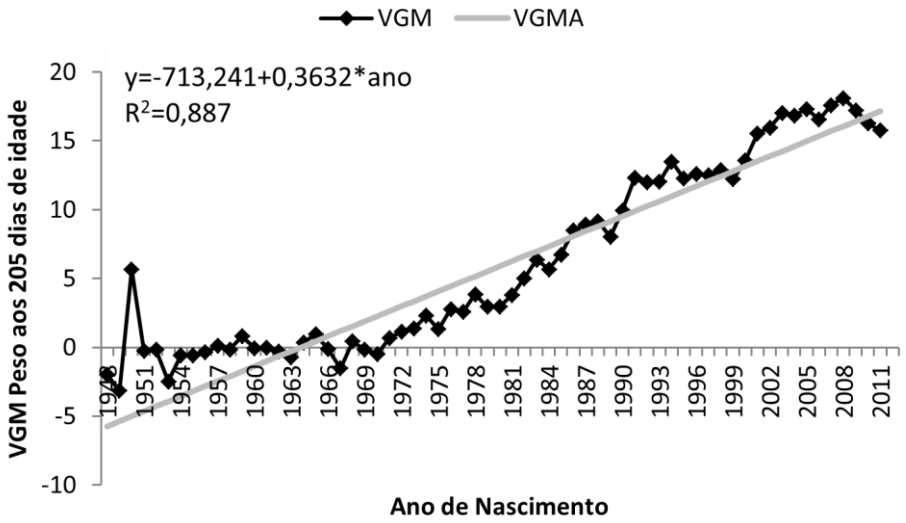

Figura 38: Tendência genética para efeito materno para a característica P205 em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

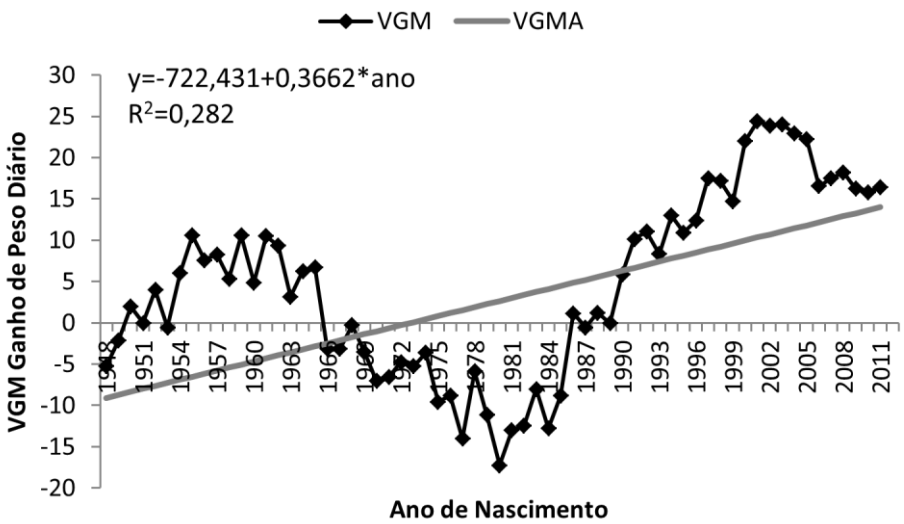

Figura 39: Tendência genética para efeito materno para a característica GPND em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1948 a 2011.

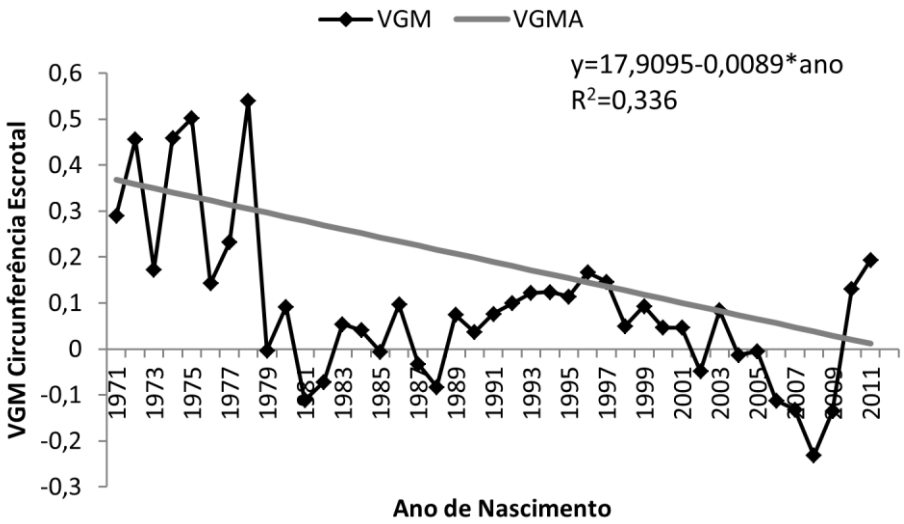

Figura 40: Tendência genética para efeito materno para a característica CE em bovinos Angus, rebanho núcleo fechado, período de 1971 a 2011.

4 CONCLUSÃO

O rebanho Wye Angus possui suficiente variabilidade genética, para ganho por meio da seleção, nas características de crescimento e CE. Ao longo da sua história, os animais Wye sofreram forte seleção, com altos ganhos genéticos para essas características.

As herdabilidades para IPP e IDP foram próximas a zero e, apesar disso, o IDP teve pequeno ganho genético. Contudo, a IPP e IDP do rebanho é baixo, indicando que o manejo reprodutivo trouxe resultados favoráveis para as matrizes.

5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, R.O.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; EVERLING, D.M. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred Young bulls. R.Bras.Zootec., v.39, n11, p.2398-2408, 2010.

BARBOSA, A.C.B. Histórico dos rebanhos zebuínos da raça Nelore registrados no nordeste brasileiro: Melhoramento genetic e estrutura populacional. 2012. Dissertação (Mestrado em Zootecnia), UESB – Itapetinga, BA.

BRANDT, H., MULLENHOFF, A., LAMBERTZ, C., ERHARDT, G., GAULY, M. Estimation of genetic and crossbreeding parameters for preweaning traits in german Angus and Simmental beef cattle and the reciprocal crosses. J. Anim. Sci. 2010. 88:80-86.

BIEGELMEYER, P., MENEZES, L.M., CAMPOS,TAVALERA, L. Efeito da idade da vaca sobre o peso ao nascimeno e peso a desmama de bovinos da raça Aberdeen Angus. UFPEL, 2007.

BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore.**Rev. Bras. Zootec**., v.36, p.565-571, 2007.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G. de; RORATO, P.R.N. 2008. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 2008, vol.37, n.4, pp. 596-60,1. ISSN 1806-9290.

BOLIGON, A.A.; PEREIRA, R.J.; ALBUQUERQUE, L.G. Influence of data structure on the estimation of the additive genetic direct and maternal covariance for early growth traits in Nellore cattle**. Livestock Science** 145:212-218, 2012.

BORMANN, J.M.; WILSON, D.E. Calving Day and age at first calving in Angus Heifers. **J. Anim. Sci**. 2010. 88:1947-1956.

CARDOSO, F.F., CARDELLINO, R.A., CAMPOS, L.T. Componentes de covariância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus criados no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p.41-48, 2001.

CARLIN B.P.; LOUIS, T.A. Data sets in Bayesian methods for data analysis. 3rd Ed. CRC Press, 2009. ISBN: 978-1-58488-6976.

CARRILLO, J. A.; BRACINI NETO, J.; E. C.; DRAPER, E.C.; SIEWERDT, F. 2011. Genetic parameters of preweaning traits in a closed Angus herd undergoing selection for maternal ability. **Genomics and Quantitative Genetics** (submitted).

CARRILLO, J.A.; SIEWERDT, F. Cytoplasmic inheritance has limited importance on early calf growth traits in a closed breeding nucleous Angus herd. **Genomics and Quantitative Genetics**. 4: 8-16, 2012.

CORRÊA, M.B.B., DIONELLO, N.J.L., CARDOSO, F.F. Estimativa de parâmetros genéticos, commponentes de covariância e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas pré-desmama em bovinos Devon no Rio Grande do Sul. **Rev. Bras. de Zootecnia**, v.35, n.3, p.997-1004. 2006.

DIAS, L.T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. 2004. Efeito da idade de exposição de novilhas à reprodução sobre estimativas de herdabilidade da idade ao primeiro parto em bovinos Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 56, n. 3.

DIAS, L.T.; EL FARO, L.; ALBUQUERQUE, L.G. de. 2004. Estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto de novilhas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 2004, vol.33, n.1, pp. 97-102.

ELER, J.P., VAN VLECK, L.D., FERRAZ, J.B. et al. 1995. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. **J. Anim. Sci**., 73:3253-3258.

EHLERS, R.S. Introdução a Inferência Bayesiana,2007.

EVANS, J. L.; GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. **Journal Animal Science,** Champaign, v. 77, n. 10, p. 2621-2628, 1999.

EVERLING, D.M.; FERREIRAA, G.B.B.; RORATO, P.R.N. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para características de crescimento na fase de pré-desmama e medidas de perímetro escrotal ao sobreano em bovinos Angus-Nelore. **Revista Bras.Zoot**., v.30, n.6, p.2001-2008,2001.

FERNANDES, H.D., FERREIRA, G.B.B., RORATO, P.R.N. Tendências e parâmetros genéticos para características pré-desmama em bovinos da raça Charolês criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**.v.31, n.1, p.231-330, 2002.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M.; MALHADO, C.H.M. 2002. Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos à Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31,n.2,p.635-640.

GEWEKE, J. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments**. In: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMIT, A.F.M.(Eds.). Bayesian statistics. New York: Oxford University, 526p, 1992.

GIANLORENÇO, V.K.; ALENCAR, M.M.; TORAL, F.L.B.; MELLO, S.P.; FREITAS, A.R.; BARBOSA, P.F. Herdabilidades e Correlações Genéticas de Características de Machos e Fêmeas, em um Rebanho Bovino da Raça Canchim. **R. Bras. Zootec.**, v.32, n.6, p.1587-1593, 2003.

GOYACHE, F., GUTIÉRREZ, J.P., 2001. Heritability of reproductive efficiency and subsequent reproductive traits in Asturiana de los Valles beef cattle breed. **Arch. Tierz.** 44, 489–496.

GUTERRES, L.F.W. Efeito da inclusão da covariância genética aditiva direta-materna no modelo de análise sobre a magnitude das estimativas de parâmetros e valores genéticos preditos para ganho de peso na raça Brangus. **Ciência Rural**, v.37, n.3, p.8098-814, 2007.

GUTERRES, L.F.W. Inclusão da covariância genética direta materna no modelo para estimar parâmetros e predizer valores genéticos para ganho de peso em bovinos da raça Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2268-2274, 2006.

GUTIÉRREZ, J.P., ALVAREZ, I. FERNANDEZ, I., ROYOB, L.J., DIEZB, J., GOYACHEB, J. Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. **Livestock Production Science** 78 (2002) 215–222.

HYNDMAN, R.J. Computin and graphing highest density regions. **The American Statistician.** 1996, vol.50 p 120-126.

KAPS, M., HERRING, W.O., LAMBERSON, W.R. Genetic and environmental parameters for traits derived from the body growth curve and their relationships with weaning weight in Angus cattle**. J.An.Sci**.., v.78, p.1436-1442,2000.

KNIGHTS, S. A.; BAKER, R. L.; GIANOLA, D. Estimates of heritabilities and genetic and phenotypic correlations among growth and reproductive traits in yearling Angus bulls. **Journal Animal Science**, Champaign, v. 58, n. 4, p. 887-893, 1984.

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore . **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.** vol.63 no.1. 2011.

LINGLE, J.B., KOCH, C.R., BARAO, S.M. 2001. The Breed of Noble Bloods. 2nd ed. University of Maryland Foundation, Adelphi.

LÔBO, R.N.B. et al. Genetic parameters for growth traits of zebu cattle in the semi-arid region of Brazi. **Ciência Animal**, v.10, n.1, p.7-12, 2000.

LOPES, J.S.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T. et al. Parâmetros genéticos e tendências genética e fenotípica para características de crescimento em uma população da raça Brangus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.4, p.662-669, 2009.

MACNEIL, M.D. 2003. Genetic evaluation of na índex of birth weight and yearling weight to improve efficiency of beef production. **J.Anim.Sci**. 81:2425-2433.

MALHADO, CHM.; CARNEIRO, PLS.; PEREIRA, DG.; MARTINS FILHO, R. 2008. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169.

MALHADO, CHM.; CARNEIRO, PLS.; MALHADO, ACM.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R.; JAMES, RP. 2010. Melhoramento genético e estrutura populacional da Raça Nelore na Região Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira,** Brasília, v.45, n.10, p.1109-1116.

MALHADO, C.H.M., CARNEIRO, P.L.S., MALHADO, A.C.M., MARTINS FILHO, R., PALA, A. Genetic trends for production and reproduction traits of Nellore. 2012.

MARQUES, L.F.A. et al. Análise de características de crescimento da raça Simental. **Arquivo Brasileiro de medicina veterinária e zootecnia**, Belo Horizonte, v.52, n.5, p.527-533, 2000.

MARTINS, G.A.; MARTINS FILHO, R.; LIMA, F.A.M.; LÔBO, R.N.B. Influência de Fatores Genéticos e de Meio sobre o Crescimento de Bovinos da Raça Nelore no Estado do Maranhão**. R. Bras. Zootec**. vol.29 no.1, 2000 .

MELLO, S.P.; ALENCAR, M.M.; SILVA, L.O.C. et al. Estimativas de co(variâncias) e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.3, p.1707-1714, 2002.

MEYER, K. 1993. Covariance matrices for growth traits of Australian Polled hereford cattle. **Anim. Prod**., 57:37-45.

MISZTAL,J.2012. FORTRAN Programs. World Wide Web. Acesso em 2013.

MRODE, R. A. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2 ed. Wallingford: ABI Publishing, 2005. In: SANTOS, N. P. S. Aspectos ambientais e genéticos sobre caracteristicas produtivas e reprodutivas em caprinos leiteiros utilizando inferência Bayesiana. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) Universidade Federal do Piauí, 2011.

OLIVEIRA, M. M.; DIONELLO, J. L.; CAMPOS, L. T.; ROTA, E.L. Efeitos de fatores ambientais e herdabilidade no perímetro escrotal em bovinos Hereford. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.10 n. 3, p. 353-356, 2004.

OLIVEIRA, M.M.; ROTA, E.L.; DIONELLO, N.J.L.; AITA, M.F. Herdabilidade e correlações genéticas do perímetro escrotal e idade ao primeiro parto com características produtivas em bovinos de corte: Revisão. **R. Bras. Agrociência**, Pelotas, v.13, n.2, p.141-146, abr-jun, 2007.

PEREIRA, E.; ELER, JP.; COSTA, FAA.; FERRAZ, JBS. 2001. Análise genética da idade ao primeiro parto e do perímetro escrotal em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 2001, vol.53, n.1.

PEREIRA, E.; ELER, JP.; FERRAZ, JBS.; MENDONÇA, CDA. 2002. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.703-708.

PEREIRA, M.C.; YOKOO, M.J.; BIGNARDI, A.B.; SEZANA, J.C. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.45, n.6, p.613-620, jun. 2010.

PEROTTO, D., MOLETTA, J.L., LESSKIU, C. Desempenho em confinamento de machos bovinos inteiros Canchim, Aberdeen Angus e cruzamentos recíprocos. **Ciência Rural** vol.32, no.4. Santa Maria, 2002.

PEROTTO, D.; MIYAGI, A.P.; SOUZA, J.C.; MOLETTA, J.L.; FREITAS, J.A. 2006. Estudos de características reprodutivas de animais da raça Canchim, criados a pasto, no estado do Paraná, Brasil. **Archives of Veterinary Science**, v. 11, n. 2, p. 1-6.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <http://www.R-project.org>.

RAFTERY, A E.; LEWIS, S. M. One long run with diagnostics: Implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. **Statistic Science**, v.7, p 493-497, 1993.

RAFTERY, A.L.; LEWIS, S. How many iterations in the Gibbs sampler? In: BERNARDO, J.M. et al. (Ed.). **Bayesian statistics**. Oxford, USA: University, 1992. p.763-774.

RIBEIRO, E.L.A., RESTLE, J. Desempenho de terneiros Charolês e Aberdeen Angus puros e seus mestiços Nelore**. Pesq.Agropec.Bras**., 26:1145-1151.1991

RIBEIRO, E.L.A., RESTLE, J., ROCHA, M.A., MIZUBUTI, I.Y., SILVA, L.D.F. Eficiência Produtiva em Vacas Primíparas das Raças Aberdeen Angus e Charolês. **Rev. bras. zootec.**, 30(1):125-132, 2001.

ROBINSON, D. L. Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle**. Livestock Production Science** 45: 1-11, 1996.

SILVA, AM.; ALENCAR, MM.; FREITAS, AR.; BARBOSA, RT.; BARBOSA, PF.; OLIVEIRA, MC de S.; CORRÊA, L de A.; NOVAES, AP de; TULLIO, RR. 2000. Herdabilidades e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2223-2230.

SILVEIRA, JC.; McMANUS, C.; MASCIOLI, AS.; SILVA, LOC.; SILVEIRA, AC.; GARCIA, JAS.; LOUVANDINI, H. 2004. Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.6, p.1432-1444.

SOUZA, J.C. Parâmetros genéticos dos pesos ao nascer e aos 205 dias de idade em animais da raça Angus no Brasil. Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. **Anais.**.. Jaboticabal, 2007.

SULLIVAN, P. G., WILTON, J.W., MILLER, S.P., BANKS, L.R. Genetic trends and breed overlap derived from multiple-breed genetic evaluations of beef cattle for growth traits. **J. Anim. Sci**. 1999, 77:2019-2027.

SZABÓ, F., DÁKAY, I., MÁRTON D. Age at first calving and the longevity of beef cows. University of Veszprém, Georgikon Faculty of Agriculture H-8360, Keszthely, Deák F. str.16.

TABAKMAN, J.A.C. **Role of Maternal and cytoplasmic effects in early calf growth in a closed breeding nucleous Angus herd.** Tesis (Master of Science) 2011. Maryland University.

TALHARI, F. M.; ALENCAR, M. M.; MASCIOLI, A. S. Correlações Genéticas entre Características Produtivas de Fêmeas em um Rebanho da Raça Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 4, p.880-886, 2003.

VERGARA, O.D.; Elzo, M.A.; Cerón-Muños, M. F. Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro-Zebu multibreed cattle population in Colombia. **Livestock Science**, v.129, p.318-322, 2009.

WEBER, T. **Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas para uma população da raça Aberdeen Angus.** Dissertação (Mestrado em Zootecnia) 2008. UFSM.

WEBER, T., RORATO, P.R.N., LOPES, J.S., GRIGOLLETO, J. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus**. R. Bras. Zootec**., v.38, n.5, p.832-842, 2009.

WEBER, K. L.; DRAKE, D. J.; TAYLOR, J. F.; GARRICK, D. J.; KUEHN, L. A.; THALLMAN, R. M. The accuracies of DNA-based estimates of genetic merit derived from Angus or multibreed beef cattle training populations. **J. Anim. Sci.** 2012, 90:4191-4202.

WILSON, D.E., BERGER, P.J., WILLHAN, R.L. Estimates of beef growth trait variances and heritabilities determined from Field records**. Journal of Animal Science**, v.63, n.2, p.386-394, 1986.

WRIGHT, D.R.; STERN, H.S.; BERGER, J. Comparing traditional and Bayesian analyses of selection experiments in animal breeding**. Journal of agricultural Biological and environmental statistic.** 5:240-256

YOKOO, M.J.I.; ALBUQUERQUE, L.G.; LÔBO, R.B.; SAINZ, R.D.; CARNEIRO JR, J.M.;BEZERRA, L.A.F.; ARAUJO, R.C. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **R. Bras. Zootec.**, v.36, n.6, p.1761-1768, 2007.

V – CONCLUSÕES FINAIS

Ao longo da história do rebanho Wye Angus, os animais foram submetidos à forte seleção e apresentaram avanço genético nas características PN, P205, GPND e CE.

Por outro lado, não foi observada ligação entre a variância genética e os parâmetros genéticos estudados nesta população. Contudo, ficou claro que a abrangência e a profundidade do pedigree Wye permitiu estimativas precisas dos parâmetros genéticos e populacionais.

VI – ANEXOS

Anexo A. Normas para preparação de trabalhos científicos para publicação na revista "Archives of Animal Breeding":

Archiv Tierzucht – Archives of Animal Breeding, ISSN 0003-9438 Rev. 2013-20-08

Instructions for authors:

The journal publishes original research papers, short communications, brief reports and reviews on scientific progress in farm animal biology. »Archiv Tierzucht« includes publications in quantitative and molecular genetics, genetic diversity, animal husbandry and welfare, physiology and reproduction of livestock. The journal addresses researchers, teachers, stakeholders of academic and educational institutions as well as industrial or governmental organisations in the field of animal production.

Manuscript submission:

Manuscripts must be submitted via the journal online submission and review system provided by Editorial Manager http://www.editorialmanager.com/arch-tierz.
First-time users will need to register and create a profile. There are few steps to submit a manuscript. Follow the provided instructions carefully. Figures and Tables should be separated from the manuscript.

Review process:

All submitted manuscripts deemed appropriate for consideration by members of the Editorial Board will be peer reviewed by at least two reviewers. Those not considered appropriate will be returned to the authors immediately. The reviewers are requested to return their reviews within 30 days. You will be able to check on the progress of your paper by logging on to Editorial Manager.
Papers in a numbered series will not be reviewed unless all parts are available for reviewing at the same time. Revisions made according to the reviewers' and editors' remarks should be provided using Track Changes in Word, annotations on PDF-files or as a detailed list of comments and description of changes.

Publication:

Accepted papers will be published on an open access basis under the Creative Commons licence (CC-BY 3.0). Corresponding authors get proofs for correction and confirmation before publication.

Manuscript preparation:

The authors are responsible for the preparation of the paper in a form suitable for publication.

The manuscript should be written in clear, concise, grammatically and linguistically correct English language. Full papers are limited to about 15 pages in length including tables, figures, abstracts and references, Short Communications are limited to about 6 pages only and Brief Reports are limited to 2 pages only.
Author/s must adhere to the instructions for style and layout detailed below.
Manuscripts should be typed single-spaced using Arial or similar font at 13 pt. The text should be left justified. Pages must be numbered starting with the first page. Lines must be numbered consecutively throughout the text including references and headings of tables and figures.

Arrangement of the manuscript:

Title
The title of the manuscript must contain:
- title of the contribution
- short title, if the title is longer than 100 characters
- first name/s and surname/s of the author/s
- author's affiliations

Abstract and keywords
Each paper commences with a carefully prepared, accurate, informative abstract, in one paragraph, that is complete in itself and intelligible without reference to text, tables or figures. It must not exceed 250 words. It should state succinctly the problem, the experimental method, results and conclusions but should not be overburdened by numerical values. References, tables or figures should not be included. Up to five keywords should be given. The full term for which an abbreviation stands should precede its first use (in parenthesis) in the text.

Introduction
An introduction should follow the abstract setting out the background and, if necessary, the history of the chosen topic. This should be sufficient to set the scene for the general reader and be relatively brief. The introduction should contain the aim of the contribution.

Material and methods
In this section the experimental design, samples and animals used as well as analytical and statistical methods are detailed. SI units must be used.

Results
In this section the main findings are precisely reported. Tables should be as comprehensive and simple as possible, arranged in vertical form without frames and lines. The same material must not be presented in tables and graphs. Tables should be numbered consecutively with arabic numerals in order of appearance in the text. Table titles should be clear, concise, and self-explanatory. References to tables in the text should be given as »Table 1«, and so on.
Figures should be numbered consecutively with arabic numerals in order of appearance in the text. Please submit the data for figures in black and white. However, colour photos can be reproduced in black and white (with a possible loss of contrast). Figures printed in colour are subject to an added charge. Lettering should be large enough to be legible after reduction of the illustration, preferentially 11 pt lettering after reduction.

Heads of the figures should be clear, concise, and self-explanatory. Figures are referred to within the text as Figure 1, and so on.

Discussion

The discussion should interpret the results and compare own results with knowledge already being in the literature. Redundant description of results should be avoided. The discussion contains conclusions and shows possible implications of the achieved results. The discussion may be combined with results.

References

Only the latest and most important references should to be used. References in the text should follow the Harvard system in style, i.e. name(s) followed by date, Miller (2010); Brown & Smith (1999); if there are three or more authors, Jones et al. (2009), Jones et al. (2009a, 2009b).

Personal communications should be given as Miller (personal communication). Unpublished data must be cited as (unpublished data). Both citation types do not appear in the reference list.

Conference abstracts and web references should only be cited if absolutely necessary for

the article. Web references should be provided with a persistent identifier (e.g. doi, urn).

References must be listed in a separate section at the end of the text in alphabetical order of (first) authors, giving the full title of the paper, the official abbreviation of the journal, the volume of the journal, and the first and last pages of the article. Articles in languages other than English should be used sparsely and an English translation of the title must be provided. The original language is indicated in brackets. Book references must include the chapter title, editors, book title, publisher, city and country of publication. They should appear as follows:

Full articles

Schroeder W, Stock KF, Distl O (2010) Genetic evaluation of Hanoverian warmblood horses for conformation traits considering the proportion of genes of foreign breeds. Arch Tierz 53, 377-387

Full articles (not in English)

Batura J, Korzienowski W, Bochno R (1990) [Effect of duck limited feeding on fatty acid composition of depot and muscle fats]. Prze Nauk Lit Zoot 17, 133-140 [in Polish]

Book chapters

Chilliard YJ, Rouel A, Ferlay L, Bernard P, Gaborit K, Raynal-Ljutovac AL, Leroux C (1990) Optimising goat milk and cheese fatty acid composition: effects of genotype, feeding factors and dairy technology. In: Williams C, Buttriss J (eds.) Improving the fat content of foods. Woodhead Publishing, Cambridge, UK, 281-312

Conference abstracts (only as exception!)

Galina M, Haenlein GFW (2004) Cheese quality and human health. Proc. 8th Intern Conf Goats, Pretoria, South Africa, 42.

Agreement between text citations and the reference list should be checked carefully, and the latter checked for accuracy. Manuscripts not conforming to the above guidelines will be returned to the authors for correction, which may cause considerable publication delay.