



**ESTRUTURA POPULACIONAL, TENDÊNCIA  
GENÉTICA E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM  
NELORE MOCHO DO NORDESTE DO BRASIL**

**ROSIMIRA DOS SANTOS AMARAL**

**2012**

**ROSIMIRA DOS SANTOS AMARAL**

**ESTRUTURA POPULACIONAL, TENDÊNCIA GENÉTICA E  
DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM NELORE MOCHO DO  
NORDESTE DO BRASIL**

Tese apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes, para obtenção do título de *Doctor Science*.

Orientador:

D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro

Co-orientador:

D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA  
BAHIA - BRASIL

2012

636.213 Amaral, Rosimira dos Santos.  
A517e Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em nelore mocho do Nordeste do Brasil. / Rosimira dos Santos Amaral. – Itapetinga-BA: UESB, 2012.  
107f.

Tese do Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB - *Campus* de Itapetinga. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e co-orientador Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado.

1. Bovinos de corte – Estrutura populacional - Genética. 2. Bovinos nelore mocho - Endogamia. 3. Nelore mocho – Nordeste - Brasil. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, *Campus* de Itapetinga. II. Carneiro, Paulo Luiz Souza. III. Malhado, Carlos Henrique Mendes. IV. Título.

**CDD(21): 636.213**

Catálogo na Fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB 535-5ª Região  
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Bovinos de corte – Estrutura populacional - Genética
2. Bovinos nelore mocho - Endogamia
3. Nelore mocho – Nordeste - Brasil

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA  
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-BA

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

**Titulo:** "Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em nelore mocho do Nordeste do Brasil".

**Autor (a):** Rosimira dos Santos Amaral

**Orientador (a):** Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

**Co-orientador (a):** Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau - UESB

Prof. Dr. Marcelo Cervini - UESB

Prof. Dr. Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso - UESB

Prof. Dr. Sérgio Augusto de A. Fernandes - UESB

Data de realização: 28 de setembro de 2012.

Praça Primavera, Nº 40, Bairro: Primavera –Telefone: (77) 3261-8628 - Fax: (77) 3261-8701  
Itapetinga – BA – CEP: 45.700-000 e-mail: ppzootecnia@yahoo.com.br

A presente Documentação confere  
com o original  
Em 08.10.2012  
Joandra Souza F. Nates  
ASSINATURA / Programa de  
Pós Graduação em Zootecnia UESB

*À minha mãe Rosália dos Santos Amaral, exemplo de força, garra e luta. A quem devo toda a minha formação acadêmica, e todas as conquistas oriundas da mesma;*

*Aos meus irmãos Rosemeire dos Santos Amaral e Euclésio dos Santos Amaral, pelo incentivo e companheirismo;*

*À meu amado esposo Everlândio Gomes Moreira, pela paciência e apoio, principalmente nos momentos difíceis. Seu amor e dedicação foram peças fundamentais nesta jornada;*

*Ao Professor orientador Paulo Luiz Souza Carneiro, pela amizade, apoio e pelo exemplo de profissional.*

### ***Dedico***

*À Gildásio Cintra Amaral (“in memoriam”), o homem mais admirável que conheci, por ter me amado e instruído incondicionalmente, minha eterna gratidão e saudade.*

### ***Ofereço***

## AGRADECIMENTOS

Ao Senhor Deus, por ter me dado a coragem e sabedoria para enfrentar novos obstáculos a cada dia;

Ao Professor Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro, pela orientação, ensinamentos, dedicação e incansável apoio à realização deste trabalho;

Ao Professor Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, pelas sugestões e valiosa contribuição no esclarecimento das dúvidas;

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, e ao Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade. A todos os professores do PPZ, e aos colegas do doutorado pela convivência e troca de experiências e angústias enfrentadas durante esse tempo;

Aos professores, Dr. Paulo Bonomo (UESB/Itapetinga), Dr. Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso e Dr. Derval Gomes Pereira (UESB/Jequié), pela participação na Banca de Qualificação, críticas e conselhos;

Aos professores, Dr. Amauri Arias Wenceslau (UESC), Dr. Marcelo Cervini, Dr. Paulo Roberto Antunes de Mello Affonso e Dr. Sérgio Augusto de Albuquerque Fernandes (UESB), pela participação na Banca de Defesa e subsídio concedido a esse trabalho;

Aos funcionários da Biblioteca, pela colaboração na busca de material bibliográfico e pela ficha catalográfica elaborada. A todos os funcionários da UESB;

A todos os membros da minha adorada família;

Ao CNPq e FAPESP pelo incentivo dado às pesquisas; À CAPES pela concessão da bolsa, permitindo minha participação inicial neste curso.

Ao Professor Dr. Raimundo Martins Filho, pela concessão dos dados da ABCZ;

Ao colega Diego Pagung Ambrosini, pela colaboração na análise dos dados;

Às amigas alcançadas durante esta jornada, e às antigas também;

Às minhas queridas amigas, Evani e Emanoela, por todas as batalhas que vencemos juntas e pelo grande prazer de tê-las comigo neste período;

Aos amigos da "Coligação", Fábio, Patrícia e Cléia, por todos os momentos de êxtase e de companheirismo;

Aos meus colegas, técnicos administrativos e docentes, do Instituto Federal Baiano, *Campus Guanambi* pelo apoio e colaboração;

Às minhas amigas de guerra, Ana Laura, Elaine, Felizarda, Mariana, Renata e a prima Bárbara, por todos os momentos de incentivo à concretização deste trabalho;

À minha irmã Rosemeire, mãezona de todas as horas, e principal incentivadora;

A todos que me apoiaram e acreditaram em mais uma conquista da minha vida, obrigada por tudo!

## **BIOGRAFIA**

ROSIMIRA DOS SANTOS AMARAL, filha de Gildásio Cintra Amaral e Rosália dos Santos Amaral, nasceu em Vitória da Conquista, Bahia, no dia 8 de julho de 1980.

Em 1999, concluiu o ensino médio no Instituto de Educação Euclides Dantas – IEED, tornando-se normalista.

Em 2005, graduou-se em Zootecnia (Bacharelado) pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, *Campus* de Itapetinga – BA.

Em 2008, obteve o título de “Magister Scientiae” no programa de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, concentrando seus estudos na linha de Produção Animal, em bioclimatologia e ambiência – Bovinocultura de Leite.

Em 2010, ingressou como professora do ensino básico, técnico e tecnológico, no Instituto Federal Baiano – IF Baiano, *Campus* de Guanambi – BA.

Em setembro de 2012, submeteu-se à defesa de doutoramento em Zootecnia, na área de Genética e Melhoramento Animal – Bovinocultura de Corte, pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, após tê-lo iniciado em março de 2009.

## *Tudo Posso*

*Posso, tudo posso naquele que me fortalece  
Nada e ninguém no mundo vai me fazer desistir  
Quero, tudo quero, sem medo entregar meus projetos  
Deixar-me guiar nos caminhos que Deus desejou para mim  
e ali estar*

*Vou perseguir tudo aquilo que Deus já escolheu pra mim  
Vou persistir, e mesmo nas marcas daquela dor  
do que ficou, vou me lembrar  
E realizar o sonho mais lindo que Deus sonhou  
Em meu lugar estar na espera de um novo que vai chegar*

*Vou persistir, continuar a esperar e crer  
E mesmo quando a visão se turva e o coração só chora  
Mas na alma, há certeza da VITÓRIA*

*Eu vou sofrendo, mas seguindo enquanto  
tantos não entendem  
Vou cantando minha história, profetizando  
Que eu posso, tudo posso... Em Jesus!*

*Celina Borges*



## RESUMO

AMARAL, R. S. **Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em Nelore Mocho do Nordeste do Brasil.** Itapetinga-BA: UESB, 2012. 107f. (Tese – Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).\*

Descreveu-se a estrutura genética populacional, tendência genética e depressão por endogamia, em bovinos Nelore Mocho, na região Nordeste do Brasil, utilizando-se dados de registro genealógico de 45.785 animais, nascidos entre 1960 e 2009. O banco de dados foi separado em dez períodos, em intervalos de 7 anos, de 1960 a 2002, para a estimativa do tamanho efetivo ( $N_e$ ). O  $N_e$  apresentou grande variação durante os anos, oscilando de 13 a 338. Houve um aumento na porcentagem de animais endogâmicos ao avançar nas gerações, porém, o rebanho encontra-se com baixa endogamia, provavelmente em função da baixa integralidade do *pedigree*. O intervalo de gerações médio foi alto (7,5 anos). O número efetivo de animais fundadores ( $f_e$ ) foi de 288, e de ancestrais ( $f_a$ ) 283, sendo que, apenas 173 ancestrais (fundadores ou não) foram responsáveis por 50% da variabilidade genética. As estimativas das estatísticas F de Wright indicaram ausência de estruturação da população. Os parâmetros e as previsões dos valores genéticos foram obtidos utilizando o aplicativo MTDFREML. Os coeficientes de herdabilidade direta para os pesos ajustados nas três idades foram estimados em 0,19 (P205), 0,24 (P365) e 0,18 (P550), apontando que a variabilidade genética aditiva existente é passível para obter ganho genético via seleção. As tendências genéticas diretas e as tendências fenotípicas foram significativas e positivas quanto às características de crescimento, porém, aquém do esperado. Os efeitos fenotípicos foram superiores aos genotípicos, provavelmente em razão da estrutura genética populacional, da seleção adotada e das melhorias no manejo nas propriedades. Para avaliar os efeitos da depressão endogâmica foram utilizados quatro modelos de regressão (Linear, Quadrático, Exponencial e Michaelis-Menten) ajustados sobre os erros gerados pelo modelo animal. Apenas os modelos exponencial e Michaelis-Menten foram significativos ( $P < 0,01$ ) para as características produtivas (P205, P365 e P550) e reprodutivas, idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de parto (IDP), sendo considerados descritores adequados dos efeitos da depressão por endogamia. Para o aumento de 1% na endogamia, os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade, diminuíram 0,24 kg, 0,29 kg e 0,29 kg, respectivamente. Por outro lado, os resultados apresentados para a idade ao primeiro parto (-0,81 dias para cada aumento de 1% na endogamia) e intervalo de partos (-0,95 dias para cada aumento de 1% na endogamia) foram benéficos. Entretanto, os valores médios para a IPP (1.425,34) e de IDP (509,24) foram muito altos, e os efeitos da endogamia sobre essas características podem estar subestimados. Para aumento nos ganhos genéticos em bovinos Nelore Mocho no Nordeste brasileiro, são necessários o monitoramento contínuo da estrutura genética populacional, redução do intervalo de geração, aumento do tamanho efetivo, adequação dos programas de melhoramento e de reprodução, e, principalmente, controlar os acasalamentos de animais aparentados. Assim, evita-se a endogamia e as perdas geradas pela depressão endogâmica, em características produtivas.

**Palavras-chave:** bovino de corte, endogamia, *pedigree*, tamanho efetivo, idade ao primeiro parto, intervalo de parto

---

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

## ABSTRACT

AMARAL, R.S. **Populational structure, genetic trend and inbreeding depression in Nelore Polled Northeastern Brazil.** Itapetinga-BA: UESB, 2012. 107f. (Thesis – Doctor's Degree in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production).\*

The populational genetic structure, genetic trend and inbreeding depression in Nelore Polled, in northeast of Brazil was described using data from genealogical record of 45.785 animals, born between 1960 and 2009. The database was divided into ten periods, in the intervals of seven years, from 1960 to 2002, to estimate of the effective size ( $N_e$ ). The  $N_e$  varied greatly over the years, ranging from 13 to 338. There was an increase in the percentage of inbred animals to advance in generations, however, the herd is found out in low inbreeding, probably due to the low completeness of the pedigree. The average generation interval was high (7.5 years). The effective number of founder animals ( $f_e$ ) was 288, and ancestors ( $f_a$ ) 283, and only 173 ancestors (founders or not) accounted for 50% of genetic variability. The estimates of Wright's F statistics indicated no structuring of the population. The parameters and the predictions of breeding values were obtained using the application MTDFREML. The coefficients of direct heritability for weights at the three ages were estimated at 0.19 (P205), 0.24 (P365) and 0.18 (P550), indicating that the additive genetic variability exists is likely to obtain genetic gain by way of selection. The direct genetic trends and phenotypic trends were significant, with positive values on the characteristics of growth, however, lower than expected, and the phenotypic effects were superior to genotypic, probably because of populational genetic structure, of the selection adopted and improvements in managing on the properties. To evaluate the effects of inbreeding depression were used four regression models (linear, quadratic, exponential and Michaelis-Menten) adjusted on the errors generated by the animal model. Only models exponential and Michaelis-Menten were significant ( $P < 0.01$ ) for the production traits (P205, P365 and P550) and reproductive (IPP and IDP), being considered adequate descriptors of the effects of inbreeding depression. For the 1% increase in inbreeding, the adjusted weights at 205, 365 and 550 days of age decreased 0.24 kg, 0.29 kg and 0.29 kg, respectively. The results presented for age at first calving (-0.81 days for each 1% increase in inbreeding) and calving interval (-0.95 days for each 1% increase in inbreeding) were beneficial. However, the average values for IPP (1425.34) and IDP (509.24) were very high, and the effects of inbreeding on these traits may be underestimated. To increase genetic gain in Nelore Polled in Northeastern Brazil, continuous monitoring of the populational genetic structure, generation interval reduction, increase of the effective size, suitability of improvement programs and breeding are needed, and, above all, control matings related animals. Thus, it avoids inbreeding and losses generated by inbreeding depression in productive characteristics.

**Keywords:** beef cattle, inbreeding, pedigree, effective populational size, age at first calving, calving interval

---

\*Adviser: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB and Co-advisor: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc., UESB.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

### CAPÍTULO 1

Figura 1 – Registros de nascimentos de fêmeas e machos do rebanho Nelore Mocho registrado na região Nordeste do Brasil. ....	57
Figura 2 – Tamanho efetivo no período de 1960 a 2002 em bovinos Nelore Mocho no Nordeste brasileiro. ....	60
Figura 3 – Variação da endogamia (F; círculos) e coeficiente médio de relação (CR; quadrados), ambos em porcentagem e, valores médios de gerações equivalentes (triângulos) em animais da variedade Nelore Mocha no Nordeste brasileiro. ....	68
Figura 4 – Estrutura do <i>pedigree</i> de bovinos da variedade Nelore Mocha no Nordeste do Brasil. ....	72
Figura 5 – Distribuição por classe de endogamia individual (F) dos animais endogâmicos da variedade Nelore Mocha no Nordeste do Brasil. ....	73
Figura 6 – Evolução da endogamia (F) no período de 1960 à 2007 na variedade Nelore Mocha no Nordeste do Brasil. ....	74
Figura 7 – Efeito da endogamia nas características peso aos 205 dias de idade (P205 – 7A) e peso aos 365 dias de idade (P365 – 7B). ....	78
Figura 8 – Efeito da endogamia na característica peso aos 550 dias de idade (P550) em bovinos Nelore Mocho. ....	79
Figura 9 – Efeito da endogamia nas características idade ao primeiro parto (IPP – 9A) e intervalo de partos (IDP – 9B). ....	82

### CAPÍTULO 2

Figura 1 – Tendências genéticas (VGE - valor genético estimado; VGA - valor genético ajustado) para as características P205 (1A), P365 (1B), P550 (1C) em bovinos Nelore Mocho criados na região Nordeste do Brasil. ....	101
Figura 2 – Tendências fenotípicas (VFE - valor fenotípico estimado; VFA - valor fenotípico ajustado) para as características P205 (2A), P365 (2B), P550 (2C) em bovinos Nelore Mocho criados na região Nordeste do Brasil. ....	102

## LISTA DE TABELAS

### REVISÃO DE LITERATURA

Tabela 1 – Distribuição de registros de nascimento (RGN) e definitivo (RGD) das raças/variedades na Associação Brasileira dos Criadores de Zebuínos (ABCZ), durante o período de 1939 a 2011. ....	19
Tabela 2 – Levantamento da pecuária bovina de corte no Brasil. ....	22
Tabela 3 – Tamanho efetivo ( $N_e$ ) de diferentes populações bovinas. ....	27
Tabela 4 – Intervalo de gerações (IG) de diferentes populações bovinas. ....	29

### CAPÍTULO 1

Tabela 1 – Descrição das cinco características analisadas em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. ....	52
Tabela 2 – Intervalo médio de gerações e idade dos pais ao nascimento da progênie, das quatro passagens gaméticas, para a variedade Nelore Mocha na região Nordeste do Brasil. ....	58
Tabela 3 – Número de reprodutores, média de filhos por reprodutor e tamanho efetivo, em intervalos de 7 anos, de 1960 a 2002, em bovinos Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil. ....	59
Tabela 4 – Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração considerada. ....	61
Tabela 5 – Coeficiente de endogamia médio (F), percentagem de indivíduos endogâmicos (%), média de F para animais endogâmicos, coeficiente médio de relação (CR) e tamanho efetivo ( $N_e$ ). ....	62
Tabela 6 – Parâmetros populacionais da variedade Nelore Mocha na região Nordeste do Brasil. ....	64
Tabela 7 – Descrição dos 10 fundadores e dos 10 ancestrais (fundadores ou não) de maior relevância encontrados nos arquivos de <i>pedigree</i> dos animais Nelore Mocho no Nordeste brasileiro, onde se descrevem a identificação dos animais, de seus pais e mães, o sexo, o ano de nascimento, o coeficiente médio de relação (CR) dos fundadores e a contribuição dos ancestrais, ambos em porcentagem. ....	66
Tabela 8 – Índice de conservação genética (ICG) da população total e dos animais nascidos após o ano de 2000 na variedade Nelore Mocha no Nordeste brasileiro. ....	67

Tabela 9 – Estatísticas descritivas do coeficiente de endogamia (F) para toda a população de animais da variedade Nelore Mocha no Nordeste brasileiro. ....	67
Tabela 10 – Classificação dos rebanhos registrados dos bovinos Nelore Mocho do Nordeste de acordo com a origem e uso dos touros. ....	70
Tabela 11 – Estimativa dos coeficientes de regressão da endogamia sobre as características peso aos 205 (P205), peso aos 365 (P365), peso aos 550 dias (P550), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) em bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil. ....	75
Tabela 12 – Quadrado médio do resíduo dos modelos linear, exponencial e Michaelis-Menten para as características avaliadas na variedade Nelore Mocha do Nordeste do Brasil. ....	76

## CAPÍTULO 2

Tabela 1 – Estrutura de dados das características relativas aos pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade, em bovinos da variedade Nelore Mocha, no Nordeste do Brasil. ....	95
Tabela 2 – Estimativas dos componentes de variâncias e coeficientes de herdabilidade para peso aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil. ....	98

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

- ABCZ – Associação Brasileira de Criadores de Zebu  
ASBIA – Associação Brasileira de Inseminação Artificial  
CR – Coeficiente médio de relação  
F – Coeficiente de endogamia  
 $F_a$  – Número efetivo de ancestrais  
 $F_e$  – Número efetivo de fundadores  
 $F_g$  – número efetivo de genomas remanescentes  
 $F_{IS}$  – Índice de fixação intra-população  
 $F_{IT}$  – Índice de fixação nos indivíduos da população  
 $F_{ST}$  – Índice de fixação entre população  
ICG – Índice de conservação genética  
IDP – Intervalo de partos  
IG – Intervalo de geração  
IPP – Idade ao primeiro parto  
 $N_e$  – Número efetivo  
RGD – Registro definitivo  
RGN – Registro de nascimento  
 $\Delta F$  – Incremento da endogamia

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	07
<b>ABSTRACT</b> .....	08
<b>1 INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	15
1.1. Objetivos .....	17
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	18
2.1. A variedade Nelore Mocha .....	18
2.2. O Melhoramento Genético na Pecuária de Corte Brasileira .....	20
2.3. Estrutura Genética Populacional .....	23
2.3.1. Tamaho Efetivo .....	25
2.3.2. Intervalo de Gerações .....	28
2.4. Endogamia .....	30
2.4.1. Coeficiente de Endogamia (F) .....	32
2.4.2 Depressão Endogâmica .....	32
2.4.3. Coeficiente médio de relação (CR) .....	35
2.5. Parâmetros e Tendência Genética .....	37
<b>3 REFERÊNCIAS</b> .....	40
<b>4 CAPÍTULOS</b> .....	48

### CAPÍTULO 1

#### **Estrutura populacional e depressão endogâmica em bovinos Nelore Mocho da região Nordeste do Brasil**

<b>RESUMO</b> .....	48
<b>ABSTRACT</b> .....	49
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	50
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	52

<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	57
<b>4. CONCLUSÕES</b> .....	84
<b>5. REFERÊNCIAS</b> .....	86

## **CAPÍTULO 2**

### **Parâmetros, tendências genéticas e fenotípicas em características de crescimento de bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil**

<b>RESUMO</b> .....	91
<b>ABSTRACT</b> .....	92
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	93
<b>2. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	95
<b>3. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	97
<b>4. CONCLUSÕES</b> .....	103
<b>5. REFERÊNCIAS</b> .....	104



## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é o maior exportador mundial de carne bovina. Porém, esta liderança brasileira na exportação deve-se mais à quantidade do que à qualidade da carne produzida. Para permanecer nesta colocação e melhorar a excelência deste produto, o país necessitará investir cada vez mais no melhoramento genético do rebanho. Para isso, é crucial que a coleta de informações sobre a estrutura e o progresso genético de uma população em estudo seja minuciosa, utilizando-se de técnicas estatísticas apropriadas para extrair dos dados as informações mais relevantes para a seleção.

O mercado da produção animal tem ampliado as exigências por produtos com qualidade superior, requerendo disponibilidade de material genético avaliado. Por esse motivo, os programas de avaliação genética incorporam, continuamente, mais rebanhos. Todavia, para intensificar a acurácia destas análises, os animais devem ser selecionados com base em seus valores genéticos, porém, não desconsiderando o método tradicional de seleção (tipo funcional), adequando os devidos ajustes para os efeitos de ambiente.

Por outro lado, existe uma grande dificuldade por parte dos criadores, que é a correta identificação dos touros melhoradores, ou seja, aqueles que aprimoram o patrimônio genético dos rebanhos. Muitas vezes, a falta de informações ou a interpretação obscura das mesmas, inviabiliza as avaliações genéticas ou subestima a precisão dos valores obtidos. Uma maneira de evitar comparações equivocadas entre os animais é cotejá-los pelo desempenho. Destarte, aumentando a confiabilidade das informações utilizadas nas avaliações genéticas, certamente se intensificaria a predição do valor genético dos animais, proporcionando seleção mais acurada dos melhores indivíduos, elevando o ganho genético anual nos rebanhos. Outro fator que deve ser considerado é o treinamento de qualidade proporcionado aos técnicos de campo, os quais desempenham papel fundamental, auxiliando os produtores na escolha do touro a ser utilizado.

No Nordeste brasileiro, as condições climáticas em conjunto com a escassez de pastagens durante a época seca do ano, favorecem a baixa produção animal. Neste contexto, a raça Nelore, juntamente com a variedade Mocha, destaca-se por sua rusticidade e grande tolerância às condições mais adversas de ambiente, além de constituir-se no maior rebanho de corte do país. Daí a necessidade de conhecer com mais afinco as populações bovinas desta região, e os manejos que vem sendo aplicados, especificamente na variedade Nelore Mocha, a qual vem ganhando espaço no cenário da pecuária nacional.

Nos últimos anos ocorreram grandes avanços biotecnológicos que, sem dúvida, contribuíram como ferramentas importantes para o melhoramento genético de bovinos. No entanto, a utilização destas biotécnicas (inseminação artificial, fertilização *in vitro*, superovulação, marcadores moleculares, etc.) no sistema de produção animal, ainda é lenta.

Além disso, o desenvolvimento de novos métodos de avaliação genética e de estimação de parâmetros genéticos, melhor conhecimento das vantagens e desvantagens de determinada raça para uma região específica, e os resultados adquiridos com a seleção e os cruzamentos, traduz, mesmo que, de maneira tradicional, em meio seguro de se produzir animais cada vez mais eficientes. Embora a evolução dentro deste setor seja benéfica em relação aos ganhos econômicos, é fundamental ter consciência de que qualquer falha na tomada de decisão sob a utilização das novas técnicas pode ser extremamente maléfica para a bovinocultura.

Entretanto, essas modernas ferramentas têm contribuído para um aumento constante nos níveis de endogamia, pois possibilitam uma maior contribuição de poucos indivíduos de uma população como responsáveis pela reprodução, resultando em elevadas taxas de acasalamento entre parentes. Consequentemente, compromete-se o ganho genético obtido via seleção, diminuindo o progresso genético em caracteres relacionados à adaptação, produção e reprodução, efeito mais conhecido como depressão endogâmica.

Alguns dos parâmetros populacionais são dependentes do manejo e dos sistemas de acasalamento adotados, com repercussão na variabilidade genética da população. Sendo assim, o melhoramento genético torna-se viável com o conhecimento dos fatores que interferem na seleção e no progresso genético, como a intensidade de seleção, intervalo de gerações, tamanho efetivo da população, variabilidade genética e coeficiente de endogamia.

Contudo, para que ocorra o aumento da produtividade do rebanho Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil aliado à qualidade, é necessário que esta atividade integre baixo custo de produção e domínio tecnológico. Para tanto, é imprescindível que haja a avaliação do mérito genético dos animais, a partir do conhecimento da estrutura genética populacional e demais parâmetros genéticos, os quais, acrescentados aos demais estudos, trarão informações que irão somar às demais pesquisas já concretizadas, para as tomadas de decisões corretas pelos melhoristas.

Observa-se, porém, a necessidade de se estabelecer metas em conjunto com os vários segmentos envolvidos. Todavia, tem-se ainda, muito para fazer no que se refere às informações coletadas, aplicação das ferramentas disponíveis, organização dos programas de melhoramento, refinando-os com objetivos e metas mais adequadas à realidade a um custo-benefício favorável.

Assim, avaliou-se o rebanho bovino da variedade Nelore Mocha registrado no Nordeste do Brasil por meio de sua estrutura genética populacional, progresso genético e depressão por endogamia em características produtivas e reprodutivas, com o intuito de fornecer subsídios para o melhoramento e expansão da variedade no Brasil.

## **1.1. OBJETIVOS**

### **1.1.1. OBJETIVO GERAL**

Avaliar o rebanho da variedade Nelore Mocha registrado no Nordeste do Brasil, por meio de sua estrutura genética populacional, progresso genético e depressão por endogamia, em características de desenvolvimento ponderal e reprodutivas, com o intuito de fornecer subsídios para o melhoramento e expansão dessa variedade no Nordeste do Brasil.

### **1.1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- Estimar os parâmetros genéticos para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias na variedade Nelore Mocha da região Nordeste do Brasil;
- Estimar as tendências genéticas (direta e materna) para as características citadas na variedade Nelore Mocha em diferentes períodos;
- Estimar as tendências fenotípicas;
- Estimar o intervalo médio de gerações das quatro passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha);
- Quantificar o número de reprodutores e o número médio de filhos por reprodutor em diferentes períodos;
- Quantificar a variabilidade genética e estimar a endogamia média e o tamanho efetivo em diferentes períodos;
- Calcular o número efetivo de animais fundadores e o número efetivo de ancestrais;
- Calcular a endogamia esperada pelo uso desbalanceado dos fundadores;
- Relacionar o tamanho efetivo e a endogamia com o progresso genético em diferentes períodos;
- Estudar a endogamia em bovinos da variedade Nelore Mocha da região Nordeste, avaliando o efeito da depressão endogâmica em características produtivas e reprodutivas.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. A variedade Nelore Mocha

Nos primeiros tempos da criação do Zebu não se cuidava de seu melhoramento ou seleção. Chegados ao Brasil, os reprodutores eram encaminhados para as fazendas, onde iam se multiplicando livremente. Dado o pequeno número de animais existentes, não se cogitava a eliminação de qualquer indivíduo; aliás, naquela época, raros criadores se preocupavam com o melhoramento do rebanho (Santiago, 1987).

A introdução das raças zebuínas, no Brasil, deu-se, principalmente, nas primeiras décadas do século vinte, tendo sido encerrada em 1962. Desde então, a população zebuína teve um crescimento vertiginoso (Schenkel et al., 2002), e a pecuária de corte iniciou um trabalho de seleção que, se no início, colocou mais ênfase no estabelecimento de um padrão racial bem definido, evoluiu rapidamente, priorizando características produtivas, notadamente, melhoria do desempenho ponderal (Euclides-Filho et al., 2000).

No ano de 1957 foi descrito, que na fazenda Santa Marina (Araçatuba – SP), nasceu um bezerro filho de pais registrados (Kong, O.M. e a vaca Capanga), puros de origem, com uma característica peculiar para a raça Nelore (e nas raças índicas em geral): era mocho de nascimento. O bezerro recebeu o nome de Caburey e foi selecionado e mantido para a reprodução na propriedade onde nasceu. Caburey foi acasalado com vacas de excelente caracterização racial, dando produtos 100% mochos, evidenciando o caráter dominante da característica. Pouco tempo depois Capanga teve outro bezerro mocho, desta vez filho do touro “Netinho”. O emprego intenso do touro Caburey no rebanho Nelore da Fazenda Santa Marina, inclusive por consanguinidade, fixou o caráter e deu origem a um rebanho com importantes características econômicas (Santiago, 1987; Rosa et al., 1992; Vozzi et al., 2004).

Durante muitos anos, a raça Nelore contou com número reduzido de animais, porém, nos últimos decênios essa raça se expandiu surgindo variedades, dentre elas a Mocha que assume hoje o segundo lugar em número de registros genealógicos (Tabela 1), o qual teve início no ano de 1969. De acordo com alguns pesquisadores, o fator mocho vem do gado nacional, descendente de bovinos de origem européia (Faria et al., 2000; Faria et al., 2002a).

Os pecuaristas daquela época começaram a observar que os animais mochos apresentavam as mesmas características do Nelore Padrão, com algumas vantagens como: maior lotação nos caminhões, currais e cochos; diminuição das constantes lesões de carcaças e couros por estocadas e manejo menos perigoso. Diante das vantagens de se trabalhar com esses animais sem perder o potencial produtivo, passaram a investir nessa nova variedade de Nelore, exclusivamente brasileira.

Tabela 1 – Distribuição de registros de nascimento (RGN) e definitivo (RGD) das raças/variedades na Associação Brasileira dos Criadores de Zebuínos (ABCZ), durante o período de 1939 a 2011

<b>Raça/Variedade</b>	<b>RGN</b>	<b>RGD</b>
Gir Mocha	38.787	31.662
Gir	667.029	384.157
Guzerá	387.686	191.216
Indubrasil	213.815	128.693
Nelore	7.672.614	3.620.268
Nelore Mocha	717.514	678.771
Sindi	16.334	10.112
Sindi Mocha	88	180
Tabapuã	327.286	180.585
Cangaian	94	138
Brahman	131.117	83.954
<b>TOTAL</b>	<b>10.172.364</b>	<b>5.309.736</b>

Fonte: Superintendência técnica da ABCZ, 2012. Estatísticas.

Segundo a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), apesar de terem ingressado no país menos de 7.000 animais zebuínos, o Brasil conta nesta primeira década do século XXI, com um plantel de cerca de 200 milhões de cabeças, 80% das quais com participação racial de zebuínos (Ferraz & Eler, 2010), desempenhando significativo papel na produção pecuária brasileira. Atualmente, a raça de corte mais importante para o Brasil é a Nelore, não só por servir como base para realização de cruzamentos, mas também por apresentar o maior efetivo de registros de animais puros (Faria et al., 2010a).

A variedade Nelore Mocha destaca-se pela ausência de chifres, sendo permitido batoque ou calo, sem protuberância córnea. Os animais mochos apresentam musculatura compacta e bem desenvolvida, com barbela solta pregueada, umbigo curto, bainha e prepúcio leves. O cupim é bem implantado sobre o garrote, desenvolvido, em forma de castanha de caju, apoiando-se sobre o dorso. Nas fêmeas, o cupim é menos desenvolvido e menos caracterizado quanto à forma e apoio (ACNM – Associação dos Criadores de Nelore Mocho).

A preferência dos criadores pelo gado mocho tem contribuído para o crescimento das populações de bovino com essa característica. Dos animais zebuínos mochos, a variedade Nelore é a mais difundida no país, sendo criada em 20 Unidades da Federação. Os principais Estados criadores são: São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e Bahia (Rosa et al., 1992). Assim, apesar do pequeno tamanho efetivo da população encontrado nos estudos, a existência de diferentes linhagens permitiu a exploração da complementariedade das características de interesse econômico nesta variedade (Marcondes et al., 2007).

## 2.2. O Melhoramento Genético na Pecuária de Corte Brasileira

O melhoramento genético animal tem como objetivo aprimorar o desempenho produtivo dos rebanhos nos diversos sistemas de produção. Para isso, um dos métodos utilizados é a seleção, que identifica os melhores indivíduos de uma população, baseado em critérios bem definidos. Em função da seleção, ocorrem alterações na composição genética dos rebanhos, e conseqüentemente, mudanças nas frequências dos genes, favorecendo a expressão de fenótipos desejáveis (Laureano et al., 2004). Em vista disso, o melhoramento envolve atingir o equilíbrio adequado entre a intensa seleção de um pequeno número de pais da atual geração e a manutenção da variação genética aditiva suficiente para permitir uma resposta substancial nas gerações futuras (Weigel, 2001).

O sucesso no melhoramento genético de qualquer espécie depende, fundamentalmente, de quatro princípios básicos: 1 – medir com o menor erro possível as características a serem melhoradas; 2 – identificar com precisão os animais melhoradores; 3 – permitir que estes animais deixem maior número de filhos em relação à média da população; e, 4 – garantir que o fluxo de genes seja sempre no sentido de animais (rebanhos) de maior mérito genético para os de menor (Alves et al., 1999).

Com a necessidade de melhorar o rebanho para ser mais competitivo comercialmente, o pecuarista está, cada vez mais, buscando novos métodos de realçar as características de interesse econômico do seu plantel, intensificando os esforços para a identificação de animais com maior precocidade de crescimento e reprodução (Lira et al., 2008). Contudo, para manter a competitividade, é preciso aumentar a produtividade dos bovinos, o que pode ser atingido pela combinação de melhor manejo, nutrição, reprodução e sanidade, aliados a animais de maior potencial genético (Ferraz-Filho et al., 2002). Nesse contexto, o melhoramento genético também constitui recurso para aumentar os índices de produção (Weber et al., 2009).

Os problemas de manejo, em geral e, particularmente, reprodutivos de toda ordem, constituem a principal causa de perdas na bovinocultura nos países em desenvolvimento. A ausência de programas de seleção eficientes, associada à baixa fertilidade e a deficientes manejos sanitários e alimentar, contribuem para estas perdas e para o baixo desempenho no crescimento do gado de corte nestes países (Miranda et al., 2004). Nesse sentido, o conhecimento das potencialidades e limitações das raças é importante, pois fornece orientação para programas de melhoramento voltados ao aproveitamento dos benefícios da heterose, da combinação aditiva e da complementaridade entre as raças com o objetivo final de melhorar a eficiência e a qualidade do produto (Lima et al., 2005; Lopes et al., 2009).

A década de 2000 foi marcada pela consolidação do Brasil como potência na produção e exportação de carne bovina, e em 2004 o país assumiu a primeira colocação dentre os exportadores. O Brasil é o quinto maior país do mundo em território, com 8,5 milhões de km<sup>2</sup> de

extensão, com cerca de 20% da sua área (174 milhões de hectares) ocupada por pastagens. A maioria do rebanho de 209 milhões de cabeças (maior rebanho comercial do mundo) é criada a pasto (estima-se que somente 3% desse quantitativo são terminados em sistema intensivo). As chuvas interferem diretamente na qualidade das pastagens e, portanto, na oferta e preço do gado de região para região (ABIEC, 2012).

Mesmo sendo composta, na grande maioria, por raças zebuínas, altamente rústicas e adaptadas ao clima tropical e responsável por aproximadamente 9% do produto interno bruto (PIB), a pecuária nacional apresenta índices incompatíveis com as demandas impostas por uma economia cada vez mais globalizada (Knackfuss et al., 2006). Portanto, merece ser tratada pelos governantes, criadores e demais elos desta cadeia, com devido respeito e de forma organizada, devendo ser utilizadas as ferramentas mais modernas existentes, que proporcionam ganhos genéticos mais rápidos, não só colaborando para o país manter sua posição de maior exportador de carne do planeta, com aproximadamente 30% do volume comercializado internacionalmente, mas melhorando a qualidade e valor agregado dos produtos deste segmento (Ferraz & Eler, 2010).

No Brasil devido à diversidade de condições ecológicas e os mais diferentes sistemas de produção, existe a necessidade de estudos sobre os índices produtivos dos rebanhos por regiões, contribuindo para o melhoramento de sua pecuária (Conceição et al., 2005). Essa grande variabilidade entre as várias regiões do país e também entre os vários sistemas de criação constitui base eficaz para melhorar geneticamente a produção de carne. Isso se aplica, principalmente, nos estados do Nordeste, onde as limitações climáticas e dos poucos trabalhos de pesquisa desenvolvidos nessa área dificultam o estabelecimento de programas de melhoramento (Biffani et al., 1999).

A pecuária da região Nordeste do Brasil é composta, basicamente, por animais zebuínos puros ou mestiços criados a pasto, sobretudo por sua grande adaptação às condições edafoclimáticas desta região, sendo representados, principalmente, pela raça Nelore. Como consequência de secas periódicas, baixo potencial genético dos animais e das pastagens, os índices produtivos destes animais são baixos e têm como um dos motivos a falta de programas de melhoramento genético abrangentes (Holanda et al., 2004; Malhado et al., 2005).

Os crescentes esforços, nos últimos tempos, no sentido de transformar a exploração da pecuária de corte em uma atividade mais eficiente e rentável, transformaram o setor em diferentes proporções criando basicamente dois grupos bastante distintos. Por um lado, os criadores descapitalizados, com sistemas de criação mais extensivos, lutam para tentar manter-se no mercado, enquanto os mais tecnificados buscam sempre novas alternativas para intensificar a sua produção e ampliar o seu retorno financeiro. A genética dos rebanhos é uma das principais preocupações atuais dos produtores que buscam novas alternativas, pois é sabido

que a eficiência na resposta a determinado manejo nutricional é diretamente proporcional à superioridade genética dos animais utilizados na propriedade (Fernandes et al., 2002).

A bovinocultura de corte brasileira vem exibindo índices de desenvolvimento incontestáveis, respondendo, na balança comercial, por parcela significativa da receita creditada ao agronegócio, que mostra o panorama dessa atividade nos últimos 18 anos (Tabela 2). Este aspecto justifica a implementação de programas de avaliação genética aplicados às diferentes raças e/ou variedades, no intuito de fornecer informações mais precisas e indispensáveis ao crescimento desse setor produtivo (Cunha et al., 2006).

Neste sentido, o desenvolvimento de técnicas computacionais e métodos estatísticos mais completos, associados ao conhecimento em genética quantitativa podem melhorar a acurácia das estimativas dos valores genéticos e contribuir diretamente com a correta identificação de animais com alto potencial genético (Rezende et al., 2004).

Tabela 2 – Levantamento da pecuária bovina de corte no Brasil

Ano	Rebanho Bovino (milhões)	Produção (mil ton. <sup>1</sup> )	Abate (milhões de cab.)	Exportação (mil ton. <sup>1</sup> )	Importação (mil ton. <sup>1</sup> )
1994	158,2	5.028,4	26,0	378,4	195,9
1995	155,9	5.251,4	27,0	285,1	261,5
1996	153,1	5.977,2	31,0	278,4	195,7
1997	156,1	5.867,2	29,1	286,7	176,6
1998	157,8	6.195,6	30,2	377,6	135,1
1999	159,2	6.396,5	31,3	559,9	83,2
2000	164,3	6.681,7	32,5	591,9	99,9
2001	170,6	7.150,8	33,8	858,3	49,3
2002	179,2	7.540,2	35,5	1.006,0	100,7
2003	189,1	7.792,0	37,6	1.300,8	63,7
2004	197,8	8.487,8	41,4	1.854,4	53,3
2005	200,3	8.775,9	43,1	2.197,6	49,2
2006	199,1	9.052,7	44,4	2.200,0	28,5
2007	193,2	9.296,7	45,0	2.350,0	28,0
2008	191,2	9.000,0	42,8	2.163,0	25,8
2009	193,1	9.180,0	43,6	1.926,0	25,0
2010	-	9.486,0	-	1.731,0	-
2011	≈ 209,0	9.771,0	-	1.650,0	-

Fonte dos dados básicos: IBGE e SECEX/MDIC.

Adaptado de ABIEC (2012).

<sup>1</sup>Em mil toneladas em Equivalente Carcaça.

- dados não disponíveis; ≈ aproximadamente.

O controle e o acompanhamento da genética dos rebanhos é, atualmente, uma técnica indispensável, uma vez que, com base nas informações fornecidas por este acompanhamento é que são tomadas decisões relacionadas à seleção, necessárias para a continuidade do melhoramento genético destes rebanhos (Boligon et al., 2005). A escassez de informações



dificulta o trabalho de seleção dentro e entre rebanhos, não só em razão das diferenças de condições ambientais e de criação a que estariam submetidos os animais, mas também pela diferença entre os genótipos (Santoro et al., 2005).

Neste contexto, observa-se ainda carência de programas de seleção com bovinos de corte, que sejam constituídos para fornecer evidências objetivas sobre respostas diretas e correlacionadas para características de interesse econômico (Knackfuss et al., 2006). De acordo com Lima et al. (2005), uma das maneiras de se avaliar a eficiência do programa de melhoramento genético empregado, é por meio da tendência genética ao longo dos tempos, pela qual se avalia a mudança proporcionada pelo processo de seleção.

Sendo assim, o rebanho bovino brasileiro está em plena evolução, com melhoria contínua dos seus índices zootécnicos, se tornando cada dia mais produtivo e eficiente. A maior e melhor produção, sem ampliar a área de exploração, tem permitido que a pecuária brasileira se torne cada vez mais sustentável, uma referência no mundo inteiro (ABIEC, 2012).

### **2.3. Estrutura Genética Populacional**

O termo população tem vários significados; porém, para o geneticista, população é um conjunto de indivíduos da mesma espécie, que ocupam o mesmo local, apresentam uma continuidade no tempo e possuem a capacidade de se intercasalar ao acaso, e, produzir prole fértil. Toda população tem um reservatório gênico que lhe é particular, caracterizando a população. Este reservatório é transmitido através das gerações. Além disso, é fácil visualizar que em uma população o indivíduo tem uma importância transitória; o que interessa mesmo são os alelos que ele possui e que serão transmitidos (Ramalho et al., 1996).

A estrutura genética populacional de uma espécie, ou seja, o conjunto de suas características genéticas e demográficas, é resultante da ação e das interações de uma série de mecanismos evolutivos e ecológicos. Um dos objetivos da genética de populações é tentar explicar, de maneira integrada, as funções dos mecanismos microevolutivos como seleção, fluxo gênico, deriva genética, na diferenciação de populações em ambientes heterogêneos, relacionando-os à distribuição dos indivíduos tanto no tempo como no espaço (Martins, 1987).

A genética de populações fornece subsídios para o melhoramento das populações animais e, fornece ainda, as bases necessárias à compreensão de como se processa a evolução desta na natureza. As propriedades genéticas das populações são determinadas a partir do conhecimento de suas frequências alélicas e genotípicas. As frequências alélicas correspondem às proporções dos diferentes alelos de um determinado gene na população. Por sua vez, as genotípicas são as proporções dos diferentes genótipos na população de indivíduos (Ramalho et al., 1996).

O interesse sobre a estrutura das populações bovinas tem sido crescente, visto que estas têm sofrido alterações, e as relações entre endogamia e variabilidade genética podem se tornar importantes (Faria et al., 2004b). Dessa maneira, o conhecimento da evolução genética de uma população é importante não só para os ajustes eventualmente necessários, mas também para avaliar o resultado do programa de seleção adotado (Euclides-Filho et al., 2000; Malhado et al., 2008b; Weber et al., 2009).

Segundo Faria et al. (2002a) e Faria et al. (2002b) as populações reais, selvagens ou domésticas, detêm certa estrutura populacional. Em programas de melhoramento animal, em que existe a propagação de genes, a estrutura populacional inicial apresenta alterações na frequência gênica com o passar dos anos. A existência de uma estrutura piramidal, com fluxo gênico preponderantemente unidirecional, favorece a diminuição das diferenças existentes entre rebanhos. Em seguida às alterações estruturais, ocorrem reduções da variabilidade genética (que podem ser quantificadas pelo coeficiente de endogamia) e do número de linhagens e de genomas fundadores (quantificados por meio do número efetivo de fundadores e de genomas remanescentes). Para Reis-Filho et al. (2010), a estruturação de populações pode ocorrer também através de subpopulações com uma migração e fluxo de genes limitada, resultando em subpopulações completamente isoladas que agravam os problemas de conservação de grupos genéticos. Subpopulações estruturadas não são comuns em bovinos de leite ou corte em função do uso frequente de inseminação artificial que aumentam o fluxo de genes.

Vários trabalhos têm sido desenvolvidos em diferentes espécies animais, como bovinos, bubalinos e equídeos (Cleveland et al., 2005; Gutiérrez et al., 2005; Valera et al., 2005, McParland et al., 2007; Carolino & Gama, 2008; Cervantes et al., 2008; Malhado et al., 2008a; Martinez et al., 2008), para avaliar a endogamia, tamanho efetivo, intervalo de geração, diversidade genética e, diversos outros parâmetros populacionais, por meio das informações de *pedigree* e, também, com a utilização de marcadores moleculares (Chikhi et al., 2004; Serrano et al., 2005). Para os estudos populacionais, estas informações são ferramentas importantes, e têm como vantagem o baixo custo e a simplicidade de obtenção quando comparadas ao uso de marcadores moleculares (Malhado et al., 2009; Carneiro et al., 2009).

Modernos métodos de avaliação genética e de estimação de parâmetros genético, como por exemplo as técnicas de genética molecular, vêm sendo utilizados em estudos populacionais de animais domésticos. Por outro lado, as informações de *pedigree* continuam sendo empregadas em vários trabalhos. No entanto, todas essas metodologias são extremamente importantes para o melhoramento genético (Malhado et al., 2008b). O estudo conjunto do progresso genético e da estrutura populacional por meio de informações de *pedigree* é imprescindível para o desenvolvimento da bovinocultura de uma região. Além disso, ambas são importantes para se entender o histórico do melhoramento das raças e para nortear ações futuras

que permitam alcançar maiores ganhos genéticos (Malhado et al., 2008b; Carneiro et al., 2009; Malhado et al., 2009).

É por meio do conhecimento acerca da genealogia dos animais, aliado aos dados fenotípicos coletados, que é possível realizar avaliações genéticas de reprodutores no intuito de gerar uma importante etapa na elaboração de programas de melhoramento genético de qualquer espécie. Por esse motivo, a coleta acurada da genealogia dos animais é fundamental, pois as avaliações dependem de informações contidas nos *pedigrees* (Albuquerque, 2010).

Não obstante, para que os programas de melhoramento genético tornem-se viáveis, é necessário o conhecimento dos diversos fatores que possam intervir no progresso genético e na seleção, tais como, variabilidade genética, intervalo de gerações e tamanho efetivo. Diante disso, Vozzi et al. (2006), avaliando a estrutura e a variabilidade genética na raça Nelore e na variedade Nelore Mocha do Brasil, utilizando os parâmetros com base na probabilidade de origem do gene, verificaram que a variedade Mocha possui baixos níveis de variabilidade genética em relação às outras raças de menor tamanho populacional. O uso de biotecnologias reprodutivas, tais como, a inseminação artificial e a fertilização *in vitro* e, o fato do rebanho fundador ter sido formado por um pequeno número de reprodutores, e ainda, pela preferência pelo uso de certos touros, levaram à redução da diferença genética tanto dentro como entre as linhagens. Assim, autores sugeriram que o controle da variabilidade genética deve ser rigoroso, a fim de evitar perdas futuras de alelos que poderão afetar características economicamente importantes.

### 2.3.1. Tamanho Efetivo

O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) é definido como o tamanho de uma população idealizada, que daria origem à taxa de endogamia ( $\Delta F$ ) (Gutiérrez et al., 2003). O  $N_e$  nos permite prever a redução da variância genética nas próximas gerações, assumindo que o mesmo foi bem estimado no passado (Boichard et al., 1997). Quando poucos animais são pais de muitos descendentes ocorre aumento na variância do tamanho de família que é inversamente proporcional ao tamanho efetivo da população ( $\sigma^2_f = 1/N_e$ ). Por sua vez, o tamanho efetivo da população também é inversamente proporcional à taxa de endogamia ( $\Delta F = 1/2N_e$ ) (Faria et al., 2001b).

Por outro lado, os parâmetros derivados de probabilidades de origem do gene, parecem ser mais descritivos do que preditivos. Indiretamente, eles podem ser usados para se obter o  $N_e$  (Boichard et al., 1997). Assim, o  $N_e$  de uma população é um parâmetro chave na genética evolutiva e quantitativa, porque mede a taxa de deriva genética e endogamia populacional. Como a variação genética neutra (aquela que não é expressa no fenótipo) depende diretamente

destes fatores, o tamanho efetivo fornece uma predição do impacto das práticas de manejo sobre a variação genética (Caballero, 1994).

O conceito de tamanho efetivo é importante na descrição de populações e em programas de melhoramento devido às suas relações com a endogamia e deriva genética (Faria et al., 2001a). O monitoramento deste parâmetro é muito valioso, visto sua influência na variação genética (Faria et al., 2001b). Recentemente tem-se dado enfoque a esse parâmetro, posto que a intensa utilização de poucos reprodutores como pais pode elevar a variância do tamanho de famílias que é uma das principais causas de diminuição do tamanho efetivo, contribuindo também para o aumento da endogamia na população (Vercesi-Filho et al., 2002a; Cunha et al., 2006).

Na ausência de seleção, todos os indivíduos de uma população tem o mesmo número esperado de descendentes, e as diferenças no tamanho da família são devidas à amostragem aleatória dos indivíduos entre as famílias sob um determinado sistema reprodutivo. Na prática, porém, populações sob seleção, e, em geral, famílias que não têm probabilidades iguais de contribuição para a geração seguinte, por questões hereditárias e não-hereditárias, levam a um aumento da homozigose e mudanças aleatórias na frequência gênica. Quando a seleção atua sobre uma característica hereditária, o  $N_e$  não pode ser previsto somente a partir da variância do tamanho da família em uma determinada geração, pois, uma fração da vantagem seletiva dos indivíduos permanece nos descendentes ao longo de gerações. Desse modo, a progênie de um indivíduo com um alto valor seletivo tende a produzir um grande número de filhos. Portanto, uma fração de mudanças aleatórias na frequência gênica em uma determinada geração está positivamente correlacionada com as mudanças nas gerações anteriores (Santiago & Caballero, 1995).

Vários trabalhos realizados com bovinos criados no Brasil, demonstram uma ampla diversidade entre os valores de tamanho efetivo (Tabela 3). Algumas dessas populações estão com  $N_e$  muito reduzidos em comparação às recomendações da literatura, o que traz preocupação quanto a manutenção da variabilidade genética e maximização do ganhos genéticos nessas populações, posicionando alguns grupos genéticos sob risco de extinção (Sindi, Gir Mocho e Indubrasil).

A intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o  $N_e$ . É importante associar a estes dois fatores o coeficiente de herdabilidade e trabalhar no sentido de aumentá-lo, pela diminuição da variância ambiental. Os benefícios do aumento da herdabilidade são evidentes, pois, com maior precisão na seleção, a adoção de alta intensidade de seleção pouco deverá contribuir para a perda aleatória de alelos favoráveis (Malhado et al., 2008b).

Carneiro et al. (2006) ressaltaram a importância de se trabalhar com populações com tamanhos efetivos grandes (maior número de animais e relação macho-fêmea mais estreita),

evitando-se a utilização de poucos machos para número grande de fêmeas, o que reduziria o tamanho efetivo da população. A redução do  $N_e$  pode ser atribuída a fatores como flutuações no tamanho populacional, desvios da razão de sexos de 1:1 e a diferenças no sucesso reprodutivo, o que pode ser observado com o aumento da variância do número de progênies.

Tabela 3 – Tamanho efetivo ( $N_e$ ) de diferentes populações bovinas

Raça/Varietade	Local	Período	$N_e$	Autor
Gir Mocho	Brasil	1994 -1998	70	Faria et al. (2001a)
Sindi	Brasil	1994 -1998	19	Faria et al. (2001b)
Tabapuã	Brasil	1994 - 1998	55	Vercesi-Filho et al. (2002a)
Indubrasil	Brasil	1994 - 1998	42	Vercesi-Filho et al. (2002b)
Nelore Mocho	Brasil	1994 - 1998	124	Faria et al. (2002a)
Nelore	Brasil	1994 -1998	68	Faria et al. (2002b)
Guzerá	Brasil	1994 - 1998	117	Faria et al. (2002c)
Gir	Brasil	1994 - 1998	45	Faria et al. (2002c)
Sindi	Brasil	1994 -1998	9	Faria et al. (2004a)
Caracu	São Paulo	1997 - 2002	64	Pereira et al. (2005)
Gir Mocho	Brasil	1994 -1998	24	Faria et al. (2006)
Nelore	Bahia	1994 - 2001	469	Malhado et al. (2008b)
Nelore	Sertão Nordeste	1976 - 2006	100 - 200	Malhado et al. (2009)
Indubrasil	Nordeste	1998 - 2000	26	Carneiro et al. (2009)
Gir	Brasil	1994 - 2002	200	Reis-Filho et al. (2010)

O número total de indivíduos sob controle em um programa de melhoramento genético animal geralmente é limitado por fatores econômicos. A escolha do tamanho efetivo da população depende, principalmente, dos parâmetros de fertilidade e fecundidade, bem como nas previsões de resposta à seleção. De todas as variáveis que um criador pode manipular, o tamanho da população é a que tem a maior gama de consequências. A curto prazo, este parâmetro influencia o diferencial de seleção, a depressão por endogamia e a redução da variância genética devido à deriva genética. A longo prazo, afeta o limite de seleção e a utilização de uma nova variação decorrente da mutação (Toro & Pérez-Enciso, 1990).

O aumento da endogamia pode ser utilizada para obter o tamanho efetivo de uma população. No entanto, esse método reflete principalmente os efeitos a longo prazo da escolha da seleção e é muito sensível à informação incompleta de *pedigree*. Três parâmetros derivados das probabilidades de origem de gene podem ser uma alternativa viável e complementar. Esses parâmetros são, o número efetivo de fundadores, o número efetivo de fundadores genomas remanescentes, e o terceiro parâmetro que é o número efetivo de ancestrais, representando os pontos de estrangulamento em um *pedigree* (Boichard et al., 1997).

Uma das causas de perda de alelos nas populações é a diminuição do número de reprodutores em determinado período (efeito gargalo), o que é levado em consideração quando

houver estimação do número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), que representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para explicar a total diversidade genética da população estudada, ao passo que o número efetivo de genomas remanescentes ( $f_g$ ) avalia o número de alelos fundadores que são mantidos na população para dado loco. Por outro lado, a razão  $f_e/f_a$  expressa o efeito “gargalo” e resulta da diminuição do número de reprodutores entre períodos (Faria et al., 2004a; Faria et al., 2010a). O procedimento de cálculo do  $f_a$  permite individualização da contribuição de cada animal para a população referência (Vercesi-Filho et al., 2002b). O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) avalia a contribuição do patrimônio genético dos fundadores entre as gerações, por meio da reprodução, levando-se em consideração a seleção e a variação de tamanho de família (Faria et al., 2004b; Faria et al., 2006).

Quando cada um dos fundadores apresenta a mesma contribuição esperada, o  $f_e$  passa a ser igual ao número real de fundadores. Em qualquer outra situação, o  $f_e$  é menor que este. O equilíbrio esperado das contribuições dos fundadores é atingido quanto maior for o número efetivo de fundadores. Teoricamente, quanto maior o  $f_e$ , maior será a variabilidade genética da população. Já o parâmetro  $f_a$  complementa a informação oferecida pelo  $f_e$  por considerar perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desbalanceado de indivíduos para reprodução em gerações futuras, provocando a redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra, mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja restabelecido. Quanto maior a distância entre  $f_a$  e  $f_e$ , menor é a participação de todos os animais fundadores na população ao longo das gerações. O ideal é que o  $f_e$  seja igual ao  $f_a$ , ou que a diferença entre eles seja sempre a menor possível (Albuquerque, 2010).

Em espécies que apresentam sobreposição de gerações, como os bovinos, indivíduos contemporâneos podem diferir quanto à geração. O valor representativo da geração a que o indivíduo pertence, também denominado coeficiente de geração, corresponde ao número de segregações mendelianas a partir dos animais fundadores (Knackfuss et al., 2006).

### 2.3.2. Intervalo de Gerações

Gutiérrez et al. (2003) definiram o intervalo de geração como a idade média dos pais quando os seus descendentes tornam-se pais. Esse espaço, segundo Faria et al. (2002b) e Faria et al. (2010b), determina o tempo médio em que são transmitidos os genes dos pais para os filhos, podendo ser calculado como a média da idade do progenitor por ocasião do nascimento dos filhos, do primeiro ao último. Esse dado reflete principalmente sobre as decisões na taxa de descarte dos criadores, sendo portanto, inversamente proporcional ao ganho genético.

O intervalo de gerações pode ser apresentado de duas formas: a idade média dos pais quando nascem os filhos reprodutores ou idade média dos pais quando nascem os filhos, quer

fiquem para reprodução ou não. Na análise da estrutura populacional é indispensável a estimação do intervalo de gerações, visto que as perdas da variabilidade acontecem de geração em geração. Diante disso, se este intervalo é curto, as perdas de variabilidade genética irão se processar numa velocidade maior por unidade de tempo e vice-versa. Todavia, em um programa de melhoramento genético animal, quanto maior for o intervalo de gerações, menor será o ganho genético anual em uma dada população. Entretanto, a maioria dos rebanhos bovinos criados no território brasileiro, apresentam-se com elevados intervalos de gerações (Tabela 4). Isto, provavelmente, pelo uso contínuo de reprodutores nas propriedades, sem que haja uma substituição mais rápida por seus descendentes e/ou introdução de jovens touros avaliados, além do manejo nutricional e reprodutivo deficitário.

A taxa anual de endogamia também está relacionada inversamente ao intervalo de gerações, de forma que se fosse praticada seleção otimizando-se o ganho genético, o intervalo de gerações seria menor e, conseqüentemente, o acúmulo de endogamia num dado período aumentaria (Faria et al. 2002b).

Tabela 4 – Intervalo de gerações (IG) de diferentes populações bovinas

Raça/Varietade	Local	Intervalo médio (anos)	Autor
Gir Mocho	Brasil	7,18	Faria et al. (2001a)
Sindi	Brasil	7,65	Faria et al. (2001b)
Tabapuã	Brasil	7,17	Vercesi-Filho et al. (2002a)
Indubrasil	Brasil	7,46	Vercesi-Filho et al. (2002b)
Nelore Mocho	Brasil	7,09	Faria et al. (2002a)
Nelore	Brasil	8,27	Faria et al. (2002b)
Guzerá	Brasil	7,93	Faria et al. (2002c)
Caracu	São Paulo	5,7	Pereira et al. (2005)
Gir	São Paulo	5,65	Knackfuss et al. (2006)
Nelore	Bahia	8,3	Malhado et al. (2008b)
Nelore	Sertão Nordeste	8,7	Malhado et al. (2009)
Indubrasil	Nordeste	7,23	Carneiro et al. (2009)
Gir	Brasil	8,41	Reis-Filho et al. (2010)
Gir	Nordeste	7,90	Malhado et al. (2010)
Nelore	Brasil	9,0	Faria et al. (2010a)

A utilização de reprodutores por tempo limitado e/ou de jovens touros avaliados, funcionam como ferramentas para a redução do intervalo de gerações, principalmente, do intervalo pai-filho e pai-filha, além da possível redução na variância do tamanho de família que tende a minimizar decréscimos no tamanho efetivo da população (Faria et al., 2001b; Malhado et al., 2008b).

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, conseqüentemente um menor retorno econômico do programa (Faria et al., 2001b; Reis-Filho et al., 2010).

#### 2.4. Endogamia

A endogamia resulta do acasalamento, intencional ou não, de animais aparentados, sendo um manejo capaz de alterar a constituição genética da população. Isto se dá por meio do aumento da homozigose e, conseqüentemente, da diminuição da heterozigose, alterando assim, a frequência genotípica, mas não as frequências alélicas (Queiroz et al., 2000).

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 e outras). Porém, acima de certos níveis, pode deteriorar substancialmente o desempenho reprodutivo e produtivo dos rebanhos (Schenkel et al., 2002; Faria et al., 2002b).

Os pecuaristas poderão utilizar a endogamia de três maneiras: (1) avaliar criticamente um indivíduo, que envolve o teste para a presença de genes recessivos indesejáveis. Esse processo é necessário, antes de formar um programa de reprodução em torno daquele indivíduo. Por exemplo, um sistema planejado de acasalamento pode ser usado para testar um touro para um gene recessivo indesejável; (2) desenvolver linhagens para uso em um sistema de cruzamentos. Linhas de indivíduos geneticamente diferentes podem ser desenvolvidas usando-se a endogamia. Mais tarde, as linhas geneticamente diferentes podem ser utilizadas em cruzamentos; (3) concentrar no uso de indivíduos geneticamente superiores ou *Linebreeding* (quando os reprodutores se encontram em linha reta no *pedigree*). Essa endogamia direta é uma forma mais branda da endogamia, mantendo um elevado grau de relacionamento entre indivíduos no *pedigree*, apesar de terem um baixo nível de endogamia (Northcutt et al., 1995).

A utilização de indivíduos mais aparentados entre si que a média da população como pais da próxima geração tem como conseqüência o encontro de alelos, devido ao maior nível de homozigose, provocando alguma alteração na média do mérito individual (Shimbo et al., 2000; Breda et al., 2004). Esse fenômeno pode ocorrer por diversas razões, dentre as quais podem ser citadas as tentativas de criadores em obter animais que imprimam suas características raciais a seus filhos com grande intensidade (*imprinting* ou prepotência) ou então, o fato de em populações pequenas as opções para acasalamento serem reduzidas fazendo com que os pecuaristas acabem acasalando animais aparentados para a produção das próximas gerações (Shimbo et al., 2000).



Uma vez que um indivíduo endogâmico terá mais pares de alelos homocigotos do que um indivíduo não endogâmico, haverá menos combinações de alelos para as células espermáticas ou óvulos. Como resultado, os descendentes serão mais semelhantes entre si (Northcutt et al., 1995). Dentro desta concepção, os indivíduos aparentados apresentam um ou mais ancestrais em comum, fazendo com que a extensão da endogamia seja relacionada à quantidade de ancestrais que são compartilhados entre os pais dos indivíduos endogâmicos (Falcão et al., 2001).

A endogamia é bom indicador da probabilidade de fixação de alelos, isto é, o aumento na taxa de endogamia resulta em maior probabilidade de fixação de alelos (Carneiro et al., 2006). Dessa maneira, ela tende a fixar alelos favoráveis e desfavoráveis em alguns locos. Espera-se, portanto, que a resposta total e sua duração sejam reduzidas, e que a característica sob seleção seja determinada por um número finito de locos não-ligados, haja vista a redução na variância genética aditiva. Teoricamente, quando a resposta à seleção diminui, a população pode estar próxima do limite da seleção, que, ao ser alcançado, indica que todos os locos foram fixados (Breda et al., 2004; Carneiro et al., 2007). Isto significa dizer que para qualquer indivíduo ser considerado endogâmico, o mesmo deve ter pais aparentados, aumentando assim a chance dele ter segmentos de DNA idênticos por descendência. Tendo ambos os alelos idênticos, o indivíduo é homocigoto para tal loco (Faria et al., 2002b).

Endogamia alta implica redução da variabilidade genética, o que afeta as características relacionadas à reprodução e ao valor adaptativo dos animais, e a expectativa de se obter resposta futura à seleção (Cunha et al., 2006). Quando há pequena variabilidade genética aditiva em dado rebanho, observam-se pequenos ganhos genéticos, havendo necessidade de realização de estudos que estimem essa mudança genética nos programas de seleção de bovinos (Holanda et al., 2004). Dessa forma, como a endogamia pode resultar em declínio no crescimento dos animais, o ajustamento do desempenho individual para seus possíveis efeitos deve melhorar a análise de dados e estimativas de parâmetros genéticos, sendo que a taxa de declínio no desempenho, causada pela endogamia, deve refletir a importância da variação genética não-aditiva na característica (Oliveira et al., 1999).

Shimbo et al. (2000) trabalhando com a influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore, recomendaram o monitoramento do parentesco dos animais destinados a reprodução nos rebanhos, direcionando os acasalamentos, com intuito de manter baixo o nível de endogamia.

Dois tipos de trabalhos envolvendo estudos endogâmicos são encontrados na literatura, sendo utilizadas nomenclaturas distintas para cada tipo de estudo. O termo “taxa de endogamia” tem sido utilizado para expressar o comportamento dos coeficientes de endogamia individuais, paternos ou maternos ao longo dos anos de avaliação. Já o termo “efeito da endogamia” tem

sido usado preferencialmente para expressar a relação funcional entre as características produtivas e/ou reprodutivas e os coeficientes de endogamia (Balieiro, 2008).

#### **2.4.1. Coeficiente de Endogamia (F)**

O coeficiente de endogamia, representado pela letra F, pode ser definido como a chance de dois alelos presentes num dado loco de um indivíduo serem idênticos por descendência, em outras palavras; que estes sejam cópias herdadas do mesmo alelo em alguma geração anterior. Assim, o produto do acasalamento de pai com filha tem  $F= 25\%$ , igual ao acasalamento de irmãos completos, desde que não endogâmicos. Se o coeficiente de endogamia populacional aumenta, significa que os animais estão cada vez mais aparentados (Faria et al., 2002b). A grande maioria das características produtivas apresenta relação funcional desfavorável com o aumento dos coeficientes de endogamia.

A endogamia de um indivíduo é medida pelo coeficiente de endogamia, o qual afere o aumento percentual de pares de alelos em homozigose em um indivíduo endogâmico em relação à média da população a qual o indivíduo pertence (Oliveira et al., 1999). Se um touro tem um coeficiente de endogamia de 0,25, ele deverá ter 25% mais pares de alelos homozigotos do que um indivíduo não endogâmico de uma mesma população. Assim, poderá ter qualquer valor entre 0 e 1,0, embora seja pouco provável que este tenha um valor muito acima de 0,5 na maioria dos rebanhos bovinos. Estes coeficientes são relativos a uma determinada população. É muito fácil encontrar o valor 1,0 em espécies de plantas, onde a autofertilização é possível. Algumas linhagens de bovinos e suínos, que foram submetidos à intensa endogamia por 40 a 50 anos têm coeficientes médios de endogamia de 0,5-0,6 (Northcutt et al., 1995).

O coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o F (Breda et al., 2004). Como consequências das elevadas taxas de endogamia, têm-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pela capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (Faria et al., 2002b; Breda et al., 2004; Carneiro et al., 2007).

#### **2.4.2. Depressão Endogâmica**

A depressão por endogamia é um fenômeno genético inverso ao da heterose, que se caracteriza pela perda de vigor, devido a homozigose de alelos deletérios, ou seja, diminuição do desempenho de indivíduos consanguíneos em relação aos não consanguíneos. Esse efeito

provocado pelos acasalamentos entre indivíduos aparentados, é uma das consequências mais comuns da fixação de alelos, sendo mais pronunciada em características essencialmente quantitativas em que temos muitos alelos envolvidos e, talvez, seja uma das consequências mais visíveis em animais com endogamia elevada.

Na literatura, é frequente a constatação da influência significativa da endogamia do animal nas características de crescimento, avaliadas pelo peso do indivíduo em diferentes idades, e, também, o efeito significativo da endogamia da mãe sobre as características maternas, principalmente, nos pesos ao nascer e à desmama de seu filho (Queiroz et al., 2000). O conhecimento de aspectos populacionais e o estabelecimento dos níveis de endogamia para cada animal e da população, são necessários para orientar criadores no sentido de se prevenir a ocorrência de efeitos genéticos indesejáveis pela depressão endogâmica (Hauschild et al., 2002).

No entanto, Carneiro et al. (2007) evidenciam a importância do conhecimento sobre os impactos causados pelos efeitos da seleção na endogamia, na fixação de alelos e no limite de seleção, visto que a depressão endogâmica na característica sob seleção tem importante efeito sobre a resposta à seleção a médio e a longo prazo, considerando também, a redução na probabilidade de fixar genes favoráveis.

Em populações pequenas, o coeficiente de endogamia aumenta rapidamente antes que a seleção, sensivelmente, possa aumentar a frequência de alelos favoráveis. Embora pareça possível superar os impactos da depressão por endogamia desta maneira, isto só ocorre em características primárias da seleção. A endogamia, no entanto, afeta todos os locos no genoma simultaneamente (Muir, 2000).

Programas de melhoramento animal com recursos modernos de estimação de valores genéticos e tecnologia reprodutiva avançada, alcançam o progresso genético rápido, mas também levam ao acúmulo de endogamia através do forte impacto de alguns indivíduos ou famílias selecionadas. Taxas de endogamia são altas na maioria das espécies, e as perdas econômicas devido à depressão endogamia na produção, crescimento, saúde e fertilidade são uma séria preocupação (Weigel, 2001).

A maioria das pesquisas tem se concentrado na preservação de raças raras ou manutenção da diversidade genética dentro dos programas de melhoramento de núcleos fechados. No entanto, o tamanho aparentemente grande da população de muitas raças bovinas é enganosa, pois a endogamia é primariamente uma função da intensidade de seleção (Weigel, 2001). Em rebanhos de corte, os efeitos da endogamia sobre características produtivas têm sido geralmente prejudiciais (Faria et al., 2002b).

Carolino e Gama (2008) avaliaram a depressão por endogamia em características de bovinos de corte. Neste estudo, os autores investigaram se havia diferenças entre o touro e as famílias no efeito endogâmico individual e materno sobre o peso de bezerras aos 7 meses de idade. A análise da depressão endogâmica dentro da família sobre o peso dos animais,

indicaram que havia grande variação entre os touros no impacto que promoviam como contribuintes a cada depressão endogâmica, individual e materno. As diferenças entre os touros com coeficientes de regressão extremos foram de 1,6 e 3,6 kg para a depressão por endogamia individual e materna, respectivamente.

A melhoria do gerenciamento da depressão por endogamia fornecida pela seleção de animais reprodutores, pode permitir a redução do número de descendentes aparentados em um núcleo de seleção, no qual muitos dos critérios selecionados são complicados ou caros de se mensurar. A escolha dos animais que participaram da reprodução não controla diretamente os resultados da seleção além da próxima geração, porém, a longo prazo, a manutenção da variabilidade genética não permanece em pior situação comparada a uma linha de seleção padrão. Dessa maneira, não se deve minimizar a depressão por endogamia a curto prazo em detrimento da variabilidade genética a longo prazo (Sanchez et al., 1999).

As raças bovinas criadas em sistemas extensivos, muitas vezes sob sérias restrições climáticas e alimentares, podem apresentar maior impacto de depressão por endogamia, principalmente quando os efeitos endogâmicos são expressos em condições ambientais adversas (Carolino & Gama, 2008).

Assim, os animais que apresentem deficiências limitantes ou graves morrem ou são descartados, nos primeiros meses de vida, não fazendo parte, portanto, dos registros de pesagens da empresa rural. Se as limitações apresentadas pelos animais forem decorrentes da endogamia, isto não pode ser quantificado na análise de dados de características de importância econômica, uma vez que esses animais não tiveram a oportunidade de apresentar tal desempenho. Assim, o efeito adverso da endogamia é, possivelmente, muito mais pronunciado que o relatado, quando se trabalha com informações de rebanhos comerciais (Queiroz et al., 2000).

Depressão por endogamia tem o maior efeito sobre a eficiência reprodutiva, seguido por caracteres de crescimento, com pouco ou nenhum efeito sobre as características de carcaça. Outras características em que a depressão por endogamia tem sido documentada em bovinos de corte incluem a percentagem de desmame, peso ao nascimento, ganho pré-desmama, peso à desmama, ganho pós-desmama e peso final. É essencialmente o efeito oposto da heterose (vigor híbrido), que é a vantagem obtida a partir do cruzamento de linhas ou de raças (Northcutt et al., 1995).

Para Carrillo e Siewerdt (2010), o manejo genético de bovinos deveria contemplar estratégias para que os níveis de endogamia não fossem repassados às gerações futuras, em que seria possível observar redução no desempenho biológico ou uma ameaça para a qualidade dos programas de seleção. Esses autores desenvolveram uma metodologia para avaliar a depressão por endogamia, por meio da comparação empírica de quatro modelos estatísticos não lineares (Linear, Quadrático, Exponencial e Michaelis-Menten), em que os efeitos da endogamia sobre as características são determinados pelo ajuste de vários modelos de regressão sobre os erros

gerados pelo modelo animal. Apesar da importância da mensuração dos efeitos causados pela depressão endogâmica nos rebanhos bovinos, até o momento não foi identificado nenhum trabalho aplicando essa metodologia, no Brasil.

### 2.4.3. Coeficiente Médio de Relação (CR)

O coeficiente médio de relação (CR) ou *average relatedness coefficient (AR)* foi definido por Dunner et al. (1998) como a dupla probabilidade de dois alelos escolhidos aleatoriamente, um para o animal e outro para a população no *pedigree* (incluindo o do animal), serem idênticos por descendência, podendo assim, ser interpretado como a representação do animal em todo o *pedigree*, independentemente do conhecimento de seu próprio *pedigree*.

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). Dessa maneira, 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. No entanto, um baixo CR associado a uma alta taxa de endogamia, sugere uma utilização ampla de acasalamentos dentro do rebanho. Além disso, este parâmetro fornece uma informação complementar ao proporcionado pelo coeficiente de endogamia (Dunner et al., 1998). Portanto, o CR pode ser utilizado como uma alternativa ao F para prever a endogamia de uma população a longo prazo, porque leva em consideração a porcentagem do *pedigree* completo originado de um fundador (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Quando há uma subdivisão da população, os animais são acasalados dentro de subpopulações e uma diminuição no coeficiente de endogamia pode ser possível pelo acasalamento de animais de diferentes famílias. Além disso, o CR também aborda a chance de restabelecimento da raça, uma vez que leva em conta os coeficientes de coancestria, não só para os animais da mesma geração, mas também para aqueles de gerações anteriores, cujo potencial genético poderia ser interessante para ser preservado (Gutiérrez et al., 2003).

O CR de cada indivíduo no *pedigree* é calculado como a média dos coeficientes na linha correspondente ao indivíduo em relação a matriz de parentesco  $A$ . Ambos os alelos (para o animal e para a população) são incluídos no cálculo (Valera et al., 2005). Um vetor contendo os coeficientes de CR para todos os animais de um *pedigree* pode ser obtido por  $c' = (1/n) 1'A$ , em que  $c'$  é um vetor linha,  $c_i$  é a média dos coeficientes na linha do indivíduo  $i$ , no numerador da matriz de parentesco,  $A$ , de dimensão  $n$ . Em indivíduos fundadores, o CR pode ser calculado fixando o valor de 1 para cada indivíduo, quando este pertencer à população, 1/2 para cada filho desse animal na população, 1/4 para cada neto, e assim por diante, de acordo com o tamanho da

população, de tal maneira que o CR obtido irá indicar a sua contribuição genética para a população (Dunner et al., 1998).

A minimização da perda da variação genética, a qual está relacionada com a taxa de endogamia por unidade de tempo, é um aspecto importante a ser considerado a partir de uma perspectiva de conservação. Entretanto, a taxa de endogamia obtida pelo coeficiente de endogamia, não pode ser considerado um bom critério por causa de sua forte dependência em relação ao nível de integralidade que o *pedigree* deve apresentar. Em tais situações, o uso do CR oferece um bom complemento para prever a endogamia futura. Essa teoria mostra que, sob acasalamento ao acaso, o coeficiente médio de endogamia de uma geração é igual à metade do coeficiente médio de relação da anterior. O CR pode então ser usado para equilibrar a contribuição genética em diferentes níveis, linhas, famílias de fundadores ou ancestrais (Martínez et al., 2008).

Como a variabilidade genética depende muito do tamanho da população base, o uso do CR seria indicado para aumentar a representação dos fundadores em uma população atual. Além disso, para estabelecer um manejo adequado do material genético de uma população, não se deve avaliá-la apenas em termos de endogamia e probabilidades de origem do gene para conhecimento da evolução do seu patrimônio genético, mas também estudar a sua estrutura e demografia como um tema complementar (Goyache et al., 2003).

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 um indicador do grau de endogamia e coancestria dentro de cada rebanho (Goyache et al., 2003).

A partir do conhecimento dos valores de CR dos reprodutores dentro e entre rebanhos, é possível determinar a proximidade genética entre esses animais, o que é essencial na hora de determinar o intercâmbio de reprodutores dentro dos rebanhos. Desta forma, o CR pode ser usado como medida da distância genética entre rebanhos, pela comparação entre os coeficientes médio de relação de seus reprodutores (Barros, 2009).

Assim, o coeficiente médio de relação de um animal fundador indica sua contribuição genética para a população. Como vantagem, o CR pode ser utilizado como uma medida da endogamia entre subpopulações e, assim, servir de ferramenta para a gestão de populações através do uso de animais com menores níveis de CR na reprodução. Entretanto, em se tratando

de uma ferramenta, seu uso deve ser associado aos demais parâmetros como endogamia, número efetivo de fundadores e intervalo de gerações (Albuquerque, 2010).

## 2.5. Parâmetros e Tendência Genética

A correlação entre os valores genéticos de duas características pode ser interpretada como correlação genética dessas características (Ramos et al., 2009). Portanto, as correlações entre esses valores e entre a classificação dos animais, assumem grande importância quando se considera que, em programas de seleção, apenas os indivíduos com os melhores valores genéticos são escolhidos para reprodução, se os valores de correlação são baixos, um touro escolhido com base nas informações dos filhos criados em determinada região poderia não ser escolhido se avaliado pelas informações de seus filhos criados em outras regiões (Torral et al., 2004). Por isso, é interessante avaliar o ganho genético entre mães e filhos ao longo de várias gerações para se constatar se a correlação genética negativa entre efeitos direto e materno representa que as melhores mães estariam produzindo piores filhos (Holanda et al., 2004).

As características de crescimento dos animais, como o peso corporal, são importantes para a eficiência de qualquer sistema de produção de gado de corte e, por isso, têm sido utilizadas como critérios de seleção em diversos programas de melhoramento genético (Forni et al., 2007). Grande ênfase tem sido dada a essas características pelos criadores de diferentes raças, portanto, é importante que haja um acompanhamento dos progressos genéticos que os diferentes programas vêm realizando, como forma de se ter uma avaliação global da raça (Euclides-Filho et al., 2000). Os componentes de variância de características de crescimento são obtidos usualmente por meio de pesos padronizados em determinadas idades, como peso aos 210 dias (P210), peso aos 378 dias (P378), e outros. Esse tipo de avaliação tem se mostrado eficiente, uma vez que os avanços utilizando essa metodologia foram efetivos. Análises considerando intervalos pequenos de idade, como 10, 20 ou 30 dias, poderiam ser viáveis e úteis não fosse o problema de obtenção de bancos de dados com número de registros e estruturas populacionais adequadas em cada uma dessas idades (Cyrillo et al., 2004).

É possível alcançar significativo e constante progresso genético em características de crescimento, mesmo em rebanhos pequenos, por meio da seleção direcional, baseada em critérios simples de seleção, utilizando-se como informação o desempenho individual e uma reposição de touros e vacas, rápida e dinâmica (Mercadante et al., 2007).

Apesar das dificuldades na medição do peso ao nascer, uma vez que os sistemas de criação, em sua maioria, são extensivos, a magnitude de herdabilidade para essa característica indica grande participação da variação genética aditiva na sua determinação e sugere que a

seleção pode ser eficiente para promover progresso genético do rebanho para este peso (Weber et al., 2009).

A herdabilidade mede a influência da variação genética em relação à variação total de uma característica em uma população. É uma propriedade não somente de caractere, mas também da população e do ambiente em que é estimada (Souza et al., 2004). As correlações genéticas entre as características produtivas nos indicam se há antagonismo entre os genes responsáveis pelas mesmas, auxiliando na escolha dos reprodutores de acordo com objetivos a serem alcançados. Por isso, para definir planos de melhoramento genético, a estimativa da herdabilidade e das correlações genéticas para características de produção é um parâmetro fundamental. Com base em seu valor e na intensidade da seleção praticada, pode-se estimar a taxa de progresso genético ao longo das gerações (Boligon et al., 2005).

Garcia et al. (2003) observaram as mudanças genéticas aditivas diretas e maternas, dos pesos à desmama padronizados para os 205 (P205) dias de idade em bovinos Nelore Mocho. Eles verificaram que os pesos aos 205 dias têm suficiente herdabilidade para permitir rápidas mudanças através da seleção. O antagonismo genético observado entre os efeitos genéticos diretos e maternos, indica que a seleção intensiva para crescimento individual pode resultar em redução na performance materna, sugerindo que este componente não seja negligenciado em programas de melhoramento. Assim, as tendências genéticas aditivas observadas evidenciam a necessidade de se utilizar genótipos superiores nos rebanhos, devendo-se, porém, estar atento à variabilidade do rebanho, buscando-se continuamente utilizar os melhores reprodutores.

Estudos realizados com peso aos 120 dias de idade são importantes, porque correspondem ao pico de lactação em zebuínos. O peso à desmama (P205) é uma característica que expressa a capacidade materna da vaca, isto é, o quanto ela pode fazer o bezerro ganhar peso do nascimento à desmama. O peso ao ano (PA) é uma característica que expressa a habilidade do animal em ganhar peso no período pós-desmama. O peso ao sobreano (PSA), assim como o peso ao ano, também expressa a habilidade do animal em ganhar peso no período pós-desmama. Existe tendência de redução da idade do peso ao sobreano, com a finalidade de intensificar o processo de seleção, procurando selecionar animais que atinjam pesos desejados com a maior precocidade produtiva possível (Lira et al., 2008).

Araújo et al. (2010) estimaram parâmetros genéticos e tendências fenotípicas e genéticas para o peso a desmama em tourinhos mestiços Angus-Nelore e concluíram que o coeficiente de herdabilidade para todas as características indicaram considerável variabilidade genética aditiva direta, mostrando que é possível obter ganho genético através da seleção. As correlações genéticas entre peso e escore de conformação, precocidade e musculatura mostraram, no entanto, a possibilidade de correlação à resposta. As tendências genéticas indicaram a grande contribuição das fontes de variação não-genéticas para todas as características no período



estudado, evitando que estes animais exprimissem, fenotipicamente, todo o seu potencial genético.

A adequação do binômio genótipo-ambiente torna-se, cada vez mais, um elemento fundamental na sobrevivência do sistema de produção de carne bovina. No entanto, à medida que eficiência se torna um componente de fundamental importância no sistema de produção, faz-se necessário avaliar o progresso que vem sendo alcançado ao longo do tempo. Portanto, o monitoramento do progresso genético realizado deve ser uma preocupação de toda e qualquer raça (Euclides-Filho et al., 2000).

### 3 REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, A.L.S. **Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça Pardo-suíça no estado do Ceará**. Dissertação de Mestrado. Fortaleza (Ceará): Universidade Federal do Ceará. 48p. 2010.
- ALVES, R.G.O.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FLHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1219-1225, 1999.
- ARAÚJO, R. O.; RORATO, P.R.N.; WEBER, T.; et al. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.2398-2408, 2010.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Estatísticas**. [2011] Disponível em: <[www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html](http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html)> Acesso em 15/04/2011.
- ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE NELORE MOCHO – ACNM. Disponível em: <[www.neloremocha.com.br/index.php?id=Raça](http://www.neloremocha.com.br/index.php?id=Raça)> Acesso em 10/06/2011.
- ASSOCIACAO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE – ABIEC. **Estatísticas**. [2012]. Disponível em: <<http://www.abiec.com.br/estatisticas.asp>>. Acesso em 28/03/2012.
- BALIEIRO, C.C. **Aspectos genéticos e fenotípicos de características produtivas, temperamento e repelência em bovinos da raça Nelore**. Dissertação de Mestrado. Pirassununga (São Paulo): Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo. 89p. 2008.
- BARROS, E.A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí**. Dissertação de Mestrado. Recife (Pernambuco): Universidade Federal Rural de Pernambuco – Departamento de Zootecnia. 63p. 2009.
- BIFFANI, S.; MARTINS-FILHO, R.; GIORGETTI, A.; et al. Fatores ambientais e genéticos sobre o crescimento ao ano e ao sobreano de bovinos Nelore, criados no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.468-473, 1999.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v.29, p. 5-23, 1997.
- BOLIGON, A.A.; RORATO, P.R.N.; FERREIRA, G.B.B. Herdabilidade e tendência genética para as produções de leite e de gordura em rebanhos da raça Holandesa no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.1512-1518, 2005.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2017-2025, 2004.

CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v.73, p.657-679, 1994.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.84-91, 2006.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.369-375, 2007.

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

CARRILLO, J.A. & SIEWERDT, F. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **Journal of Animal Science**, v.88, p.87-95, 2010.

CERVANTES, I.; MOLINA, A.; GOYACHE, F.; et al. Population history and genetic variability in the Spanish Arab horse assessed via pedigree analysis. **Livestock Science**, v.113, p.24-33, 2008.

CHIKHI, L.; GOOSSENS, B.; TREANOR, A.; BRUFORD, M.W. Population genetic structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the Jersey, and its implications for genetic resource management. **Heredity**, v.1, p.1-6, 2004.

CLEVELAND, M.A.; BLACKBURN, H.D. ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **Journal of Animal Science**, v.83, p.992-1001, 2005.

CAROLINO, N. & GAMA, L.T. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p. 511-527, 2008.

CONCEIÇÃO, F.M.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C. et al. Fatores ambientais que influenciam o peso à desmama, ano e sobreano em bovinos da raça Nelore Mocha, no Sudoeste de Mato Grosso do Sul – Brasil. **Archives of Veterinary Science**, v.10, p.157-165, 2005.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.381-387, 2006.

CYRILLO, J.N.S.G.; ALENCAR, M.M.; RAZOOK, A.G. et al. Modelagem e estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos para pesos do nascimento à seleção (378 dias) de machos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.1405-1415, 2004.

DUNNER, S.; CHECA, M.L.; GUTIÉRREZ, J.P.; et al. Genetic analysis and management in small populations the Asturcon pony as an example. **Genetics Selection Evolution**, v.30, p.397-405, 1998.

EUCLIDES-FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; ALVES, R.G.O. et al. Tendência genética na raça gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, 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.; MADALENA, F.E. Estrutura da população de bovinos Nelore e Nelore Mocho: Resultados preliminares. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Belo Horizonte, **Anais...** Belo Horizonte: SBMA, 2000, p. 367-370.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30(6S), p.1984-1988, 2001a.

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, 2001b.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.501-509, 2002a.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. [2002b]. Endogamia na raça Nelore. In: VI Simpósio Nelore, 2002, Ribeirão Preto, **Anais...** Ribeirão Preto: Simpósio 2002 Nelore Natural. DBO Sul Editores Associados Ltda, 2002b. p. 69-77.

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

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura genética da raça Sindi no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.852-857, 2004a.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Variabilidade genética da raça Guzerá. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, V Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Pirassununga, **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004b.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura genética da raça Gir Mocha registrada no Brasil. **Boletim da Indústria Animal**, v.63, p.135-141, 2006.

FARIA, F.J.C.; DIAS, A.C.; VERCESI-FILHO, A.E. et al. Análise da estrutura genética de reprodutores da raça Nelore em centrais de inseminação: intervalo de gerações e variância do número de progênies. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, VIII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, Maringá, **Anais...** Maringá: SBMA, 2010a.

FARIA, L.C.; QUEIROZ, S.A.; VOZZI, P.A.; et al. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de *pedigree*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1133-1140, 2010b.

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, p. 321-330, 2002.

FERRAZ, J.B.S. & ELER, J.P. Parceria público x privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p. 216-222, 2010.

FERRAZ-FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; et al. 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, p. 635-640, 2002.

FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.572-577, 2007.

GARCIA, F.Q.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C. Tendência dos efeitos genéticos diretos e maternos do peso à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha na região pecuária Campo Grande e Dourados – Mato Grosso do Sul. **Archives of Veterinary Science**, v.8, p.93-97, 2003.

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

GUTIÉRREZ, J.P.; MARMI, J.; GOYACHE, F.; JORDANA, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangeres Catalanian donkey breed. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.378-386, 2005.

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.

HAUSCHILD, L.; RORATO, P.R.N.; EVERLING, D.M. et al. Coeficiente de endogamia em ovinos da raça Texel. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, IV Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, Campo Grande, **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002.

HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C.; SANTORO, K.R. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.185-194, 2004.

KNACKFUSS, F.B.; RAZOOK, A.G.; MARCADANTE, M.E.Z.; et al. Seleção para peso pós-desmama em um rebanho Gir. 1.Resposta direta e correlacionada em 21 anos de seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p. 715-725, 2006.

LAUREANO, M.M.M.; FORNI, S.; COSTA, R.B. ALBUQUERQUE, L.G. Estimativa da tendência genética de características de crescimento pré-desmama em bovinos da raça Nelore. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Pirassununga, SP, 2004.

LIMA, A.E.S.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; et al. Efeitos genéticos diretos e maternos e suas tendências em pesos à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária de Goiás. **Archives of Veterinary Science**, v.10, p.69-74, 2005.

LIRA, T.; ROSA, E.M.; GARNERO, A.V.; et al. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (Revisão). **Ciência Animal Brasileira**, v.9, p. 1-22, 2008.

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

MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.; et al. Tendências genéticas para características relacionadas à velocidade de crescimento em bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p. 215-220, 2008a.

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, 2008b.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS-FILHO, R.; AZEVEDO, D.M.M.R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore puro de origem no Sertão Nordestino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p. 713-718, 2009.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, A.C.M.; et al. History of registered Gyr breed in Brazilian Northeast: population structure and genetic improvement of growth traits. **Ciência Rural**, v.40, p. 1385-1391, 2010.

MARCONDES, C.R.; VOZZI, P.A.; ARAÚJO, R.O.; et al. Contribuição dos efeitos de genearcas e de famílias sobre a probabilidade de permanência em rebanhos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.59, p.977-982, 2007.

MARTÍNEZ, R.A.; GARCÍA, D.; GALLEGO, J.L.; et al. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. **Journal of Animal Science**, v.86, p.545-552, 2008.

MARTINS, P.S. Estrutura populacional, fluxo gênico e conservação “*in situ*”. **Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais**, v.35, p.71-78, 1987.

McPARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; RATH, M.; BERRY, D.P. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal Animal Science**, v. 85, p.322-331, 2007.

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A. et al. Análise genética multivariada e tendências genéticas de características de crescimento em rebanhos experimentais da raça Nelore. In: Reunión de La Asociación Latinoamericana de Producción Animal, 20ª, Cusco, **Anais...** (CD-ROM), 2007.

MIRANDA, E.Q.; LÔBO, R.N.B.; MARTINS-FILHO, R.; et al. Parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Guzerá nos estados do Ceará, Piauí e Rio Grande do Norte. **Revista Científica de Produção Animal**, v.6, p.59-71, 2004.

MUIR, W.M. 2000. **The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance**. In: Proceedings of the American Society of Animal Science. Disponível em: <<http://www.asas.org>> Acesso em: 25/01/2011.

NORTHCUTT, S.L.; BUCHANAN, D.S.; CLUTTER, A.C. [1995]. Inbreeding in cattle. Disponível em: <<pods.dasnr.okstate.edu/docushare/dsweb/Get/...1974/ANSI-3165web.pdf>>. Acesso em: 21/01/2011.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.721-728, 1999.

PEREIRA, M.C.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G.; RAZOOK, A.G. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p. 2245-2252, 2005.

QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; LANZONI, N.A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p. 1014-1019, 2000.

RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; et al. Critérios de seleção (GND e D160) para velocidade de crescimento em bubalinos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, v.10, p. 776-782, 2009.

ROSA, A.N.; SILVA, L.O.C.; PORTO, J.C.A. **Raças mochas: história e genética**. Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC, 1992. 64p. (EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 50).

REIS-FILHO, J.C.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S.; et al. Population structure of brazilian Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p. 2640-2645, 2010.

REZENDE, F.M.; MOURÃO, G.B.; FIGUEIREDO, L.G.G. et al. Efeito do uso dos coeficientes de endogamia na estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento em bovinos da raça Nelore. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Pirassununga, SP, 2004.

SANCHEZ, L.; TORO, M.A.; GARCÍA, C. Improving the efficiency of artificial selection: more selection pressure with less inbreeding. **Genetics**, v.151, p. 1103-1114, 1999.

SANTIAGO, A. A. **Gado Nelore: 100 anos de Seleção**. São Paulo: Ed. Dos Criadores LTDA, 1987, 592p.

SANTIAGO, E. & CABALLERO, A. Effective size of populations under selection. **Genetics**, v.139, p. 1013-1030, 1995.

SANTORO, K.R.; BARBOSA, S.B.P.; SANTOS, E.S.; BRASIL, L.H.A. Herdabilidades de parâmetros de curvas de crescimento não-lineares em zebuínos, no Estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p. 2280-2289, 2005.

SERRANO, G.M.; EGITO, A.A.; McMANUS, C.; MARIANTE, S. Genetic population structure of brazilian bovine breeds inferred by RAPD markers. **Archivos de Zootecnia**, v.54, p.409-414, 2005.

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.

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3, 2000, Belo Horizonte, **Anais...**, Belo Horizonte: SBMA, 2000. p. 388-390.

SOUZA, M.C.A.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; et al. Efeitos genéticos e ambientais sobre pesos à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária oeste São Paulo – Paraná. **Archives of Veterinary Science**, v.9, p.113-118, 2004.

TORAL, F.L.B.; SILVA, L.O.C.; MARTINS, E.N. Interação genótipo X ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p. 1445-1455, 2004.

TORO, M. & PÉREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. **Genetics Selection Evolution**, v.22, p. 93-107, 1990.

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.



VERCESI-FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002a.

VERCESI-FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; et al. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latinoamericanos de Produção Animal**, v.10, p.86-92, 2002b.

VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.F. et al. Estrutura de linhagens e variabilidade genética na raça Nelore. V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Pirassununga, SP, 2004.

VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C.U. et al. Structure and genetic variability in Nelore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.482-485, 2006.

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

WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v.84, p. 177-184, 2001.

## CAPÍTULO 1

### ESTRUTURA POPULACIONAL E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM BOVINOS NELORE MOCHO DA REGIÃO NORDESTE DO BRASIL

#### RESUMO

Objetivou-se com este estudo avaliar a estrutura populacional e os efeitos da depressão endogâmica, usando quatro modelos de regressão sob características produtivas e reprodutivas, em bovinos Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil. Para a análise da estrutura populacional foram utilizados dados de registros genealógicos de 45.785 animais nascidos entre 1960 e 2009. A depressão por endogamia foi verificada em caracteres produtivos, pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade, e em reprodutivos, idade ao primeiro parto (IPP) e o intervalo de partos (IDP). Os valores de tamanho efetivo ( $N_e$ ) foram altos em alguns períodos, principalmente nos últimos anos avaliados, registrando o maior valor (338) no período de 1992-1998. O intervalo de gerações médio encontrado foi de  $7,5 \pm 3,7$  anos. O número efetivo de animais fundadores ( $f_e$ ) e de ancestrais ( $f_a$ ) foi 288 e 283, respectivamente, sendo que, apenas 173 de todos os ancestrais (fundadores ou não) foram responsáveis por 50% da variabilidade genética da população atual. Cerca de 64,8% do rebanho possuem ICG nas faixas 2 ou 3. Na avaliação da subdivisão da população, as estimativas para as estatísticas F de Wright ( $F_{it} = -0,000071$ ;  $F_{st} = 0,013119$ ;  $F_{is} = -0,013365$ ) indicaram ausência de estruturação da população e fluxo gênico intenso. Os efeitos endogâmicos sobre as cinco características avaliadas foram determinados pelo ajustamento de quatro modelos de regressão (Linear, Quadrático, Exponencial e Michaelis-Menten) sobre os erros gerados pelo modelo animal. O modelo linear foi significativo ( $P < 0,05$ ) somente para as variáveis de crescimento P205 e P365, com exceção do P550. O modelo quadrático não foi significativo ( $P > 0,05$ ) para nenhuma das características avaliadas. Já os modelos exponencial e Michaelis-Menten foram significativos ( $P < 0,01$ ) para os cinco caracteres. As características P205, P365 e P550 diminuíram 0,24 kg, 0,29 kg e 0,29 kg para cada aumento de 1% na endogamia, respectivamente. A endogamia teve um efeito favorável na idade ao primeiro parto e no intervalo de partos. Apesar do baixo valor relatado para a média de F (0,25%), recomenda-se o monitoramento e a redução da taxa de endogamia na variedade Nelore Mocha, evitando-se o acasalamento de indivíduos mais aparentados a fim de minimizar acúmulos de endogamia ao longo das gerações, diminuindo os efeitos desfavoráveis causados pela depressão endogâmica, em características de importância econômica.

**Palavras-chave:** intervalo de gerações, tamanho efetivo, endogamia, idade ao primeiro parto, intervalo de parto

## CHAPTER 1

### POPULATION STRUCTURE AND INBREEDING DEPRESSION IN CATTLE NELORE POLLED REGION OF NORTHEASTERN BRAZIL

#### ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the population structure and the effects of inbreeding depression, using four regression models in productive and reproductive traits in Nelore Polled in Northeastern Brazil. For the analysis of population structure we used data of genealogical records of 45.785 animals born between 1960 and 2009. Inbreeding depression was observed in productive characters, weights set at 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) days of age, and reproductive age at first calving (AFC) and calving interval (CI). The values of effective population size ( $N_e$ ) were high in some periods, especially in recent years evaluated, with the highest value (338) in the period 1992-1998. The average generation interval found was  $7.5 \pm 3.7$  years. The effective number of founder animals ( $f_e$ ) and ancestors ( $f_a$ ) was 288 and 283, respectively, and that only 173 of all ancestors (founders or not) accounted for 50% of the genetic variability of the current population. Approximately 64.8% of the herd have ICG bands 2 or 3. In assessing the subdivision of the population, the estimates for the F statistics of Wright ( $F_{it} = -0.000071$ ;  $F_{st} = 0.013119$ ;  $F_{is} = -0.013365$ ) indicated the absence of population structure and gene flow intense. The effects of inbreeding on the five characteristics were determined by adjusting four regression models (linear, quadratic, exponential and Michaelis-Menten) on the errors generated by the model animal. The linear model was significant ( $P < 0.05$ ) only for the growth variables P205 and P365, with the exception of P550. The quadratic model was not significant ( $P > 0.05$ ) for any of the traits evaluated. Already exponential models and Michaelis-Menten were significant ( $P < 0.01$ ) for all five characters. The characteristics P205, P365 and P550 fell 0.24 kg, 0.29 kg and 0.29 kg for every 1% increase in inbreeding, respectively. Inbreeding had a favorable effect on age at first calving and calving interval. Despite the low value reported for the average F (0.25%), it is recommended that the monitoring and reduction of inbreeding in Nelore variety Polled, avoiding the mating of individuals more closely related to minimize the accumulation of inbreeding across generations, reducing the adverse effects caused by inbreeding depression on traits of economic importance.

**Keywords:** generation interval, effective size, inbreeding, age at first calving, calving interval

## 1. INTRODUÇÃO

A estrutura genética populacional pode ser definida como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações. Esta estrutura resulta da combinação entre mutação, fluxo gênico, seleção e deriva genética, as quais definem a distribuição da variabilidade genética nas populações (Carneiro et al., 2010). O principal objetivo, ao se definir a estrutura de populações, é estimar os parâmetros que as caracterizam, como a endogamia, o tamanho efetivo populacional e o intervalo de gerações, de modo que se possa direcionar o desenvolvimento de estratégias para gerenciamento adequado dos recursos genéticos para a preservação e o aproveitamento da máxima diversidade (Oliveira et al., 2011).

Informações de *pedigree* têm sido usadas para descrever a variabilidade genética em populações bovinas. As metodologias propostas por MacCluer et al. (1983) e Gutiérrez e Goyache (2005), foram aplicadas com sucesso em análises de variabilidade genética nas seguintes raças bovinas, em diferentes regiões do Brasil: Nelore Mocho (Faria et al., 2002a); Nelore (Malhado et al., 2008) e Indubrasil (Carneiro et al., 2009). Para os estudos populacionais, a coleta adequada destes dados tem a vantagem do baixo custo e da simplicidade de obtenção em comparação ao uso de marcadores moleculares (Carneiro et al., 2009). Adicionalmente, alguns parâmetros, largamente dependentes de manejo e dos sistemas de acasalamento, têm grande impacto na variabilidade genética (Malhado et al., 2008).

Ferramentas modernas utilizadas em programas de seleção têm contribuído para aumento constante nos níveis de endogamia em quase todas as espécies animais. Melhoria das técnicas reprodutivas, permitem maior contribuição de poucos indivíduos reprodutores para as próximas gerações (Weigel, 2001; Carrilo & Siewerdt, 2010). Tudo isso fez com que os programas de melhoramento não apenas acelerassem o progresso genético, mas também se tornassem mais propensos ao aumento da endogamia (Carvalho & Pimentel, 2004).

Os efeitos prejudiciais da endogamia foram documentados com detalhes e quantificados pela primeira vez por Charles Darwin (1876) em estudos com plantas. Darwin foi motivado pelo desejo de explicar porque a reprodução por fecundação cruzada é predominante na natureza e, o que, às vezes, mantém complexos mecanismos de cruzamento, e de sistemas que impedem a auto-fertilização. Todos os experimentos dele foram apoiados pela hipótese de que a auto-fecundação é altamente desvantajosa para a progênie produzida, com diminuição do vigor e da fertilidade na maioria das espécies estudadas (Charlesworth & Willis, 2009).

No entanto, níveis elevados de endogamia podem aumentar a frequência de genes deletérios indesejáveis, o que pode provocar problemas reprodutivos e produtivos, ou seja, depressão endogâmica (Gonçalves et al., 2011). Em bovinos de corte, as perdas por depressão endogâmica para características produtivas e/ou reprodutivas foram observadas por Penna

(1990), Shimbo et al. (2000), Schenkel et al. (2002), McParland et al. (2008), Santana Júnior et al. (2012), entre outros.

A depressão por endogamia pode ser quantificada como a redução do valor médio fenotípico de uma característica, a maior parte relacionada à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (McParland et al., 2009), com maior efeito sobre as características de reprodução, seguida de crescimento corporal, com pouco ou nenhum efeito para as características de carcaça (Northcutt et al., 1995), embora possa ser observado também em características de crescimento e na conversão alimentar (Carrillo & Siewerdt, 2010). É a manifestação de combinações gênicas desfavoráveis e, portanto, ocorre em características influenciadas por efeitos genéticos não aditivos (Carvalho & Pimentel, 2004).

Apesar da sua importância, existem poucos estudos na literatura sobre os níveis de endogamia e sua influência nos índices reprodutivos dos animais da variedade Nelore Mocha. Assim, faz-se necessário verificar os níveis de endogamia nessa população com o objetivo de orientar e alertar os criadores para possíveis riscos da depressão endogâmica, para assim direcionar acasalamentos na tentativa de evitar ou mesmo diminuir tal efeito. Seguindo esse raciocínio, Carrillo e Siewerdt (2010) propuseram uma metodologia em que a depressão nas características é avaliada em relação aos valores observados corrigidos para os efeitos fixos e valores genéticos aditivos, permitindo a avaliação da depressão em relação aos efeitos genéticos não aditivos.

Desta forma, objetivou-se com este estudo avaliar o histórico evolutivo da variedade Nelore Mocha, via estudo da estrutura populacional, visando manter a exploração racional da variabilidade genética, por meio de informações obtidas de seu registro genealógico ao longo de 49 anos, avaliando também a depressão por endogamia, utilizando quatro modelos de regressão, em características produtivas e reprodutivas em bovinos no Nordeste do Brasil.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Material

Este trabalho foi realizado com bovinos da variedade Nelore Mocho. Os animais utilizados foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal, registrados na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). O arquivo de dados consistiu de 45.785 observações, entre os anos de 1960 a 2009, referentes às informações de *pedigree*.

Para análise da depressão por endogamia foram incluídos apenas animais com no mínimo 1,5 gerações equivalentes conhecidas, totalizando 20.748 animais. Os efeitos da endogamia foram analisadas em cinco características (Tabela 1). Pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP).

Na formação dos grupos contemporâneos (GC) foram utilizadas informações sobre estações e ano de nascimento, rebanho, regime alimentar, agrupando-se os animais sob as mesmas condições.

Tabela 1 - Descrição das cinco características analisadas em bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil

Características	Nº	Média	DP	CV (%)	Nº de GC
P205 (kg)	17.114	168,78	28,41	16,83	1258
P365 (kg)	9.682	232,91	41,01	17,61	988
P550 (kg)	7.947	307,25	62,59	20,37	789
IPP (dias)	4.713	1425,34	443,83	31,14	566
IDP (dias)	7.118	509,24	158,63	31,15	1019

### 2.2. Métodos

#### 2.2.1. Parâmetros populacionais

O *software* ENDOG 4.6 (Gutiérrez & Goyache, 2005) foi utilizado para análise do *pedigree* e estimação dos parâmetros populacionais baseados na probabilidade de origem do gene, tamanho efetivo ( $N_e$ ), intervalo de gerações, endogamia, classificação dos rebanhos de acordo com a origem e uso dos touros, coeficiente de relação médio (CR), índice de conservação genética (ICG), estrutura do *pedigree* e número de gerações.

Para o cálculo do coeficiente de endogamia (F) utilizou-se o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992). O incremento de endogamia ( $\Delta F$ ), calculado para cada geração, foi obtido por:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}, \text{ com rearranjos } N_e = \frac{1}{2\Delta F}, \text{ em que: } F_t = \text{coeficiente médio de}$$

endogamia estimado na geração atual;  $F_{t-1}$  = coeficiente médio de endogamia estimado na geração anterior.

O  $N_e$  foi estimado para dez períodos de sete anos cada, de 1960 a 2002, por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações sucessivas.

O ICG foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores identificados, de acordo com a fórmula proposta por Alderson (1992):

$$ICG = \frac{1}{\sum P_i^2}$$

em que,  $P_i = \left[\frac{1}{2}\right]^n$ , sendo n= o número de gerações entre o fundador e o animal que está

sendo analisado.

O coeficiente de relação médio (CR) calcula simultaneamente a endogamia e coancestralidade individual (Gutiérrez et al., 2003). Esse parâmetro foi calculado utilizando-se um algoritmo para obter um vetor  $c'$  definido como:

$$c' = (1/n) 1'A \quad [1]$$

Em que: A é o numerador da matriz de parentesco de tamanho  $n \times n$ . Por outro lado, o numerador da matriz de parentesco pode ser obtido da matriz P onde  $P_{ij}$  é igual a 1 se j é pai de i e 0 caso não seja, o que define os pais dos animais (Quaas, 1976), por meio de:

$$A = (I - \frac{1}{2} P)^{-1} D (I - \frac{1}{2} P')^{-1} \quad [2]$$

em que I é a matriz identidade e D é uma matriz diagonal com elementos não zero obtidos por:

$$d_{ii} = 1 - \frac{1}{4} a_{jj} - \frac{1}{4} a_{kk};$$

$d_{ii} = 1$ , se nenhum dos pais é conhecido;  $d_{ii} = \frac{3}{4}$ , se um dos pais é conhecido;  $d_{ii} = \frac{1}{2}$ , se ambos os pais são conhecidos. j e k são os pais do indivíduo i, a partir de [2],

$$A (I - \frac{1}{2} P') = (I - \frac{1}{2} P) - 1D \quad [3]$$

Pré-multiplicando ambos os lados de [3] por  $(1/n) 1'$  obtém-se:

$$(1/n) 1' A (I - \frac{1}{2} P') = (1/n) 1' (I - \frac{1}{2} P) - 1D$$

$$\text{e usando [1]: } c' (I - \frac{1}{2} P') = (1/n) 1' (I - \frac{1}{2} P) - 1D$$

Multiplicando  $c'$  entre parênteses e isolando  $c'$ :

$$c' = (1/n) 1' (I - \frac{1}{2} P) - 1D + \frac{1}{2} c' P' \quad [4]$$

Para caracterização da estrutura e diversidade genética da variedade Nelore Mocha, foram analisados: o número de gerações completas, número efetivo de animais fundadores ( $f_e$ ) e, número efetivo de animais ancestrais ( $f_a$ ). O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição que produziriam a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada. A aproximação clássica na determinação do número efetivo de fundadores foi dada por:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

Em que:

$f_e$  = número efetivo de fundadores;

$q_k$  = probabilidade do alelo ser originado do fundador  $k$ ,

O número efetivo de ancestrais representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para se explicar a total diversidade genética da população estudada. A determinação do número efetivo de ancestrais foi realizada computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

Em que:

$f_a$  = número efetivo de ancestrais;

$q_j$  = contribuição marginal de um ancestral  $j$  (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética de ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente.



O intervalo médio de gerações foi calculado por meio das quatro passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha, de acordo a seguinte fórmula:

$$L = \frac{1}{4} (LPM + LPF + LMM + LMF)$$

Em que: LPM = intervalo médio entre pais e filhos; LPF = intervalo médio entre pais e filhas; LMM = intervalo médio entre mães e filhos; LMF = intervalo médio entre mães e filhas.

As estatísticas de Wright (1938) –  $F_{it}$ ,  $F_{st}$  e  $F_{is}$  – que expressam o desvio da casualidade obtida nos acasalamentos atuais, foram realizadas, também, utilizando-se o *software* ENDOG (Gutiérrez & Goyache, 2005), em que:  $F_{it}$  é o coeficiente médio de endogamia (F) da população, ou seja, é uma medida de correlação entre duas unidades gaméticas que formam um zigoto na população.  $F_{st}$  designa o coeficiente médio de endogamia esperado, se os reprodutores de cada período fossem acasalados aleatoriamente, e foi estimado em populações hipotéticas produzidas pelo acasalamento ao acaso dos pais dentro de cada período, e  $F_{is}$  é uma medida de correlação de gametas devido à endogamia dentro de subpopulações.

A estrutura do *pedigree* foi obtida de acordo com MacCluer et al., (1983). O número de gerações completas traçadas ( $g$ ) foi definido como a geração mais distante em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou seja, que separa a progênie da mais distante geração em que 2<sup>ª</sup> ancestrais do indivíduo são conhecidos. O número máximo de gerações traçadas é o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. Já o número equivalente de gerações completas, é obtido pelo somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, em que  $n$  é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

### 2.2.2. Depressão endogâmica

Para análise dos dados utilizou-se modelos animais uni características. O modelo para as três características de crescimento (pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade) incluíram os efeitos aleatórios genéticos aditivos direto e materno, efeito de ambiente permanente materno, além do efeito fixo de grupo de contemporâneos, admitindo a covariância entre os efeitos genéticos, direto e materno, como nula. O modelo para a idade ao primeiro parto e intervalo de partos incluiu o efeito aleatório genético aditivo direto, efeito de ambiente permanente e os efeitos fixos de grupo de contemporâneos. As análises univariadas foram realizadas através do aplicativo Multiple Traits Derivate Free Restrict Maximum Likelihood – MTDFREML (Boldman et al., 1995).

O efeito da endogamia sobre as características foi determinado pelo ajuste de quatro modelos de regressão sobre os erros gerados pelo modelo animal (Carrillo & Siewerdt, 2010). A

forma geral dessas análises foi:  $e_i = \Phi(F_i) + \varepsilon$ , em que  $e_i$  são os erros estimados no vetor  $e_i = X\beta - Z_1a - Z_2m - Z_3c$ .  $\Phi(F_i)$  é a estimativa da função de regressão sobre a endogamia do animal ( $F_x$ ) e  $\varepsilon_i$  são os desvios dos erros de predição na função de regressão. Os modelos de regressão estudados foram: linear:  $e_i = \beta_0 + \beta_1(F_i - \bar{F}) + \varepsilon_i$ ; quadrático  $e_i = \beta_0 + \beta_1(F_i - \bar{F}) + \beta_2(F_i - \bar{F})^2 + \varepsilon_i$ ; exponencial  $e_i = \alpha\beta^{F_i} + \varepsilon_i$ , e Michaelis-Menten,  $e_i = \frac{\beta_1(1-F_i)}{\beta_2 + (1-F_i)} + \varepsilon_i$ . As variâncias residuais foram comparadas como medidas de adequação de ajuste.

Os testes de hipóteses foram conduzidos para os parâmetros críticos de cada modelo de regressão, H0:  $\beta_1 = 0$  (linear), H0:  $\beta_2 = 0$  (quadrática), H0:  $\beta = 1$  (exponencial) e H0:  $\beta_2 = 0$  (Michaelis-Menten).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Parâmetros populacionais

Do total de 45.785 indivíduos, 18.837 são machos e 26.948, fêmeas. Inicialmente, ao avaliar o número de nascimentos, percebe-se que nos anos de 1960-65 a 1984-89, a relação macho: fêmea foi bastante desequilibrada (Figura 1). Porém, para os outros anos analisados, a relação tornou-se mais equilibrada, acompanhado de ascensão no quadro de animais registrados, demonstrando valorização da variedade nos últimos períodos. Já no ano de 2002-07 o número de machos (4.594) foi próximo ao de fêmeas (4.526). Este fato pode ser atribuído à substituição do touro (monta controlada) por inseminação artificial (IA) no rebanho, visto que, à medida que é intensificada a IA nas fazendas, em conjunto com as melhorias na estrutura física, a tendência é uma melhora na taxa de parição, acarretando também aumento nos índices produtivos. Isso faz com que a razão sexual da população se aproxime de 1:1, o que, segundo o princípio de Fisher é uma estratégia evolutivamente estável.

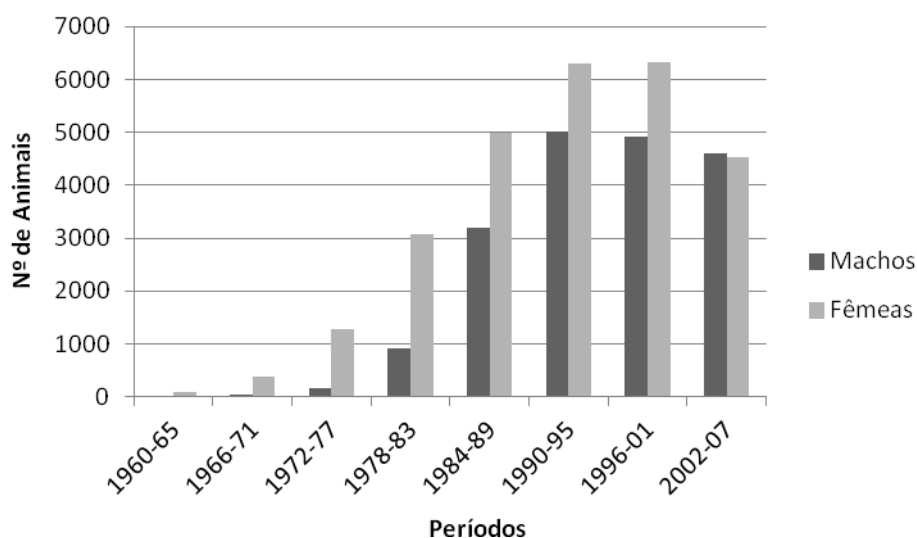


Figura 1 - Registros de nascimentos de fêmeas e machos do rebanho Nelore Mocho registrado na região Nordeste do Brasil.

As estimativas do intervalo de gerações das quatro passagens gaméticas, para todo o *pedigree* dos bovinos Nelore Mocho, foram consideradas altas, com intervalo médio de  $7,5 \pm 3,7$  anos (Tabela 2). Os valores para as passagens gaméticas pai-filho e pai-filha são próximos aos descritos (7,21 e 7,24) por Faria et al. (2002a), na variedade Nelore Mocha do Brasil, e relativamente menores que os relatos por Malhado et al. (2008), Malhado et al. (2009) e

Oliveira et al. (2011), que estimaram médias de 9,1; 9,2 e 9,01 anos (pai-filho), e, 9,0; 8,8 e 8,7 anos (pai-filha), para animais registrados da raça Nelore, na Bahia, no Sertão Nordestino, e em Minas Gerais (linhagem Lemgruber), respectivamente. Esses resultados demonstram que os intervalos encontrados no presente estudo, são muito grandes e próximos aos observados no rebanho nacional.

Tabela 2 - Intervalo médio de gerações e idade dos pais ao nascimento da progênie, das quatro passagens gaméticas, para a variedade Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil

Intervalo de gerações			
Passagens Gaméticas	Nº. de Observações	Intervalos (anos)	Desvio-Padrão (anos)
Pai-filho	329	7,6	3,6
Pai-filha	5275	7,8	3,6
Mãe-filho	329	7,2	4,4
Mãe-filha	5259	7,2	3,8
Total	11192	7,5	3,7
Idade dos pais ao nascimento da progênie			
Pai-filho	17798	7,7	3,6
Pai-filha	17453	7,7	3,6
Mãe-filho	17712	7,3	3,6
Mãe-filha	17372	7,2	3,6
Total	70335	7,5	3,6

A redução do intervalo de gerações é possível, principalmente do intervalo pai-filho e pai-filha, e pode levar a maiores ganhos genéticos via seleção. Uma ferramenta para a redução deste intervalo é a utilização de jovens touros avaliados. Faria et al. (2002a) frisaram que a utilização de reprodutores por tempo limitado proporciona redução no intervalo de gerações, além da possível redução na variância do tamanho de família que tende a minimizar decréscimos no tamanho efetivo da população. Razook et al. (1993) descreveram intervalos médios de pais para filhos bem menores de 3,66 e 3,74 anos para a raça Nelore e Guzerá, respectivamente, nos rebanhos de seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho - SP, onde os machos iniciam a vida reprodutiva com dois anos de idade e permanecem em serviço por duas estações de monta.

A idade média do pai ao nascimento da filha foi a maior ( $7,8 \pm 3,6$ ) em relação às demais vias de transmissão genética. Isso, possivelmente, significa que determinados touros estão sendo utilizados continuamente, sem que haja substituição mais rápida por seus descendentes, o que é muito comum em bovinos do Brasil e caracteriza sobreposição de gerações. Esta

sobreposição parece uma incoerência, visto que, espera-se que as progênies sejam superiores à geração dos pais, desde que venha se fazendo um processo eficiente de seleção. No entanto, quanto maior for o período de permanência dos animais nos rebanhos, maiores serão as chances de ocorrerem acasalamentos entre indivíduos endogâmicos, o que certamente levaria ao aumento do coeficiente de endogamia.

Do ponto de vista econômico, quanto menor o intervalo de geração e maior a superioridade genética dos animais "transferidos" entre os rebanhos que compõem a estrutura piramidal da produção de carne bovina, menor a defasagem genética. Porém, isso só terá importância, à medida que houver razoável progresso genético anual, propiciada pela melhoria dos parâmetros populacionais, como é o caso da redução do intervalo de geração, favorecendo a existência de material genético adequado para, então, ser disseminado (Alves et al., 1999).

O tamanho efetivo ( $N_e$ ) apresentou grande variação durante os anos de avaliação, oscilando de 13 a 338. O  $N_e$  mensurado em determinado período, em uma população, depende essencialmente das médias e variâncias do fluxo gênico por meio das quatro passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) e deste fluxo depende a taxa de endogamia. Dessa maneira, no período de 1960 a 1968, o número de touros aumentou aproximadamente 8 vezes e o de vacas em 6 vezes, o acréscimo no  $N_e$  foi de 174 animais (Tabela 3). No entanto, no período de 1976-1982 o tamanho efetivo apresentou um declínio, registrando o segundo menor valor dentre todos os períodos estudados (40). A principal explicação para esta redução no tamanho efetivo é evidenciada pela utilização intensiva de alguns reprodutores, corroborada pelo fato deste período ter apresentado a maior média de filhos por reprodutor, que foi de 15,3.

Tabela 3 - Número de reprodutores, média de filhos por reprodutor e tamanho efetivo, em intervalos de 7 anos, de 1960 a 2002, em bovinos Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil

Período	Touros	Média de filhos por ano	Vacas	Média de filhos por ano	Tamanho efetivo
1960- 1966	5	1,4	31	1,3	13
1964- 1970	13	3,8	48	1,0	41
1968- 1974	44	4,0	222	1,2	188
1972- 1978	94	8,2	520	1,3	82
1976- 1982	115	15,3	868	1,4	40
1980- 1986	175	12,6	1223	1,5	83
1984- 1990	194	10,4	1456	1,5	174
1988- 1994	180	9,0	1396	1,4	209
1992- 1998	152	7,0	920	1,3	338
1996- 2002	67	6,1	303	1,2	164

A partir do ano de 1982 até 1998, observou-se decréscimo do número de progênie por reprodutor e aumento na relação fêmea:macho, período esse em que o tamanho efetivo da

população foi superior, alcançando o maior valor, ao longo dos 42 anos estudados, no período de 1992-1998 (338). Após esse período, o  $N_e$  voltou a cair, atingindo o valor de 164.

Malhado et al. (2008) ao avaliar a estrutura populacional de animais da raça Nelore na Bahia, relataram  $N_e$  de 469,58 animais no último período avaliado (1994-2001). Segundo esses autores, a intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo. Assim, para aumento nos ganhos genéticos, é necessária a redução do intervalo de geração, aumento do tamanho efetivo, uso de reprodutores avaliados e controle dos acasalamentos de animais aparentados. Faria et al. (2002a) encontraram tamanho efetivo de 124 para o rebanho Nelore Mocho registrado no Brasil, no período de 1994-1998.

Da mesma maneira, Faria et al. (2006) observaram decréscimo no  $N_e$  de 229 para 24 em diferentes períodos de estudo na variedade Gir Mocho no Brasil. O tamanho efetivo de 164, observado no último período na variedade Nelore Mocha no Nordeste, apesar de não ser considerado de risco, é menor do que os valores recomendados na literatura (250 animais – Meuwissen & Woolliams, 1994), com o intuito de manter o potencial para melhoramento e prevenir decréscimos no valor adaptativo da população.

No entanto, esses resultados evidenciam baixa endogamia no rebanho Nelore Mocho estudado. Isto pode ser explicado pelo aumento do tamanho efetivo observado nos últimos períodos (Figura 2), demonstrando que os acasalamentos entre animais aparentados têm sido controlados ou evitados e, também, pela baixa integralidade do *pedigree*.

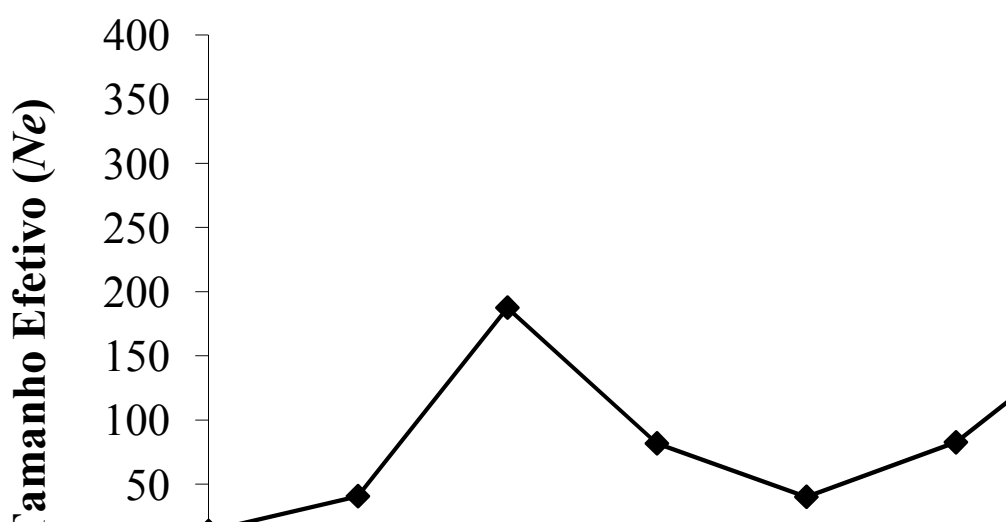


Figura 2 - Tamanho efetivo no período de 1960 a 2002 em bovinos da variedade Nelore Mocho no Nordeste brasileiro.

É importante associar o coeficiente de herdabilidade aos fatores intensidade de seleção e tamanho efetivo, trabalhando no sentido de se aumentar o coeficiente de herdabilidade, pela

diminuição da variância ambiental. Os benefícios do aumento da herdabilidade são evidentes, pois com maior precisão na seleção, a adoção de alta intensidade de seleção pouco deverá contribuir para a perda aleatória de alelos favoráveis (Carneiro et al., 2010).

As estimativas do tamanho efetivo médio, em diferentes tipos de gerações, considerando a integridade do *pedigree*, são úteis para indicar o limite superior (gerações completas traçadas), inferior (gerações máximas traçadas) e real (gerações equivalentes traçadas) do  $N_e$ , respectivamente, em populações em que as informações genealógicas são escassas (Gutierrez & Goyache, 2005), como observados em rebanhos bovinos do Brasil (Faria et al., 2002b; Vercesi-Filho et al., 2002a; Faria et al., 2004; Carneiro et al., 2009; Faria et al., 2009; Malhado et al., 2009).

Com isso, o  $\Delta F$ , que é a taxa de aproximação à endogamia completa em cada geração, depende do valor do tamanho efetivo da população, ou seja, quanto menor for o  $N_e$ , em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns. Consequentemente, o valor de  $\Delta F$  também será maior. O baixo número médio de gerações completas (0,89) demonstra que um pequeno número de ancestrais é conhecido. Portanto, maior será a probabilidade de ser detectado o incremento da endogamia, acompanhado, pelo menor  $N_e$  (131,64) obtido para este tipo de gerações (completas), justificando o valor encontrado para  $\Delta F$  (0,38) ser o maior entre os três tipos de gerações (Tabela 4). Por outro lado, maior número médio de ancestrais remotos foi verificado para as gerações máximas, quando comparadas às gerações completas (ancestrais conhecidos) e equivalentes (todos os ancestrais conhecidos). Dessa maneira, a probabilidade de se obter altas taxas de endogamia é menor, confirmando por conta disso, o baixo valor de  $\Delta F$  para as gerações máximas, visto que o  $N_e$  foi o maior.

Para as gerações equivalentes, os valores encontrados foram intermediários, uma vez que seu cálculo considera todos os ancestrais conhecidos e não somente os conhecidos ou mais remotos. No entanto, os valores de  $N_e$  oscilaram de acordo com a taxa de endogamia, já que este parâmetro é calculado em função de  $\Delta F$ , e ambos são inversamente proporcionais.

Tabela 4 - Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração considerada

Tipos de gerações	Número médio	$\Delta F$ (%)	$N_e$
Completas <sup>1</sup>	0,89	0,38	131,64
Máximas <sup>2</sup>	1,57	0,14	355,48
Equivalentes <sup>3</sup>	1,15	0,28	180,91

<sup>1</sup>Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

<sup>2</sup>Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

<sup>3</sup>Somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, em que  $n$  é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O coeficiente de endogamia médio (F) estimado para as seis gerações apresentou um comportamento crescente, passando de 0,07%, na segunda geração, para 1,44% na sexta. Da mesma maneira, o percentual de indivíduos endogâmicos, que foi de 0,44% na segunda geração, aumentou para 26,72% na última geração. Esse aumento consistente de F e na porcentagem de animais endogâmicos com o transcorrer das gerações, pode ser justificado pelo fato de que, quando se conhece mais gerações completas de um indivíduo, aumenta-se a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no *pedigree*. No entanto, a média de F para os animais endogâmicos diminuiu de 16,49%, na segunda geração, para 5,38%, na sexta, possivelmente pela busca em se evitar o acasalamento entre animais mais aparentados. A ausência de alguns valores na primeira geração, simbolizada por um traço, deve-se à falta de informação referente à endogamia na geração anterior (Tabela 5).

Comportamento parecido foi observado também por Malhado et al. (2008) em animais Nelore na Bahia, em que encontraram aumento no coeficiente de endogamia médio de 0,8%, na segunda geração, para 1,57%, na sétima, e diminuição na média de F para os animais endogâmicos de 16,76%, na segunda geração, para 3,85%, na sétima. Carneiro et al. (2009) analisaram registros de animais da raça Indubrasil no Nordeste e observaram que o coeficiente médio estimado em seis gerações, passou de 0,95% na segunda geração para 7,37% na sexta. Esse aumento da endogamia ocorreu principalmente nas últimas décadas avaliadas, e foi considerado pelos autores, como um reflexo da redução do tamanho de rebanhos e utilização de poucos animais para a reprodução, o que refletiu em ganhos genéticos negativos ou nulos para peso, e, em grande redução do tamanho efetivo da população.

Tabela 5 - Coeficiente de endogamia médio (F), percentagem de indivíduos endogâmicos (%), média de F para animais endogâmicos, coeficiente médio de relação (CR) e tamanho efetivo ( $N_e$ )

Gerações	Nº de Animais	F (%)	Endogâmicos (%)	Média de F para Endogâmicos	CR(%)	$N_e$
1	14401	0,00	-	-	0,18	-
2	10697	0,07	0,44	16,49	0,35	690,1
3	5987	0,24	2,37	10,26	0,40	292,5
4	3438	0,56	8,35	6,7	0,48	157,7
5	647	1,14	14,53	7,86	0,46	85,3
6	131	1,44	26,72	5,38	0,41	167,7

Ainda, observou-se que os valores estimados para o CR aumentaram até a quarta geração, e posteriormente diminuíram (Tabela 5). O CR possui a vantagem de poder ser utilizado como uma medida de endogamia entre subpopulações, servindo de ferramenta para a escolha de animais que apresentem menores níveis de CR a serem usados na reprodução. Dessa maneira, a



forma mais eficiente para o controle da endogamia em longo prazo, é dar preferência sempre ao uso de reprodutores com baixos valores de CR (Barros et al., 2011).

O CR de cada indivíduo é definido como a probabilidade de um alelo, escolhido ao acaso na população, pertencer a um determinado animal. Assim, o CR pode ser interpretado como a representação do animal em todo o *pedigree*, podendo ser utilizado como alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Os valores de  $N_e$  oscilaram devido à variação de  $F$  ao longo das gerações, já que, para a estimação dos mesmos, utilizou-se o incremento de endogamia ( $\Delta F$ ). A redução do número de indivíduos no decorrer das gerações pode refletir maior vida útil dos animais, mas, também contribui para aumentar o intervalo de gerações.

No Nelore Mocho do Brasil, Vercesi-Filho et al. (2002b) observaram que o acréscimo da taxa de endogamia entre gerações ( $\Delta F$ ) se manteve praticamente constante em torno de 0,40%, e também o valor de  $N_e$  não sofreu altas variações entre os períodos avaliados, mantendo-se na faixa de 123, considerado pelos autores como aceitável para este parâmetro. Faria et al. (2009), encontraram os respectivos valores de  $\Delta F$  e de  $N_e$ , 0,73 e 68; 1,10 e 45; 0,42 e 117, na raça Nelore, Gir e Guzerá, nessa sequência, no último período analisado (1994-1998).

Os parâmetros populacionais foram determinados a partir da população base, ou seja, o número de animais fundadores e ancestrais, que são responsáveis pela variabilidade genética encontrada no rebanho (Tabela 6). Dos 45.785 animais que totalizam a população analisada, 10.618 possuíam pelo menos um pai não conhecido, desta forma, a população referência, em que ambos os pais são conhecidos, continha 35.011 indivíduos. O número de animais com ambos os pais desconhecidos foi de apenas 157. O número efetivo de rebanhos fundadores, o qual se refere ao número efetivo de rebanhos que produzem pais, avós, bisavós e tataravós, foram apenas 14.

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) avalia como o balanço esperado das contribuições dos fundadores é mantido entre as gerações, levando em consideração a taxa de seleção e a variação de tamanho de família (Faria et al., 2006). O  $f_e$  foi 288, e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores foi de 0,10%. Porém, foram identificados 10.292 fundadores.

Para explicar 50% da variabilidade genética total da população foram necessários somente 173 ancestrais (fundadores ou não), o que é um indicativo de uso desequilibrado de reprodutores. Isto pode ser verificado melhor na Tabela 7 ao analisar-se o número de descendentes deixados por esses animais. Essa situação é reflexo dos baixos valores do número efetivo de animais fundadores e ancestrais encontrados. Os resultados indicam variabilidade genética próxima à relatada por Carneiro et al. (2009) na raça Indubrasil no Nordeste Brasileiro, em que foram necessários apenas 225 ancestrais para explicar 50% da variabilidade genética da população. No entanto, Malhado et al. (2008) na raça Nelore do Estado da Bahia, descreveram

que 50% da variabilidade genética da população foi explicada por 414 ancestrais, número 2,4 vezes superior ao encontrado no presente trabalho.

O fato da variedade Mocha ter se originado dentro de um rebanho Nelore (efeito fundador), a utilização de biotecnologias reprodutivas tais como a inseminação artificial e fertilização *in vitro*, e o uso de poucas famílias de touros na reprodução, podem explicar a segregação dos genes dos animais fundadores em ambas as raças, gerando reduzidas diferenças genéticas, tanto dentro como entre as linhagens. Além disso, o pequeno número de reprodutores que formaram o rebanho fundador da variedade Mocha, aliado à proibição da importação de recursos genéticos (a partir de 1962), e a preferência por certos touros, podem explicar a atual variabilidade genética encontrada na população mocha.

Valores baixos encontrado para o número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) indicam intenso uso de poucos reprodutores (Faria et al., 2010). O  $f_a$  observado na variedade Nelore Mocha foi igual a 283, superior ao encontrado por Vozzi et al. (2006) para a raça Nelore (59,8) e Nelore Mocho (61,5), em animais do rebanho nacional, participantes do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN).

Tabela 6 - Parâmetros populacionais da variedade Nelore Mocha na região Nordeste do Brasil

Parâmetros populacionais	Número de animais
População total	45785
Número de animais fundadores na população referência	10449
Número efetivo de animais fundadores na população referência	288
Número de animais fundadores com um ou mais pais desconhecidos	10774
Número equivalente de animais fundadores (um pai desconhecido)	10618
Número de animais na população de referência	35011
Número de ancestrais na população de referência	10292
Número efetivo de animais ancestrais na população de referência	283
Número real de rebanhos fundadores	326
Número efetivo de rebanhos fundadores	14
Número (efetivo) de rebanhos que produzem pais	203 (14)
Número (efetivo) de rebanhos que produzem avôs	41 (5)
Número (efetivo) de rebanhos que produzem bisavôs	15 (7)
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade	173

Para manter a variabilidade do rebanho faz-se necessário manter um programa de gestão da população aplicando o uso da monta controlada e/ou inseminação artificial (preferencialmente usar um *software* de gestão genética). Deve-se, também, estabelecer os cruzamentos pelo mérito do menor grau de parentesco e maiores valores genéticos e promover a criação de outros rebanhos, de preferência entre os criadores, como forma de minimizar os

riscos de se ter a raça em apenas uma população. Ainda assim, para minimizar as perdas de variabilidade, cada reprodutor e cada matriz deverão ser substituídos por seu filho e sua filha, respectivamente, evitando grandes sobreposições de gerações.

No entanto, o  $f_e$  estimado no presente trabalho foi de boa magnitude, o que pode ser atribuído ao número de fundadores em uso. O número médio de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ) é diferente, de modo que a razão  $f_e / f_a$  observada foi de 1,02, menor do que o valor obtido por Faria et al. (2002a), também para a variedade Nelore Mocho (1,44). Esses autores relataram que a razão  $f_e / f_a$ , expressa o efeito "gargalo" no *pedigree* e resulta da diminuição do número de reprodutores utilizados entre períodos.

O número efetivo de animais fundadores ( $f_e = 288$ ) e de ancestrais ( $f_a = 283$ ) são bem próximos. Quando esses valores são exatamente iguais significa que os animais que contribuíram para formação da raça/variedade continuam atuando de maneira efetiva no rebanho atual. Assim, os animais considerados fundadores, colaboraram efetivamente para a composição do rebanho. No entanto, o ideal é que estes números efetivos sejam altos e o mais próximo possível da população fundadora, o que não é observado neste estudo, já que os valores de  $f_e$  e  $f_a$  apresentam-se baixos quando comparados com os números das populações base (45.785) e referência (35.011). Isso indica que o rebanho Nelore Mocho se desenvolveu a partir de estreita base genética, e, apresenta efeito fundador.

Os 10 fundadores de maior importância são também os 10 ancestrais de maior contribuição, sendo um macho, o ancestral e fundador 141385 de maior relevância explicando 1,64% e 2,01% da variabilidade genética, respectivamente (Tabela 7). De modo geral, a variabilidade genética explicada pelos fundadores e ancestrais foi baixa; a partir do sexto fundador cada animal explicou menos de 1% da variabilidade genética, ressaltando que estes fundadores/ancestrais contribuíram significativamente com o número de progênies para a formação da variedade.

Todos os 10 animais fundadores e ancestrais são nascidos entre os anos de 1976-1990, ou seja, nos primeiros 21 anos após se ter iniciado os registros da variedade. Nesse mesmo período, a relação macho:fêmea encontrava-se em desequilíbrio (número de nascimento de fêmeas muito superior ao de machos). Observa-se, no entanto, que poucos machos foram usados na reprodução de maneira mais intensa, fato que justifica a presença somente de machos como os principais contribuintes da população. Vale ressaltar que a inexistência de informações sobre a identificação dos pais (Tabela 7) deve-se à dificuldade de obter esses dados, uma vez que, durante os primeiros anos de registro, o volume de informações das relações de parentesco existente do rebanho Nelore Mocho foi, na maioria das vezes, escasso.

A intermediária utilização dos animais fundadores como reprodutores nos rebanhos estudados pode ser constatada ao se avaliar o índice de conservação genética (ICG) da população total (Tabela 8). Este índice traduz a proporção de genes dos diferentes fundadores

no *pedigree* do animal e pode ser usado para maximizar a retenção da contribuição genética a partir de diferentes fundadores. Nesse sentido, valores maiores representam indivíduos com representação mais equilibrada de todos os fundadores. Cerca de 23,20% dos animais têm ICG menor que 2, aproximadamente 64,8% do rebanho possuem ICG nas faixas 2 ou 3, e, apenas 0,10% apresentam ICG acima de 9, com valor de ICG máximo de 14,4%. Considerando os animais nascidos após o ano 2000, os valores se apresentam similares, indicando que houve contribuição genética média dos fundadores, o que é corroborado pelos números efetivos de fundadores e ancestrais (Tabela 6), demonstrando baixo efeito fundador.

Tabela 7 - Descrição dos 10 fundadores e dos 10 ancestrais (fundadores ou não) de maior relevância encontrados nos arquivos de *pedigree* dos animais Nelore Mocho no Nordeste Brasileiro, onde se descrevem a identificação dos animais, de seus pais e mães, o sexo, o ano de nascimento, o coeficiente médio de relação (CR) dos fundadores e a contribuição dos ancestrais, ambos em porcentagem

Fundador	Pai	Mãe	Sexo	Ano de Nascimento	CR (%)	Nº de Filhos /Reprodutor
141385	-	-	Macho	1982	1.64	687
1442095	-	-	Macho	1990	1.54	684
124618	-	-	Macho	1976	1.38	432
1353767	-	-	Macho	1980	1.36	415
124623	-	-	Macho	1980	1.32	329
1438006	-	-	Macho	1988	0.91	609
1674372	-	-	Macho	1978	0.89	378
1495713	-	-	Macho	1980	0.81	593
1416859	-	-	Macho	1979	0.71	270
124620	-	-	Macho	1978	0.70	471
Ancestral					Contribuição (%)	
141385	-	-	Macho	1982	2.01	687
1442095	-	-	Macho	1990	1.77	684
124618	-	-	Macho	1976	1.75	432
1353767	-	-	Macho	1980	1.71	415
124623	-	-	Macho	1980	1.19	329
1438006	-	-	Macho	1988	1.15	609
1674372	-	-	Macho	1978	1.05	378
1495713	-	-	Macho	1980	0.93	593
1416859	-	-	Macho	1979	0.91	270
124620	-	-	Macho	1978	0.72	471

Vozzi et al. (2006) verificaram a variabilidade e estrutura familiar na raça Nelore Padrão e na variedade Mocha, utilizando-se do arquivo de genealogia do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore (PMGRN), e encontram o animal Karvadi IMP. como o principal ancestral nas duas populações. No Nelore Mocho, 20 ancestrais responderam com

aproximadamente 45% dos alelos do rebanho. As principais linhagens responsáveis pela formação da variedade mocha foram Karvadi IMP., Godhavari IMP., Rolex e a Taj Mahal IMP, as quais apresentaram valores de CR superiores entre os 30 ancestrais predominantes, possivelmente, pelo uso da endogamia em linhas para a fixação da característica mocha. Os autores concluíram que as mesmas famílias constituem o germoplasma de ambas, observando contribuições genéticas dos touros e/ou linhagens distintas para o Nelore e Nelore Mocha.

Tabela 8 - Índice de conservação genética (ICG) da população total e dos animais nascidos após o ano de 2000 na variedade Nelore Mocha no Nordeste Brasileiro.

População Total			Animais Nascidos a partir de 2000		
Número de animais	Faixa de ICG	% de Animais	Número de animais	Faixa ICG	% de Animais
10623	1	23,20	540	1	4,31
14461	2	31,58	3617	2	28,87
15213	3	33,23	5562	3	44,40
1760	4	3,84	424	4	3,38
2225	5	4,86	1086	5	8,67
1085	6	2,37	918	6	7,33
266	7	0,58	238	7	1,90
94	8	0,21	85	8	0,68
47	9	0,10	47	9	0,38

Da população total, 45.189 animais não apresentaram endogamia, 378 se mostraram entre 1% e 10%, 127 indivíduos exibiram endogamia entre 11% e 12,9%, e 91 tem valores superiores a estes, com o maior valor 31,4% em dois animais (Tabela 9). No entanto, devido a baixa integralidade do *pedigree* observada na Figura 4, estes valores podem estar subestimados.

Tabela 9 - Estatísticas descritivas do coeficiente de endogamia (F) para toda a população de animais da variedade Nelore Mocha no Nordeste Brasileiro

Coeficiente de endogamia		Classe de endogamia	Número de animais
$\leq$	a	0,009	0
0,010	a	0,029	2
0,030	a	0,049	4
0,050	a	0,069	6
0,070	a	0,089	8
0,090	a	0,109	10
0,110	a	0,129	12
0,130	a	0,149	14
0,150	a	0,189	18
0,190		$\geq$	31

Taxas de endogamia superiores a 12% podem trazer inúmeras consequências, pois aumentam o número de locos em homozigose, evidenciando alelos recessivos indesejáveis, colocando a população em risco com relação à conservação de recursos genéticos, além da depressão endogâmica (Cardelino & Rovita, 1987).

A partir de 1984 surgem os primeiros animais endogâmicos na população como consequência do melhor conhecimento do *pedigree* (0,6 gerações equivalentes). O valor médio da endogamia foi próximo a 0,04%, o qual se manteve estável até 1992, aumentando consideravelmente até 2002 em que foi encontrado o valor de 0,28% (1,7 gerações equivalentes). Este valor permaneceu praticamente inalterado até 2006 (Figura 3). Porém, no ano de 2007 ocorreu aumento significativo do coeficiente de endogamia médio da população alcançando 1,3% (2,2 gerações equivalentes).

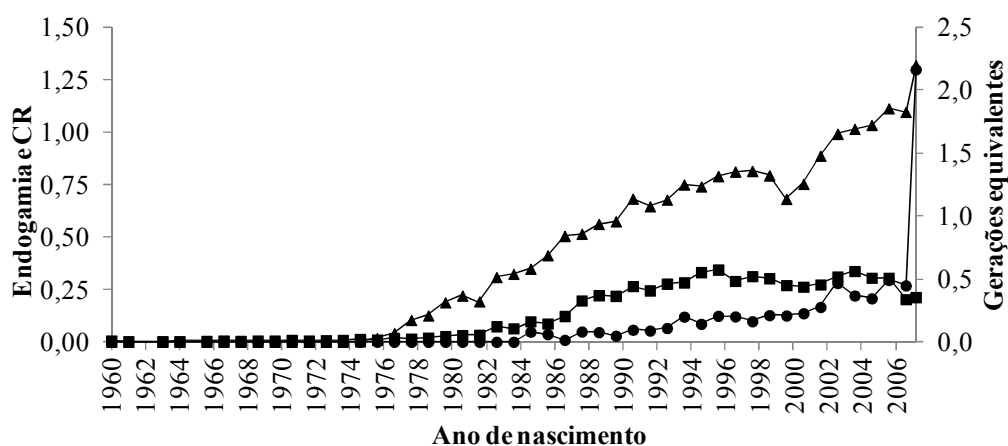


Figura 3 - Variação da endogamia (F; círculos) e coeficiente médio de relação (CR; quadrados), ambos em porcentagem e, valores médios de gerações equivalentes (triângulos) em animais da variedade Nelore Mocha no Nordeste Brasileiro

Uma possível causa para este aumento nos valores de endogamia seria o conhecimento mais apurado das gerações equivalentes, já que este índice calcula o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido. Outra provável explicação está relacionada ao número de nascimentos nas últimas décadas, sendo registrada uma média de 1.918 novos descendentes por ano, entre 2000-2005, ocorrendo queda acentuada desse valor no ano de 2007 (109 nascimentos).

O coeficiente médio de relação (CR) é utilizado para estimar a endogamia causada em longo prazo, pelo fato de utilizar um reprodutor. CR baixo significa que um animal compartilha uma porcentagem pequena de alelos com o resto da população (Goyache et al., 2010). Assim, o CR manteve-se sem grandes alterações de 1960 a 1981, devido ao fato do pouco conhecimento das gerações, não alcançando valores médios superiores a 0,01%. A partir deste ano ocorreu

aumento crescente no CR da população, de 0,07% (1982) para 0,34% (1995). Após esse período, o CR apresentou algumas pequenas oscilações registrando valor médio de 0,28% entre 1996 e 2007. Destaca-se que estes números apresentados são valores médios anuais. Assim, o maior CR encontrado foi de 1,64%, referente ao animal fundador (141385) que mais contribuiu para o rebanho, nascido em 1982.

Dessa maneira, os valores de CR, tanto individual quanto populacional, demonstram que a população estudada encontra-se em uma situação favorável quando comparada com outras raças bovinas de corte. Quando foram observados os valores médios de taxa endogâmica (F), verificou-se que, de 45.785 animais, apenas 551 apresentaram valor de F acima de 0,010%, com valores médios anuais de 0,17% de endogamia e 1,5 gerações equivalentes (1993-2006).

Barros et al. (2011) definiram as estatísticas de  $F_{is}$ ,  $F_{st}$  e  $F_{it}$ , respectivamente, como sendo, redução de heterozigidade entre subpopulações, dentro das subpopulações e no total da população. Os valores de  $F_{st}$  entre 0,05-0,15; 0,15-0,25 e acima de 0,25 indicam, nessa sequência, moderada, alta e muito alta diferenciação entre as subpopulações (Carneiro et al., 2010).

Na subdivisão da população, as estimativas para as estatísticas F de Wright para a população Nelore Mocho no Nordeste foram:  $F_{it} = -0,000071$ ;  $F_{st} = 0,013119$ ;  $F_{is} = -0,013365$ . A estatística  $F_{is}$ , que mede o desvio da casualidade nos acasalamentos, foi negativa e próxima a zero, demonstrando pequeno predomínio de acasalamentos entre subpopulações, o que contribuiu para reduzir a endogamia. Quando o valor de  $F_{is}$  é menor que zero, estaria ocorrendo um processo em que se procura evitar o acasalamento entre subpopulações (Carneiro et al., 2009). Contudo, observa-se neste estudo, que 69% dos rebanhos multiplicadores e comerciais utilizam reprodutores próprios.

O baixo valor de  $F_{st}$  apresentou ausência de estruturação da população, demonstrando que há trocas genéticas entre os grupos, visto que não ocorreu divisão da população. Isto pode ser explicado pelo fato de que todos os rebanhos analisados utilizam reprodutores externos e/ou inseminação artificial, e que aproximadamente 52% deles vendem reprodutores (Tabela 10).

Faria et al. (2002a), avaliando a estrutura populacional da variedade Nelore Mocha no Brasil, encontraram valores para a estatística de F muito próximos a zero ao longo dos períodos, indicando que a subdivisão é praticamente inexistente nesta população. Esses autores sugeriram alguns fatores para a explicação da ausência de subdivisão no Nelore Mocho, como a ampla comercialização de sêmen da variedade que favorece a migração e disseminação de material genético entre rebanhos, e a utilização de poucos reprodutores com grande contribuição. Também trabalhando com a variedade Nelore Mocha, Vercesi-Filho et al (2002b) relataram aumento no percentual do  $F_{it}$ , passando de 0,54% no primeiro período para 0,98% no quarto período avaliado, e no  $F_{st}$ , (0,11% para 0,56%). Por outro lado, o  $F_{is}$  se apresentou ao redor de

0,45% ao longo dos períodos, indicando que esta população não se encontra em processo de subdivisão.

Do total de rebanhos avaliados neste estudo, 52% foram classificados como multiplicadores (utilizam reprodutores externos ou próprios e vendem reprodutores) e 48% como comerciais (utilizam reprodutores externos ou próprios e não vendem reprodutores). Nenhum dos rebanhos avaliados foi classificado como núcleo (rebanhos que não utilizam reprodutores externos e vendem reprodutores), ou sem ligação (isolado).

Tabela 10 - Classificação dos rebanhos registrados dos bovinos Nelore Mocho do Nordeste de acordo com a origem e uso dos touros

Tipo de rebanho	Utilizam touros externos	Utilizam touros próprios	Vendem touros	Número de rebanhos	Porcentagem touros externos
Núcleo	Não	Sim	Sim	0	0
Multiplicador	Sim	Sim	Sim	112	60
Multiplicador	Sim	Não	Sim	10	100
Comercial	Sim	Sim	Não	51	77
Comercial	Sim	Não	Não	63	100
Isolado	Não	Sim	Não	0	0

Apesar dos rebanhos da variedade Nelore Mocho no Nordeste utilizarem frequentemente de reprodutores próprios nos rebanhos comerciais e multiplicadores, a população não foi levada à subdivisão. De acordo com Carneiro et al. (2009), a subdivisão ou estruturação da população pode ocorrer por meio de subpopulações com limitada migração e fluxo gênico entre elas, podendo resultar em subpopulações totalmente isoladas, agravando os problemas de conservação de grupos genéticos. No Brasil, devido às grandes dimensões territoriais destinadas à pecuária de corte, o rebanho multiplicador acaba se misturando ao rebanho comercial (produtor de carne) e ao rebanho seleção (fornecedor de material genético). Sendo assim, a idéia de que a avaliação genética alcance apenas os rebanhos seleção é enganosa, visto que os animais são avaliados juntos, independentemente do tipo de rebanho que esteja alocado. Porém, o ideal dentro do ciclo de produção é que o fluxo gênico parta dos limitados rebanhos seleção (melhoradores) para os rebanhos comerciais.

O fluxo e/ou disseminação do melhoramento de forma desorganizada, proporcionando a transferência do mérito genético de rebanhos de baixa qualidade, através do fornecimento de reprodutores para rebanhos de boa qualidade, inviabiliza todo o processo de ganho genético para peso, tornando-o falho ou nulo. Isso pode ser evidenciado pelos atuais estudos de tendências genéticas nas raças zebuínas, os quais apresentam baixos ganhos, ou valores negativos.

Na estrutura do *pedigree* (Figura 4), identificam-se os animais registrados, evidenciando que a medida que regrediu-se no arquivo de registros foi-se perdendo informações sobre a



ascendência dos animais. Assim, a integralidade do *pedigree* sintetiza a proporção de antepassados conhecidos em cada geração, e, quantifica a chance de detecção de endogamia no mesmo. Dos 45.785 animais estudados, 76,81%; 28,91%; 7,77% e 1,63% possuíam *pedigree* completo na primeira, segunda, terceira e quarta ascendência, respectivamente. É importante destacar a grande perda de informação da primeira para segunda geração, visto que 23,2% dos animais não possuíam pai e mãe conhecidos e, aproximadamente, 71% não possuíam avós no *pedigree*. Verificou-se ainda que as informações na linha materna são um pouco mais completas do que as da linha paterna.

O fato do número de gerações conhecidas estar aumentando gradativamente possibilitará no futuro, estimativas mais precisas e confiáveis destes parâmetros, bem como outros estudos de estrutura de populações, visto que essas informações são importantes, e, que muitos parâmetros populacionais estimados são consequência dessa estrutura, sendo necessário que o *pedigree* seja o mais completo possível.

A coleta acurada dos dados sobre os parâmetros genéticos das populações locais são necessárias à adequada condução dos programas de melhoramento genético em cada região. Segundo Boichard et al. (1997), as análises realizadas dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene são mais eficientes na predição da variabilidade genética porque são menos sensíveis a falhas ou perdas de informações dos *pedigrees*.

### **3.2. Depressão endogâmica**

A média de F da população, considerando apenas os animais com no mínimo 1,5 gerações equivalentes (20.748 indivíduos) foi de 0,25%. Por outro lado, o valor médio de F para os animais endogâmicos (596 indivíduos) da variedade Nelore Mocha foi de 9% (com média de 2,8 gerações equivalentes). Razook et al. (1997) relataram níveis médios dos coeficientes de endogamia dos rebanhos Nelore e Guzerá da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho (SP) entre valores de 1,2 a 9,4% e 0,1 a 8,6%, respectivamente. Os autores elucidaram que a eficiência na manutenção dos coeficientes de endogamia em níveis razoavelmente baixos e constantes deve-se à prática de se evitar acasalamentos entre parentes próximos, selecionando-se somente dois filhos do mesmo pai em um determinado ano. Falcão et al. (2001) estimaram valores superiores para F, médio de 12,50% e máximo de 38,30% na raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará. Em um rebanho leiteiro da raça Guzerá no Brasil, Panetto et al. (2010) encontraram o valor médio de 15,20% para o F. Entretanto, Oliveira et al. (1999) também estudando a raça Guzerá, porém para corte, observaram um F médio de 1,08% para os machos e de 1,36% para as fêmeas. O coeficiente de endogamia médio relatado por Santana Júnior et al. (2012) foi de 1,33% para a raça Marchigiana e 0,26% para a raça Bonsmara, no Brasil.

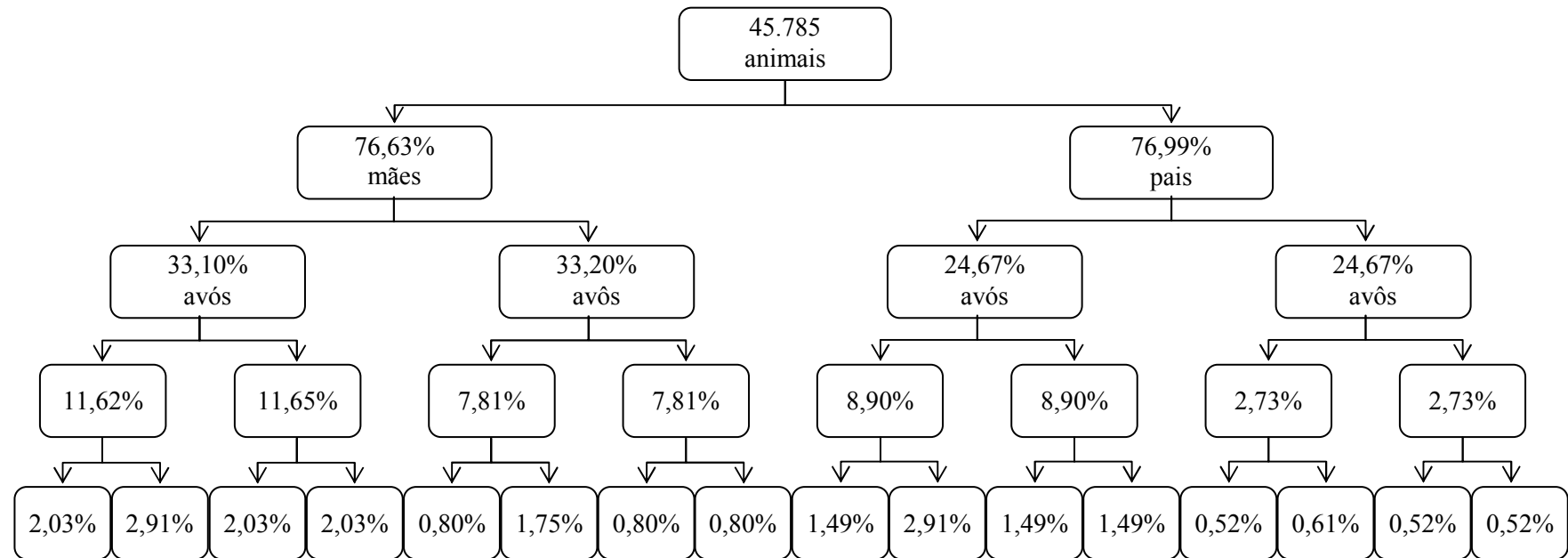


Figura 4 - Estrutura do *pedigree* de bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil

Em bovinos Nelore Mocho do bioma Cerrado o valor de F foi de 0,42%, evidenciando o controle da endogamia nos acasalamentos utilizados (Mamede et al., 2011). Dos 596 animais endogâmicos encontrados na população do Nordeste do Brasil, apenas 58 indivíduos apresentaram endogamia acima de 20% e 97,1% dos animais, não endogâmicos (Figura 5), revelando baixa endogamia na variedade. Dessa maneira, a maior densidade de bovinos endogâmicos Nelore Mocho pertencem à classe de 0,00 (20.152 animais) e a 1 – 5% (208 animais), evidenciando que o acasalamento entre indivíduos aparentados está sendo evitado.

Não obstante, a baixa endogamia detectada na população da variedade Nelore Mocha, deve-se, provavelmente, à baixa integralidade do *pedigree* (Figura 4). Esse parâmetro é muito utilizado para avaliar a quantidade de descendentes em cada geração de um determinado indivíduo ou de uma população, proporcionando porcentagens de pais, avós, bisavós etc. em uma representação gráfica das gerações mais recentes, distinguindo as vias paternas e maternas. Deste modo, a estimativa deste parâmetro é de grande importância, uma vez que o coeficiente de endogamia de um indivíduo depende do conhecimento de sua ascendência. Sendo assim, quanto mais se conhece a ascendência de um indivíduo, mais confiável será o seu coeficiente de endogamia estimado em relação à base populacional definida. O baixo nível de integralidade das informações de *pedigree* indica a necessidade de se fazer um maior esforço no sentido de enriquecer as informações de genealogia da variedade, da mesma forma que vem sinalizar para a necessidade de se obter mais conhecimento sobre os efeitos da endogamia nessa população.

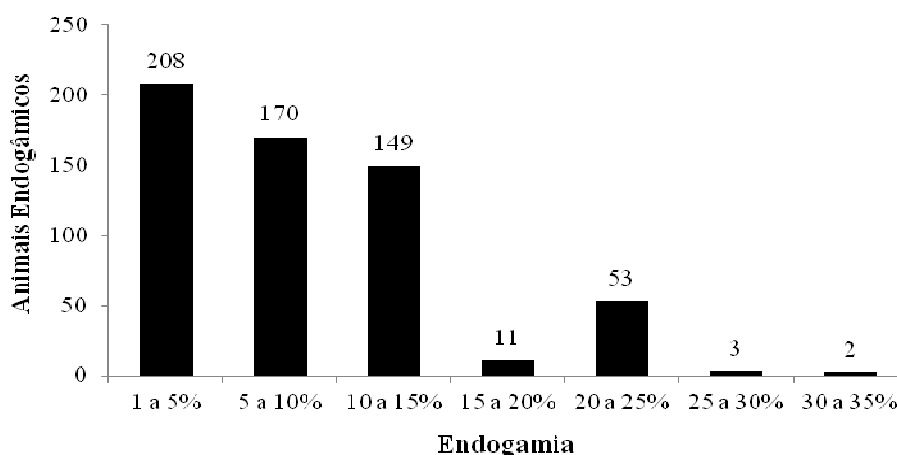


Figura 5 – Distribuição por classe de endogamia individual (F) dos animais endogâmicos da variedade Nelore Mocha do Nordeste do Brasil

Faria et al. (2002b), analisando *pedigrees* de raças zebuínas no Brasil, verificaram que a endogamia média e as taxas de endogamia ainda estão em níveis aceitáveis, com exceção da Sindi e Gir Mocho. No entanto, na maioria das raças, o número efetivo é bastante pequeno e poderá resultar em elevada endogamia no futuro. Ações para manter a variação genética,

juntamente com o melhoramento genético, poderão ser necessárias para sustentar a longo prazo a resposta à seleção e para evitar efeitos indesejáveis diretos da endogamia. Da mesma maneira, Cleveland et al. (2005) avaliando as mudanças da endogamia em rebanhos Hereford dos E.U.A., observaram que, apesar da endogamia apresentar níveis abaixo dos valores críticos, a mesma vem se acumulando linearmente aos longo dos anos.

Raças zebuínas no Brasil tendem a perder variabilidade genética por causa de seus números pequenos de fundadores e do manejo de seleção aplicados (Panetto et al., 2010). Fato observado também por Faria et al. (2009), que relataram níveis de endogamia crescentes dos rebanhos Nelore, Gir e Guzerá no Brasil, atingindo valores de 2,13%, 2,28% e 1,75%, respectivamente. Esses autores apontaram a necessidade de investigação adicional sobre as possíveis consequências da endogamia para estas raças.

Na variedade Nelore Mocha verificou-se que durante os primeiros anos, não foram observados valores acima de zero para a endogamia média na população (Figura 6). Provavelmente isso aconteceu por se tratar de um período correspondente à formação do rebanho, em que muitas informações de *pedigree* deste período podem ter sido perdidas, impossibilitando assim o estabelecimento do parentesco entre eles.

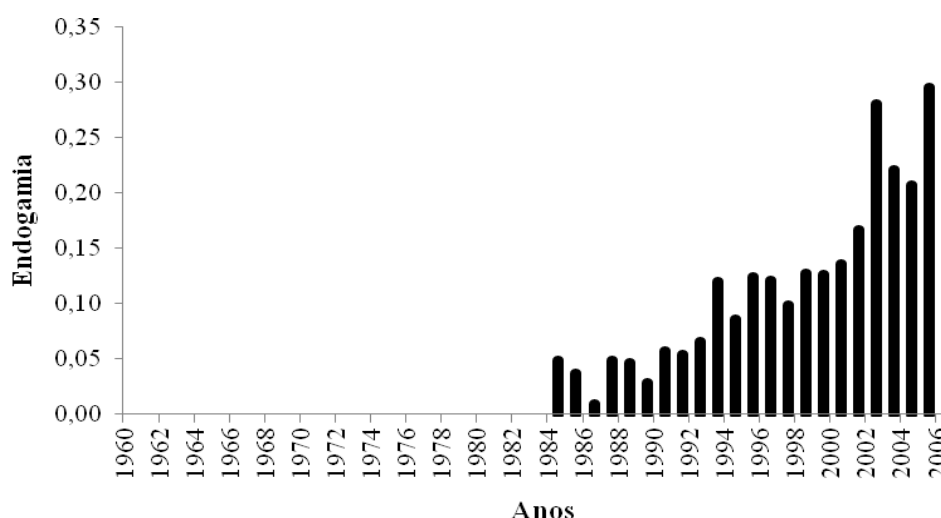


Figura 6 – Evolução da endogamia (F) no período de 1960 à 2007 na variedade Nelore Mocha no Nordeste do Brasil

Nesse caso, sua recuperação e incorporação ao banco de dados trariam grande contribuição ao estudo dessa população. No entanto, os valores do coeficiente de endogamia a partir do ano 1984 cresceram consideravelmente. De acordo com Oliveira et al. (2011), esse fato decorre da falta de informações de *pedigree* nos primeiros anos de registro. Com o passar dos anos, o grau de parentesco entre os animais aumentou, mediante a ocorrência de acasalamentos

dentro do rebanho, gerando maior endogamia. Esses autores verificaram que animais da raça Nelore (linhagem Lemgruber) vem apresentando aumentos de F ao longo das gerações, tal como observado no presente estudo. O acréscimo da endogamia e de sua taxa entre gerações também foi reportado por Vercesi-Filho et al. (2002a) na raça Tabapuã.

Para as características produtivas, os modelos linear, exponencial e Michaelis-Menten, foram significativos ( $P < 0,05$ ), com exceção apenas do modelo linear na característica P550 (Tabela 11 e 12). Já o modelo quadrático, tido geralmente como a primeira escolha nos estudos de endogamia com bovinos (Queiroz et al., 2000; McParland et al., 2007; Carolino & Gama, 2008), mostrou-se inadequado para descrever os efeitos da endogamia em todos os cinco caracteres avaliados devido à falta de significância estatística ( $P > 0,05$ ). Por esse motivo, os resultados não foram apresentados. Dessa maneira, o modelo exponencial revelou-se preferível à opção quadrática. Carrillo e Siewerd (2010) estimaram valores próximos aos relatados no presente estudo para a característica P205 na raça Angus ( $\beta = -25,28$ ,  $\beta = 0,897$  e  $\beta_2 = 0,10$ , para os modelos linear, exponencial e Michaelis-Menten, respectivamente).

Tabela 11 - Estimativa dos coeficientes de regressão da endogamia sobre as características peso aos 205 (P205), peso aos 365 (P365), peso aos 550 dias (P550), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo de partos (IDP) em bovinos Nelore Mocho do Nordeste do Brasil

Características	Modelos		
	Linear	Exponencial	Michaelis-Menten
P205	$\beta = -24,3^*$	$\beta = 0,87^{***}$	$\beta_2 = 0,133^{***}$
P365	$\beta = -30,3^{**}$	$\beta = 0,88^{***}$	$\beta_2 = 0,117^{***}$
P550	$\beta = -30,5^{ns}$	$\beta = 0,91^{***}$	$\beta_2 = 0,087^{***}$
IPP	$\beta = -74,6^{ns}$	$\beta = 0,95^{***}$	$\beta_2 = 0,061^{***}$
IDP	$\beta = -98,4^{ns}$	$\beta = 0,82^{***}$	$\beta_2 = 0,193^{***}$

ns = não significativo, \* $P < 0,05$ ; \*\* $P < 0,01$ ; \*\*\*  $P < 0,001$

Os modelos exponencial e Michaelis-Menten foram os mais adequados, além de servirem como preditores similarmente eficientes para todas as características ( $P < 0,01$ ). Ambos foram os únicos significativos para as características reprodutivas. Resultados semelhantes foram encontrados por Carrillo e Siewerd (2010) ao avaliarem as consequências do acúmulo da endogamia em longo prazo sobre características na desmama em um rebanho fechado da raça Angus. Os autores também confirmaram que os modelos linear, exponencial e Michaelis-Menten são adequados para estimar a depressão por endogamia. Por outro lado, o modelo linear é simples para ajustar, possuindo parâmetros de interpretações diretas, mas, não tem a flexibilidade e capacidade de lidar com os desvios de linearidade em valores mais elevados de

endogamia. Estas observações a respeito do modelo linear foram verificadas no presente trabalho para todas as características.

Tabela 12 - Quadrado médio do resíduo dos modelos linear, exponencial e Michaelis-Menten para as características avaliadas na variedade Nelore Mocha do Nordeste do Brasil

Características	Modelos		
	Linear	Exponencial	Michaelis-Menten
P205	312,5	312,5	312,4
P365	485,9	485,9	485,9
P550	962,3	962,3	962,3
IPP	117229,0	117230,0	117228,0
IDP	7367,8	7367,8	7367,5

Ao analisar a Figura 7, verifica-se que os modelos lineares e exponenciais tiveram comportamento semelhante para P205 e P365. Diante disso, Carrillo e Siewerdt (2010) sugeriram que a escolha entre usar o modelo linear ou o exponencial para descrever os efeitos endogâmicos deve ser feita com base no intervalo de valores de endogamia em um conjunto de dados. Assim, para amplitudes curtas, que se concentre em baixos valores de endogamia, o modelo linear irá fornecer aproximação satisfatória. Para maiores intervalos de endogamia ou para populações com maiores níveis de endogamia, o modelo exponencial confere maior flexibilidade para modelar a não-linearidade do fenômeno.

Para os animais da variedade Nelore Mocha (20.748 indivíduos), cerca de 99,7% apresentaram endogamia entre 0,00 e 0,20, entretanto, a maioria destes animais (97,1%) não é endogâmica. Dessa maneira, pode-se sugerir a predileção pelo uso do modelo linear em relação ao exponencial nas características P205 e P365 no presente trabalho em virtude dos fatores elencados anteriormente.

Assim, para níveis mais baixos de endogamia, o modelo linear propicia uma aproximação razoável do fenômeno. No entanto, o modelo Michaelis-Menten mostrou que, a partir de 20% de endogamia, há uma depressão maior nas características, evidenciando a não-linearidade do fenômeno. De fato, as Figuras 7 e 8, mostram que até o valor de  $F = 0,20$ , a depressão é aproximadamente linear e a partir desse ponto, há um maior efeito sobre as características produtivas.

O aumento de endogamia causou diminuição nas três características de crescimento. Assim, para cada aumento de 1% na endogamia observou-se depressão de aproximadamente 0,14%, 0,12% e 0,09% ou diminuição de 0,24 kg, 0,29 kg e 0,29 kg, para P205, P365 e P550, respectivamente (Figuras 7 e 8). Shimbo et al. (2000) relataram valores mais altos na raça

Nelore, em que o aumento de 1% em F diminuiu 0,30 kg no peso à desmama e 1,12 kg no peso ao sobreano. Essas perdas no desempenho foram justificadas como sendo causadas pelo aumento da homozigose e consequente elevação da expressão de alelos de menor eficiência produtiva, normalmente recessivos. Em análise do *pedigree* e dos efeitos da depressão endogâmica em características de crescimento nas raças Marchigiana e Bonsmara no Brasil, Santana-Júnior et al. (2012) também observaram depressão por endogamia para a maioria das características avaliadas.

Mamede et al. (2011) observaram o efeito da endogamia em bovinos Nelore Mocho criados no bioma Cerrado (EMBRAPA) e verificaram que, a partir de 8 a 9% de endogamia, houve redução do valor fenotípico para peso aos 120 e 210 dias. Carolino e Gama (2008) encontraram valores um pouco mais baixos na raça bovina de corte Alentajana (Portugal), com depressão de aproximadamente 0,1%, e diminuição de -0,189 kg para peso aos 7 meses e -0,322 kg para peso aos 12 meses a cada 1% de aumento da endogamia. Esses resultados já eram esperados pelos autores, haja visto tratar-se de dados provenientes de rebanhos comerciais, sujeitos à seleção artificial leve e com taxas moderadas de endogamia.

Para Carolino e Gama (2008), o nível de depressão por endogamia tem demonstrado ser mais elevado quando os efeitos dessa são expressos em condições ambientais adversas. Portanto, pode-se argumentar que as raças criadas em sistemas extensivos, muitas vezes sob condições climáticas extremas e restrições de alimentação, espera-se que mostrem um impacto mais pronunciado da depressão endogâmica.

A associação linear frequentemente assumida entre endogamia e desempenho é compatível com a hipótese de dominância, uma vez que corresponderia à perda de heterozigosidade e aumento da frequência de homozigotos recessivos deletérios com o acúmulo de endogamia (Carolino & Gama, 2008). No entanto, se os efeitos epistáticos também estão envolvidos na depressão por endogamia, um declínio não-linear no desempenho médio resultaria de endogamia acumulada (Charlesworth & Charlesworth, 1999).

Breda et al. (2004), trabalhando com populações simuladas, verificaram que as populações de menor tamanho efetivo apresentaram os maiores coeficientes médios de endogamia. Nomura et al. (2001), avaliando o gado japonês Black, julgaram ser necessário implantar estratégias para aumentar o tamanho efetivo nessa população, evitando-se redução no ganho genético futuro devido à diminuição da variabilidade genética e à depressão endogâmica em características econômicas.

A detecção de depressão endogâmica depende de estimativas precisas da endogamia, já que o coeficiente tradicional (F) não é linear ao longo de gerações e pode levar a diferentes conclusões sobre a depressão endogâmica dependendo da profundidade do *Pedigree* (Panetto et al., 2010). Dessa maneira, Cassell et al. (2003) utilizaram um método para medir a integralidade das informações de *pedigree* em vacas da raça Holandesa e Jersey. Eles observaram que, com

aumento das informações de parentesco (gerações conhecidas), a endogamia detectada também foi maior: 0,04 (com < 31% do *pedigree*), 1,65 (com 31 a 70%), e, 2,06 (entre 71 a 100%). Os autores elencaram ainda que os frequentes *pedigrees* incompletos dos animais podem produzir estimativas enganosas da depressão por endogamia.

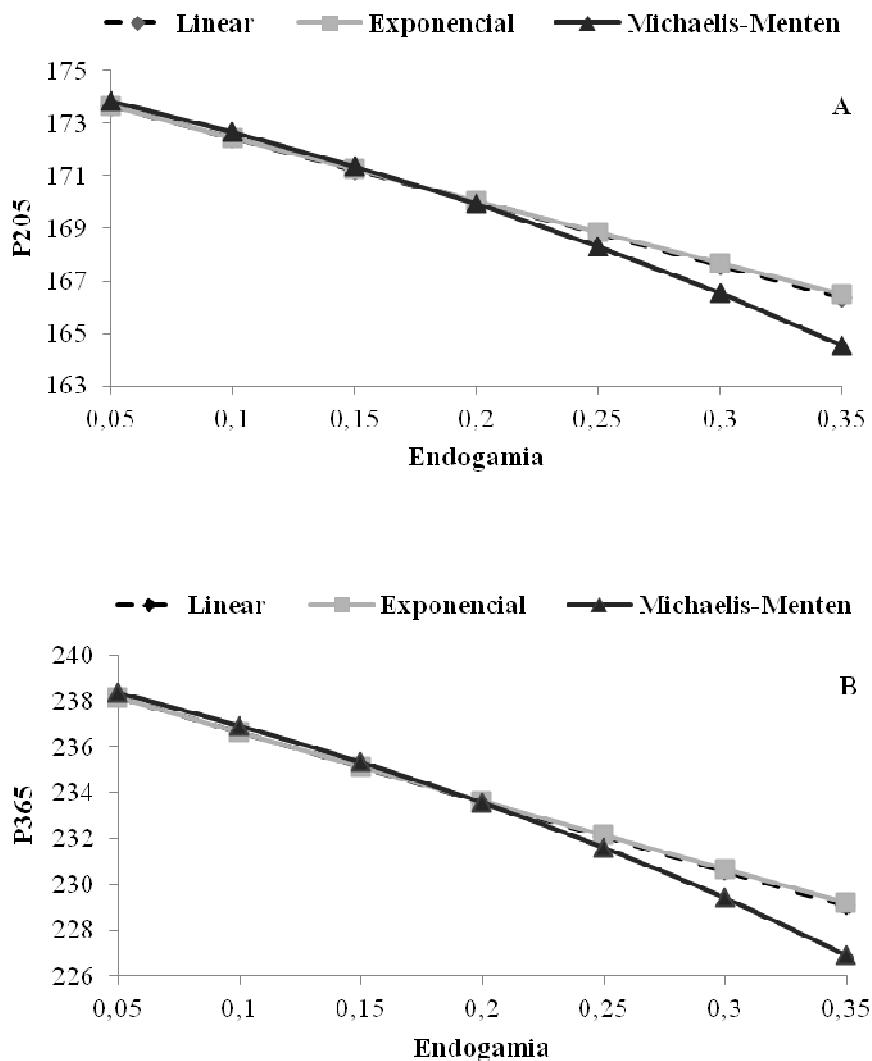


Figura 7 – Efeito da endogamia nas características peso aos 205 dias de idade (P205 – 3A) e peso aos 365 dias de idade (P365 – 3B)

No Brasil, outros autores observaram efeito da endogamia em diversas características. Oliveira et al. (1999) relataram pequena depressão nas características de crescimento na raça Guzerá com base em estimativas de valores fenotípicos. Para os machos a depressão foi de -0,033; -0,355; -0,312; -0,677; e -0,372 kg para cada 1% de aumento de F nos pesos ao nascer, aos 8, 12, 18 e 24 meses, respectivamente. Nas fêmeas os valores foram de -0,020; -0,622; -0,562; -0,482; e -0,842 kg para o mesmo aumento de F e às mesmas idades. Schenkel et al.



(2002) verificaram depressão endogâmica, fundamentando-se em valores genéticos, em cinco raças zebuínas. Nesse trabalho, os autores observaram que para cada 10% de aumento na endogamia individual, o ganho médio diário aos 205 dias de idade (GMD205) e o GMD550 reduziram em 1,7% e 2,1% em relação à média fenotípica, nessa sequência. Queiroz et al. (2000) encontraram efeito em função de informações fenotípicas sobre os pesos à desmama e aos 365 dias na raça Gir. Embora o efeito de F do indivíduo tenha sido significativo, não ocorreu depressão endogâmica acentuada nessas características para pequenos valores de coeficiente de endogamia. Penna (1990), com bovinos Tabapuã, também verificou efeitos significativo sobre o peso à desmama e o peso ao ano, sendo os valores médios de F iguais a 6,00 e 5,92%, respectivamente.

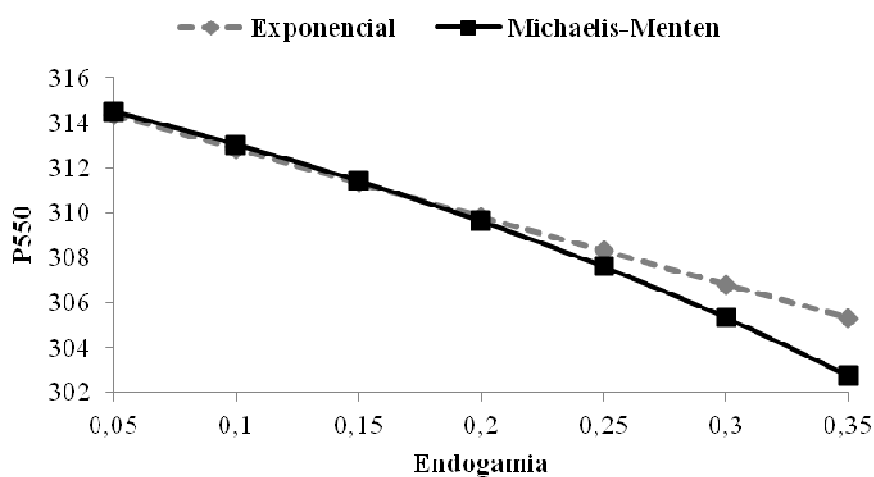


Figura 8 – Efeito da endogamia na característica peso aos 550 dias de idade (P550)

Teoricamente, as características reprodutivas são as mais afetadas pelo efeito da endogamia. A idade média ao primeiro parto no rebanho Nelore Mocho do Nordeste do Brasil foi de  $1.425,34 \pm 443,83$  dias (Tabela 1), ou aproximadamente 47,51 meses, condizendo com a realidade dos rebanhos explorados na região Nordeste, onde a alimentação é basicamente à pasto. Este valor foi superior ao encontrado por Azevêdo et al. (2006) em vacas Nelore da região Norte e Nordeste ( $45,14 \pm 10,83$  meses). Outros trabalhos avaliaram a IPP em rebanhos Nelore e, igualmente, relataram números menores para esta característica, de 1.038,7 dias (Dias et al., 2004) e de 1.004,3 dias (Boligon et al., 2008). Níveis de endogamia acima de 10% estiveram claramente associados com maiores idades ao parto na raça Holandesa. Entretanto, baixos a moderados níveis de endogamia (< 7%) parecem estar associados com menores idades ao parto, cerca de 3 a 5 dias a menos que animais não-endogâmicos (Thompson et al., 2000).

A elevada idade ao primeiro parto (IPP) é esperada em rebanhos na região Nordeste do Brasil. Isso se deve ao fato dessa característica depender, em quase sua totalidade, de fatores

ambientais, como nutrição e manejo reprodutivo. Na população avaliada, a IPP elevada, denota que as novilhas estão, provavelmente, sendo acasaladas pela primeira vez com idade próxima ou superior aos três anos de idade, o que é bastante tarde para o primeiro acasalamento.

Segundo Azevêdo et al. (2006), a idade ao primeiro parto (IPP) tardia é um dos principais fatores que afetam negativamente a produção de carne, com grande variabilidade na IPP em diferentes rebanhos, o que denota possibilidade de reduzi-la. Já a duração do intervalo de partos (IDP) em gado de corte interfere diretamente na rentabilidade da exploração pecuária, pois determina, em parte, o número de bezerros produzidos pela vaca e o intervalo de gerações, limitando a intensidade de seleção.

O intervalo de partos (IDP) médio dos animais incluídos nessa análise foi de  $509,24 \pm 158,63$  dias (Tabela 1) ou 16,97 meses, distante do valor biológico idealizado para obter um bezerro por ano, ou seja, um intervalo de 365 dias. McManus et al. (2002), avaliando os componentes reprodutivos e produtivos de um rebanho de corte mestiço da EMBRAPA Cerrados, verificaram que a média geral do IDP foi de 15,7 meses ( $471 \pm 140$  dias). Os autores justificaram que o valor encontrado para o IDP está abaixo da maioria das pesquisas sobre os rebanhos de corte nacionais, devido ao fato de terem mantido, através de suplementação, razoável condição nutricional do rebanho. Porém, o elevado desvio-padrão da média (158,63 dias) apresentado aqui para a variedade Nelore Mocha indica a possibilidade de redução desse parâmetro por meio do melhoramento do manejo nutricional.

Raças zebuínas, geralmente, apresentam maiores valores para IPP e IDP quando comparadas às raças européias. Este fato se confirma ao compararmos pesquisas, como de McParland et al. (2007), os quais relataram médias de 763 dias para idade ao primeiro parto, e de 404 dias para intervalo de partos, na raça irlandesa Holstein-Friesian.

Inesperadamente, a endogamia apresentou efeito favorável para as características reprodutivas no presente trabalho. Animais endogâmicos ( $F=0,25$ ) apresentaram menores idade ao primeiro parto (-22,3 dias ou -0,81 dias para cada aumento de 1% na endogamia) e intervalo de partos (-25,2 dias ou -0,95 dias para cada aumento de 1% na endogamia) que os animais não endogâmicos (Figura 9). No entanto, os valores médios para a IPP (1.425,34) e de IDP (509,24) foram muito altos, devido, conseqüentemente, pelos manejos nutricionais adotados e das condições adversas do clima na região Nordeste do país. Assim, os efeitos da endogamia sobre essas características podem estar subestimados ou a extrema variação fenotípica (valores elevados de desvio padrão) não permitiu um ajuste adequado dos modelos via erro. A utilização de modelos que se baseiam na suposição de que as variâncias e covariâncias genéticas permanecem constantes podem não ser válidas para populações que apresentem ou apresentaram efeito gargalo (Taft & Roff, 2012).

Valores de F menor do que 0,3 determinarão aumentos nas herdabilidades. Deste modo, as estimativas de depressão por endogamia para uma variedade de características relacionadas

ao desempenho em coeficientes de endogamia de 0,25, e intervalos de 0 a 91%, (média de 17% e mediana de 8%) poderiam apresentar resultados positivos. Contudo, havendo efeitos negativos, um aumento da herdabilidade seria suficiente para contrabalancear os resultados prejudiciais da endogamia (Taft & Roff, 2012).

Essas considerações podem ajudar a explicar porque as características reprodutivas (IPP e IDP) apresentaram resultados benéficos da depressão por endogamia na variedade Nelore Mocha, visto que essa população surgiu a partir de um rebanho Nelore Padrão. Portanto, a população apresenta um efeito fundador e gargalo - redução drástica do tamanho populacional com perda de variabilidade genética - no início da sua formação. Além disso, como um pequeno grupo deu início a uma nova população, algumas consequências provenientes do efeito gargalo podem acontecer. Dessa maneira, o fluxo gênico dessa população inicial foi muito maior do que seria em uma população maior, na qual as diferenças genéticas estão disseminadas, causando, portanto, um efeito fundador.

Algumas características tais como aquelas associadas diretamente com o desempenho, mostram significativa depressão endogâmica, indicando dominância direcional e, possivelmente, epistasia. Para tais características pode-se esperar uma probabilidade relativamente alta de aumento no valor genético aditivo após o efeito de gargalo. Por outro lado, características tipicamente morfológicas não respondem dessa maneira se houver depressão por endogamia, admitindo-se ser determinado, em grande parte, pelos valores genéticos aditivos (Taft & Roff, 2012).

Resultados adversos, em função de valores genéticos, foram registrados por Falcão et al. (2001), que relataram acréscimo de 1,4 dias para cada 1% de aumento na endogamia direta para a IDP em vacas Pardo-Suíças. O intervalo de parto médio foi  $473,50 \pm 111,67$  dias. Nas raças leiteiras Jersey e Holandesa, Cassell et al. (2003) não observaram efeito significativo da endogamia para a característica dias para o primeiro serviço. No entanto, os autores relataram que, mesmo o efeito tendo sido pequeno, este foi desfavorável. Carolino e Gama (2008) verificaram que o efeito da endogamia para o IDP na raça Alentejana foi moderado (+0,263 dias para cada 1% de F). Assim também ocorreu com a IPP (+0,022 dias para cada 1% de F), ou seja, os coeficientes de regressão foram positivos (onde o aumento é indesejável), demonstrando que o efeito da endogamia foi prejudicial para estas características.

Geralmente na literatura, usando depressão em relação a valores genéticos e/ou fenotípicos, a cada aumento de 10% em F há depressão das características em torno de 2 a 7%. Como exemplo, com uma taxa anual de aumento de F em torno de 0,2%, a depressão endogâmica esperada seria em torno de 0,04% a 0,14%. Deve ser destacado que a depressão endogâmica pode não apresentar uma relação linear com o aumento de F, sendo que a partir de níveis críticos a queda no desempenho pode ser mais brusca/acentuada (Carvalho & Pimentel, 2004). Assim, Panetto et al. (2010) observaram que a idade ao primeiro parto (IPP) e

o intervalo de partos (IDP) do rebanho leiteiro Guzerá foram afetados na mesma direção pela depressão por endogamia, porém com formas diferentes para cada modelo estatístico utilizado. Silva et al. (2001) relataram que a endogamia influenciou negativamente os valores genéticos para as características estudadas em bovinos do Ecótipo Mantiqueira. Nesse caso, a partir de 10% de endogamia houve tendência de aumento para IDP, com ponto mínimo de  $F=10,86\%$ . Já para IPP, observou-se tendência linear de aumento de 0,12 meses nos valores genéticos para cada acréscimo de 1% no coeficiente de endogamia.

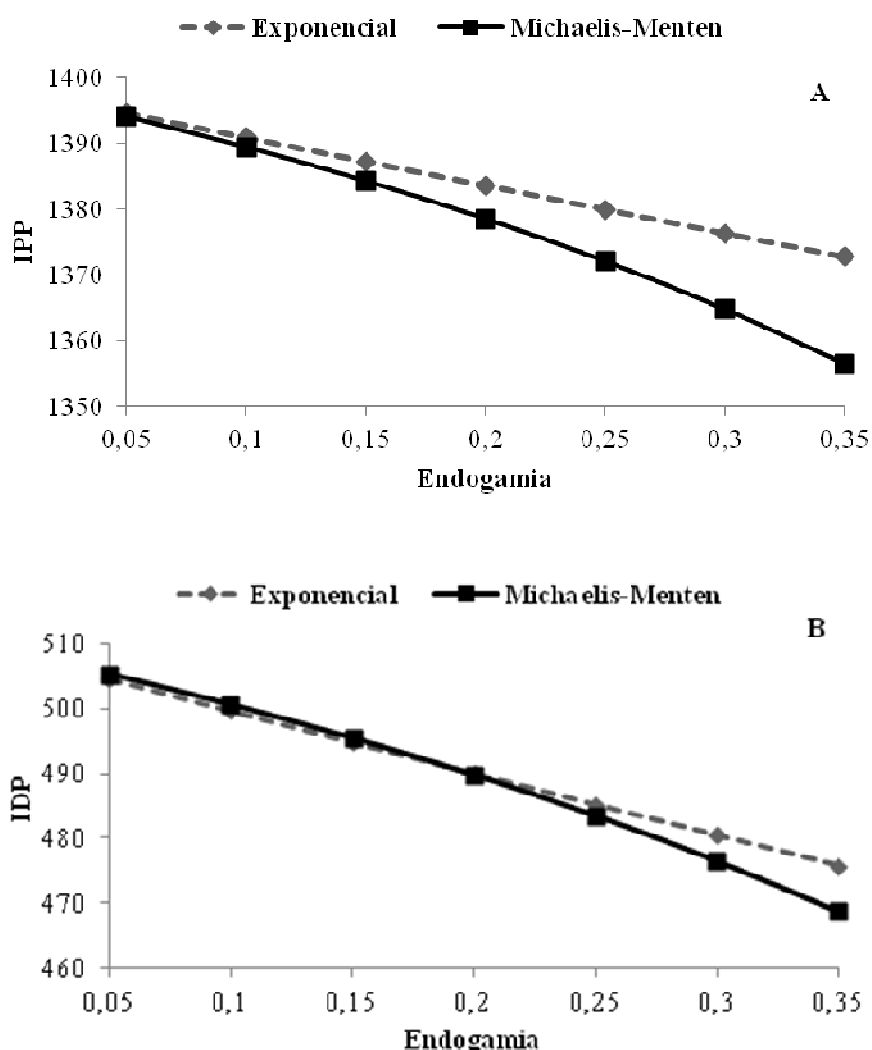


Figura 9 – Efeito da endogamia nas características idade ao primeiro parto (IPP – 5A) e intervalo de partos (IDP – 5B)

McParland et al. (2007), estudando vacas leiteiras irlandesas, relataram depressão endogâmica média em animais com 12,5% de endogamia para a IPP de 0,36% ( $> 2,5$  dias) e o IDP de 2,09% ( $> 8,8$  dias), o que corresponde a 0,2 e 0,7 dias para cada aumento de 1% na endogamia, respectivamente. Miglior et al. (1992), também avaliando vacas leiteiras, da raça

Jersey no Canadá, observaram que a depressão por endogamia não foi suficiente para causar grandes reduções em características produtivas nos animais com taxa média de endogamia. No entanto, quando o coeficiente de endogamia foi maior de 12,5%, os efeitos foram significativos e maiores do que o esperado.

Depressão por endogamia tem maior efeito nas frequências de genes intermédios porque a maior proporção de heterozigotos também ocorre nessa frequência. Como a seleção aumenta as frequências gênicas além de 0,5, o impacto da depressão por endogamia devido à dominância direcional diminui. Em pequenas populações, o coeficiente de endogamia aumenta rapidamente antes que a seleção possa sensivelmente aumentar as frequências dos alelos favoráveis. Embora pareça possível superar os impactos da depressão endogâmica desta maneira, este resultado só é verdade para as características primárias de seleção. Pesquisas são necessárias para examinar os impactos bivariados da interação de intensidade de seleção e depressão endogâmica, em particular, quando um das características está associada com a reprodução e a outra com a produção (Muir, 2000).

Nos últimos anos, a intensidade de seleção, um fator contribuinte para o nível de endogamia, intensificou-se com o progresso das tecnologias reprodutivas, tais como transferência de embriões e fertilização *in vitro*, ambas as quais resultam na utilização de poucos pais responsáveis em fornecer a próxima geração de animais da criação. Está claro que a endogamia é relacionada, principalmente, com a intensidade de seleção em vez de tamanho populacional. Métodos baseados na teoria de contribuição ideal são claramente mais promissores e devem ser refinados para aplicação a curto prazo em programas de melhoramento de rebanhos comerciais (Weigel, 2001).

Acredita-se que a endogamia pratique efeito depressor sobre o desempenho animal, pois, indivíduos com maior homozigosidade são menos tolerantes às variações de ambiente e, portanto, mais susceptíveis ao mesmo. Dessa maneira, o aumento da homozigose gera acréscimo na frequência de genótipos apresentando alelos recessivos, os quais, podem causar disfunções ou má formação nos animais, levando-os à morte ou descarte ainda quando bem jovens. Esse fato faz com que o efeito desfavorável da endogamia seja muito maior do que o exposto. Entretanto, a evolução das técnicas de reprodução e a seleção com base nos valores genéticos das características permitem selecionar os melhores reprodutores, que são utilizados de maneira intensiva, aumentando o parentesco entre os animais e, conseqüentemente, conduzindo ao acréscimo da endogamia. Contudo, é pertinente recomendar a redução da taxa de endogamia na variedade Nelore Mocha da região Nordeste do Brasil, haja visto os resultados discutidos nesse trabalho, a fim de reprimir os efeitos deletérios no desempenho animal em características de importância econômica. Para tanto, é necessário evitar os acasalamentos entre indivíduos mais aparentados do que a média da população, utilizando-se de programas de reprodução eficientes.

#### 4. CONCLUSÕES

Considerando a estrutura populacional da variedade Nelore Mocho na região Nordeste do Brasil, observa-se que o aumento do tamanho efetivo nos últimos períodos avaliados contribuiu para menor incremento de endogamia no rebanho. O intervalo de gerações encontra-se elevado, possivelmente, devido à utilização dos animais para reprodução por longos períodos. Já os valores das estatísticas F de Wright indicam a inexistência de subdivisão da população, provavelmente pelo uso excessivo de algumas linhagens paternas para a formação da variedade e na fixação do caráter mocho.

Os baixos valores de endogamia e do coeficiente médio de relação (CR) podem ser úteis para o estabelecimento de um plano de gestão genética para o rebanho. Contudo, esses números não revelam a ausência de animais endogâmicos na população, uma vez que a falta de informações no *pedigree* (baixa integralidade) impossibilita estimar estes parâmetros com alta acurácia.

Foi constatado efeitos da depressão endogâmica sobre todas as características de produção (P205, P365, P550), revelando perdas significativas nas médias dos pesos avaliados. As características reprodutivas (idade ao primeiro parto e intervalo de partos) não foram afetadas negativamente, exibindo menores valores para IPP e IDP com acréscimo de F.

Observou-se que as relações entre a endogamia e depressão não é linear, com maior expressão dos efeitos prejudiciais após 20% de endogamia. Os modelos exponencial e Michaelis-Menten foram os melhores preditores da depressão por endogamia para todas as características avaliadas.

## 5. REFERÊNCIAS

- ALDERSON, L.A. System to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In: **Genetic Conservation of Domestic Livestock II**, Eds. Alderson, L. and Bodo, I., CABI, Wallingford, U.K., p-18-29, 1992.
- ALVES, R.G.O.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FLHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.1219-1225, 1999.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Estatísticas**. [2012] Disponível em: <[www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html](http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html)> Acesso em 15/02/2012.
- AZEVEDO, D.M.M.R.; MARTINS-FILHO, R.; LOBO, R.B.; et al. Desempenho reprodutivo de vacas Nelore no Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.988-996, 2006.
- BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O. et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.543-552, 2011.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v.29, p. 5-23, 1997.
- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Lincoln: Agricultural Research Service, 1995. 120p.
- 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**, v.37, p. 596-60, 2008.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2017-2025, 2004.
- CARDELINO, R. & ROVIRA, J. **Mejoramiento genético animal**. Montevideo: 1987. 253p.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R. et al. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira 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. In: Congresso Nordestino de produção animal, VI. **Anais...** Mossoró - SNPA, 2010. (CD-ROM).

CAROLINO, N. & GAMA, L.T. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p. 511-527, 2008.

CARRILLO, J.A. & SIEWERDT, F. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **Journal of Animal Science**, v.88, p.87-95, 2010.

CASSELL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holstein and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2967-2976, 2003.

CAVALHEIRO, R. & PIMENTEL, E. C. G. Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. GEMPEC - workshop em genética e melhoramento na pecuária de corte, II. **Anais...** Jaboticabal: Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP. 2004. (CD-ROM).

CHARLESWORTH, B. CHARLESWORTH, D. The genetic basis of inbreeding depression, **Genetics Research**, v.74, p.329-340, 1999.

CHARLESWORTH, D. & WILLIS, J.H. The genetics of inbreeding depression. **Heredity**, v.10, p.783-796, 2009.

CLEVELAND, M.A.; BLACKBURN, H.D.ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **Journal of Animal Science**, v.83, p.992-1001, 2005.

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.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.501-509, 2002a.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. [2002b] Pedigree analysis in the brazilian zebu breeds. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, France. Session 26. Management of genetic diversity, 2002b.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura genética da raça Sindí no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.852-857, 2004.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura genética da raça Gir Mocha registrada no Brasil. **Boletim da Indústria Animal**, v.63, p.135-141, 2006.

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Pedigree analysis in the Brazilian zebu breeds. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.126, p.148-153, 2009.



FARIA, L.C.; QUEIROZ, S.A.; VOZZI, P.A.; et al. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de *pedigree*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1133-1140, 2010.

GONÇALVES, R.W.; COSTA, M.D.; ROCHA JÚNIOR, V.R. et al. Efeito da endogamia sobre características reprodutivas em um rebanho da raça Mangalarga Marchador. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.12, p.641-649, 2011.

GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, M.A.; ESPINOSA, L. et al. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, p.3-14, 2010.

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.

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.

MACCLUER, J.; BOYCE, B.; DYKE, L. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**, n.74, p. 394-399, 1983.

MAIGNEL L.; BOICHARD, D.; VERRIER E. et al. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, n.14, p.49-54, 1996.

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, n.9, p.1163-1169, 2008.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS-FILHO, R.; AZEVEDO, D.M.M. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordestino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.7, p.713-718, 2009.

MAMEDE, M. M. S. ; MAGNABOSCO, C. U. ; CASTRO, L. M. ; LOPES, F. B. . Efeito da endogamia sobre pesos aos 120 e 210 dias de idade em um rebanho experimental de bovinos Nelore Mocho criados no bioma Cerrado. In: VIII Congresso de Pesquisa, Ensino e Extensão, 2011, Goiânia. **Anais...** 63ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência - SBPC, 2011.

McMANUS, C.; SAUERESSIG, M.G.; FALCÃO, R.A.; et al. Componentes reprodutivos e produtivos no rebanho de corte da EMBRAPA Cerrados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, p. 648-657, 2002.

McPARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; RATH, M.; BERRY, D.P. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p.4411-4419, 2007.

McPARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; MACHUGH, D.E.; BERRY, D.P. Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving performance in Irish beef cattle. **Journal Animal Science**, v. 86, p.3338-3347, 2008.

McPARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; BERRY, D.P. Purging of inbreeding depression within the Irish Holstein-Friesian population. **Genetics Selection Evolution**, v. 41, p.1-8, 2009.

MEUWISSEN, T.H.E. & LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection and Evolution**, v.24, p.305-313, 1992.

MEUWISSEN, T.H.E. & WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MIGLIOR, F.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E.B. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. **Journal Animal Science**, v. 75, p.1112-1118, 1992.

MUIR, W.M. 2000. **The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance**. In: Proceedings of the American Society of Animal Science. Disponível em: <<http://www.asas.org>> Acesso em: 25/01/2011.

NOMURA, T.; HONDA, T.; MUKAI, F. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. **Journal Animal Science**, v. 79, p.366-370, 2001.

NORTHCUTT, S.L.; BUCHANAN, D.S.; CLUTTER, A.C. [1995]. Inbreeding in cattle. Disponível em: <<pods.dasnr.okstate.edu/docushare/dsweb/Get/...1974/ANSI-3165web.pdf>>. Acesso em: 21/01/2011.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.721-728, 1999.

OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B. et al. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.6, p.639-647, 2011.

PANETTO, J.C.C.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; et al. Assessment of inbreeding depression in Guzerat dairy herd: Effects of individual increase in inbreeding coefficients on production and reproduction. **Journal of Dairy Science**, v. 93, p.4902-4912, 2010.

PENNA, V.M. **Efeito da endogamia em características de peso e reprodução da raça Tabapuã**. Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1990. 102p. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1990.

QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**. n.32, p.949-953, 1976.

QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; LANZONI, N.A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p. 1014-1019, 2000.

RAZOOK, A.G. et al. Intensidades de seleção e repostas diretas e correlacionadas em 10 anos de progênes de bovinos das raças Nelore e Guzerá selecionadas para peso pós desmame. **Boletim Industria. Animal**, v.50, p.147-163, 1993.

RAZOOK, A.G., FIGUEIREDO, L.A., BONILHA NETO, L.M. et al. Níveis de endogamia em rebanhos Nelore e Guzerá da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora, MG. **Anais...** p.148-150.

SANTANA JÚNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; et al. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bosnmara breeds. **Journal of Animal Science**, v.90, p.99-108, 2012.

SAS INSTITUTE. **SAS**: user's guide for Windows Environment. Versão 9. Cary,NC: SAS Institute, 2003.

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.

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte, **Anais...**, Belo Horizonte: SBMA, 2000. p. 388-390.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.; COBUCI, J.A; et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do Ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1236-1242, 2001.

TAFT, H.R. & ROFF, D.A. Do bottlenecks increase additive genetic variance? **Conservation Genetics**, v.13, p.333-342, 2012.

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 83, p.1856-1864, 2000.

VERCESI-FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002a.

VERCESI-FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. . Endogamia e tamanho efetivo populacional na raça Nelore Mocho. In: XXXIX Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2002, Recife. **Anais ... XXXIX Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 2002b.

VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C.U. et al. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.482-485, 2006.

WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v.84, p. 177-184, 2001.

WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. **Science**, v.87, p.430-431, 1938.

## CAPÍTULO 2

### PARÂMETROS, TENDÊNCIAS GENÉTICAS E FENOTÍPICAS EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS NELORE MOCHO DO NORDESTE DO BRASIL

#### RESUMO

Objetivou-se com este estudo estimar os parâmetros e avaliar as tendências genéticas e fenotípicas do rebanho bovino da variedade Nelore Mocha na região Nordeste do Brasil. Foram utilizados dados de registros genealógicos de 45.785 animais nascidos entre 1960 e 2009 e dados dos pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade de bovinos nascidos a partir de 1980, gerados pelo Controle de Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebus (ABCZ). Os parâmetros e os valores genéticos foram estimados pelo método de máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (REML), sob o modelo animal usando aplicativo computacional MTDFREML. As tendências genéticas e fenotípicas anuais das características de crescimento foram estimadas pela regressão dos valores genéticos sobre o ano de nascimento dos animais. As médias ( $\pm$  desvios-padrão) para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de  $168,78 \pm 28,41$  kg,  $232,90 \pm 41,01$  kg e  $307,25 \pm 62,59$  kg, respectivamente. Os coeficientes de herdabilidade direta para os pesos ajustados nas três idades foram  $0,19 \pm 0,02$  (P205),  $0,24 \pm 0,03$  (P365) e  $0,18 \pm 0,03$  (P550). A herdabilidade materna para P205 foi igual a  $0,12 \pm 0,02$ . As tendências genéticas (regressão linear) direta e as tendências fenotípicas, para as características de crescimento, foram iguais a 0,016; 0,043 e 0,041 kg/ano, e a 1,34; 2,10 e 2,84 kg/ano, para P205, P365 e P550, respectivamente. O rebanho da região Nordeste do Brasil, apresentou alta variabilidade genética e progresso genético gradual no decorrer dos anos para as características de crescimento. Os efeitos fenotípicos foram superiores aos genotípicos, sugerindo que as melhorias no manejo e nas propriedades favoreceram essa situação. O monitoramento dos parâmetros, tendências genéticas e fenotípicas são estratégias importantes para aumentar os ganhos genéticos na variedade Nelore Mocha.

**Palavras-chave:** bovino de corte, crescimento, herdabilidade, mudança genética, pesos

## CHAPTER 2

### PARAMETERS, GENETIC AND PHENOTYPIC TRENDS IN GROWTH CHARACTERISTICS OF CATTLE NELORE POLLED OF NORTHEASTERN BRAZIL

#### ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the parameters and evaluate the genetic and phenotypic trends of Nelore cattle variety Mocha in Northeastern Brazil. The data of genealogical records of 45.785 animals born between 1960 and 2009 and data adjusted weights at 205, 365 and 550 days old born since 1980, generated by the Development Control Ponderal Brazilian Association of Zebu cattle (ABCZ). The parameters and breeding values were estimated by restricted maximum likelihood derivative free (REML) under the animal model using computational application MTDFREML. The genetic and phenotypic trends of annual growth traits were estimated by linear regression of breeding values on year of birth of the animal. The averages ( $\pm$  standard deviation) for the weights adjusted to 205, 365 and 550 days of age were  $168.78 \pm 28.41$  kg,  $232.90 \pm 41.01$  kg and  $307.25 \pm 62.59$  kg, respectively. The direct heritability coefficients for weights at the three ages were  $0.19 \pm 0.02$  (P205),  $0.24 \pm 0.03$  (P365) and  $0.18 \pm 0.03$  (P550). Maternal heritability for P205 was equal to  $0.12 \pm 0.02$ . Genetic trends (linear regression) directly and phenotypic trends for growth traits were equal to 0.016, 0.043 and 0.041 kg / year, and 1.34, 2.10 and 2.84 kg / year to P205, P365 and P550, respectively. The herd of northeastern Brazil, showed high genetic variability and genetic progress gradually over the years to the growth characteristics. The phenotypic effects were higher than genotypic, suggesting that improvements in the handling on the properties favored in this situation. The monitoring of parameters, genetic and phenotypic trends are important strategies to increase genetic gain in Nelore variety Mocha.

**Keywords:** beef cattle, growth, heritability, genetic change, weights

## 1. INTRODUÇÃO

A produção bovina brasileira vem passando por um processo de modernização ocasionado pela necessidade de aumentar sua eficiência, visto que, a concorrência do mercado, a introdução e a procura por outras carnes, e a sustentabilidade ambiental ampliaram essa competitividade. Segundo Santos et al. (2007), é preciso intensificar a produtividade dos bovinos, o que pode ser atingido pela combinação de melhorias de manejo, nutrição, reprodução e sanidade aliados a animais de maior potencial genético.

O Brasil no ano 2010 possuía 209.541.109 milhões de cabeças bovinas, sendo a região Nordeste detentora de 28.762.119 animais, ou seja, apenas 13,7% do efetivo total. O Nordeste do país, pioneiro na criação de bovinos, apresenta áreas de alta e de baixa densidade, como a zona da mata e o sertão, respectivamente. Apesar dos avanços da pecuária em algumas áreas (valorização das terras e melhoramento dos plantéis), as adversidades climáticas, a exemplo da que ocorreu no período de 1979-1983, continuam sendo fator preocupante para a região (IBGE, 2012). Assim, para fins de caracterização espacial da produção de bovinos, o Nordeste foi dividido em nove áreas denominadas de: Oeste Baiano, Maranhão, Norte Piauiense, Norte Cearense, Gado-Algodão, Mata e Agreste, Sertão, Recôncavo Baiano e Serra Geral da Bahia (Arruda & Sugai, 1994). Entretanto, a pecuária do território nordestino é composta, principalmente, por animais zebus criados em sistema extensivo, justamente por estes apresentarem boa adaptação às diversidades climáticas registradas nessas áreas. Além do mais, os longos períodos de estiagem, aliado aos baixos valores genéticos das pastagens e dos animais, favorecem o aparecimento de índices produtivos inferiores quando comparado às demais regiões brasileiras.

O livro de registros da variedade mocha da raça Nelore foi criado em 1969, doze anos após o nascimento na cidade de Araçatuba (São Paulo), do primeiro animal mocho e touro fundador (Caburey). Com relação ao Nelore padrão, a única diferença da variedade mocha diz respeito à ausência de chifres, sendo que para esta última é utilizada o padrão racial da primeira. A variedade Nelore Mocha encontra-se na segunda colocação em número de registros genealógicos com 678.771 RGD (registros definitivos), do ano da criação até 2011 (ABCZ, 2012), perdendo apenas para a raça Nelore. A expressiva vendagem de sêmen desta variedade também mostra a sua relevância dentro da pecuária de corte nacional, com 258.868 doses vendidas no ano de 2011, correspondendo a 27,46% a mais que no ano anterior (ASBIA, 2012).

Nos últimos anos, foram verificados avanços nos métodos de melhoramento genético e em tecnologias utilizadas nos rebanhos de corte no Brasil. Assim, a variedade Nelore Mocha tem estado sob intensa observação dos programas de melhoramento. Com a aplicação desses programas nas raças bovinas, verifica-se maior acurácia das avaliações genéticas e diminuição

no intervalo de gerações, o que potencialmente gera um aumento das taxas de endogamia e redução da diversidade genética. Em qualquer raça, outra preocupação que se deve ter é com o monitoramento do progresso genético realizado.

As estimativas dos parâmetros genéticos fornecem informações importantes sobre a natureza genética das diferentes características e são necessárias para predizer as respostas diretas e correlacionadas da seleção, formular índices e escolher os métodos de seleção mais adequados. O conhecimento das fontes de variação não-genética permite identificar os fatores ambientais que causam variações nas produções, possibilitando que se evidenciem as diferenças devidas aos fatores hereditários, facilitando, dessa forma, a escolha dos indivíduos geneticamente superiores (Biffani et al., 1999).

Por outro lado, a tendência genética é uma medida que permite avaliar a mudança provocada por um processo de seleção numa determinada característica ao longo dos anos (Santos et al., 2007; Carneiro et al., 2009). Sua estimativa, após o início do processo de seleção, é uma forma de se avaliar o progresso genético de um rebanho e decidir sobre ações futuras (Forni et al., 2007). Contudo, para se saber se está havendo ou não o ganho genético, o programa de melhoramento deve ser monitorado constantemente. Uma das maneiras de se verificar isso é através do acompanhamento da variação genética do rebanho, estimando-se a tendência genética (Souza et al., 2004; Lima et al., 2005).

Este monitoramento das respostas fenotípicas e genéticas permite ao melhorista a obtenção de informações relacionadas aos aspectos fenotípicos do rebanho e ao progresso dos méritos genéticos após gerações de seleção (Balieiro, 2008).

As características fenotípicas de valor econômico são influenciadas por um componente genotípico que inclui a variância genética aditiva e não aditiva dos genes e um componente ambiental, regulado pela influência temporária ou permanente do meio ambiente. O ambiente materno, no entanto, pode influenciar o crescimento do bezerro tanto na fase pré-natal quanto na fase pós-natal, sendo que nesta última a influência materna estará em maior dependência do manejo empregado (Ribeiro et al., 2001).

Assim, objetivou-se neste trabalho avaliar estimativa de parâmetros e tendências genéticas, na região Nordeste do Brasil, no intuito de fornecer subsídios para programas de melhoramento genético e expansão da variedade.



## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Material

Este trabalho foi realizado com bovinos da variedade Nelore Mocho. Os animais utilizados foram provenientes do controle de desenvolvimento ponderal, registrados na Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Foram utilizados dados dos pesos ajustados aos 205 (P205), 365 (P365) e 550 (P550) dias de idade, de bovinos nascidos a partir de 1980, no Nordeste brasileiro.

A estrutura do conjunto de dados das características referentes aos pesos ajustados, está apresentada na Tabela 1. Os grupos de contemporâneos foram formados por animais do mesmo sexo, época (estação e ano de nascimento), rebanho e regime alimentar. Grupos de contemporâneos, com menos de três animais, foram excluídos das análises. Para os pesos P205, P365 e P550, foram formados 1.258, 988 e 789 grupos de contemporâneos com 17.114, 9.682 e 7.947 pesagens por grupo, respectivamente.

Tabela 1 - Estrutura de dados das características relativas aos pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade, em bovinos da variedade Nelore Mocha, no Nordeste do Brasil.

Estrutura dos dados	P205	P365	P550
Pesagens utilizadas (n°)	17114	9682	7947
Animais na matriz de parentesco (n°)	24465	24465	24465
Grupos de contemporâneos (n°)	1258	988	789
Touros (n°)	769	446	348

### 2.2. Métodos

#### 2.2.1. Parâmetros genéticos

Para se obter as estimativas de covariância genética e a predição dos valores genéticos, empregou-se a metodologia da Máxima Verossimilhança Restrita Livre de Derivada, por meio de modelos animais unicaracterísticas, usando o aplicativo Multiple Traits Derivate Free Restrict Maximum Likelihood (MTDFREML) de acordo com Boldman et al. (1995).

A matriz de relacionamento genético foi constituída de 24.465 animais. Os modelos de análise utilizados podem ser descritos, sob forma matricial, como:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2m + e$$

em que  $y$  = vetor das observações de cada característica (P205, P365 e P550);  $X$  = matriz de incidência associada aos efeitos fixos;  $\beta$  = vetor de solução para os efeitos fixos;  $Z_1$  = matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo direto de cada animal;  $a$  = vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos diretos aleatórios;  $Z_2$  = matriz de incidência associada ao efeito genético aditivo materno de cada animal;  $m$  = vetor de soluções para os efeitos genéticos aditivos maternos aleatórios;  $e$  = vetor dos resíduos.

Para os pesos ajustados aos 205 (P205) dias de idade, foi aplicado um modelo com efeitos aleatórios: genéticos aditivos (direto e materno), ambiente permanente materno (efeitos linear e quadrático); efeitos fixos de grupos contemporâneos, admitindo a covariância entre os efeitos diretos e maternos genéticos como nula. Para P365 e P550, foi considerado um modelo semelhante ao descrito anteriormente, sendo que os mesmos efeitos fixos e co-variáveis utilizados foram considerados, com apenas o efeito genético aditivo direto como aleatório. Portanto, sem os efeitos genéticos materno e de ambiente permanente materno.

### 2.2.2. Tendências genéticas e fenotípicas

As estimativas das tendências genéticas e fenotípicas para as características foram obtidas por regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos e pesos observados) sobre o ano de nascimento. Dessa maneira, para o estudo da tendência genética das características avaliadas, foram utilizados os valores observados correspondentes às médias aritméticas dos valores genéticos de cada grupo de animais, dentro de seu respectivo ano de nascimento, ponderadas pelo número de observações, obtidas pelo procedimento PROC REG (SAS, 2003), utilizando-se a seguinte equação:

$$Y_i = b_0 + b_1x_i + e_i$$

em que  $Y_i$  = valor genético para as características avaliadas do  $i^{\text{ésimo}}$  ano de nascimento;  $b_0$  = intercepto;  $b_1$  = coeficiente angular da reta;  $x_i = i^{\text{ésimo}}$  ano de nascimento;  $e_i$  = erro aleatório.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.2. Parâmetros, tendências genéticas e fenotípicas

As médias ( $\pm$  desvios-padrão) e os coeficientes de variação (CV) para os pesos ajustados aos 205, 365 e 550 dias de idade foram de  $168,78 \pm 28,41$  kg e 16,83%;  $232,90 \pm 41,01$  kg e 17,61%;  $307,25 \pm 62,59$  kg e 20,37%, respectivamente. Resultados próximos a esses foram relatados por Santos et al. (2005) e Malhado et al. (2008) estudando bovinos Nelore Mocho e Nelore na Bahia. Garcia et al. (2003) avaliaram o peso a desmama na variedade Nelore Mocha, no Mato Grosso do Sul, e relataram média de  $168,05 \pm 27,60$  kg. No entanto, Biffani et al. (1999) relataram valores inferiores aos encontrados no presente trabalho, utilizando dados provenientes de animais da raça Nelore ( $186,16 \pm 2,74$  kg para P365 e  $244,06 \pm 5,23$  kg para P550) explorados nos estados do Ceará e do Piauí. Esses autores complementaram que os valores obtidos naquele estudo são inferiores à maioria dos encontrados na bibliografia, enfatizando que os rebanhos situados na região Nordeste do País, onde há condições adversas de clima e solo, aliadas às deficientes práticas de manejo, podem ter contribuído para a inferioridade dos valores mensurados.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidades direta ( $0,19 \pm 0,02$ ) e materna ( $0,12 \pm 0,02$ ) para P205 apresentaram valores de média magnitude, o que indica a possibilidade de ganho genético por meio de seleção para efeito direto e materno (Tabela 2). Malhado et al. (2008) encontraram coeficientes de herdabilidade (efeito direto e materno) inferiores aos encontrados neste estudo ( $0,16 \pm 0,02$  e  $0,06 \pm 0,02$ ) quando avaliaram o rebanho Nelore no estado na Bahia. No entanto, Malhado et al. (2005a) estimaram a herdabilidade direta e materna para o peso aos 205 dias de idade, na variedade Nelore Mocha no estado da Bahia, e encontraram valores superiores aos aqui relatados ( $0,24 \pm 0,039$  e  $0,20 \pm 0,057$  respectivamente). Já Garcia et al. (2003) apresentaram o valor médio de  $0,54 \pm 0,09$ , para a herdabilidade aditiva direta, e de  $0,27 \pm 0,13$  para a materna em bovinos Nelore Mocho, explorados no estado do Mato Grosso do Sul.

Para P365, o valor estimado do coeficiente de herdabilidade foi superior ( $0,24 \pm 0,03$ ) ao obtido para P550 ( $0,18 \pm 0,03$ ). Os coeficientes de herdabilidade estimados para efeito genético direto apresentaram valores semelhantes aos estimados por Malhado et al. (2008) na raça Nelore, e superiores aos encontrados por Lôbo et al. (2000) em bovinos Guzerá no estado do Ceará. Giannotti et al. (2005) relataram herdabilidades médias de 0,27 e 0,31, nessa ordem, para P365 e P550 ao revisarem 331 trabalhos com bovinos. Lira et al. (2008), com base em 67 trabalhos com raças zebuínas de corte, observaram herdabilidade média direta de 0,31 e 0,35 para P365 e P550, respectivamente. Por outro lado, Biffani et al. (1999) encontraram

herdabilidade bem maior para os pesos aos 365 dias de idade ( $0,56 \pm 0,09$ ) e aos 550 dias ( $0,64 \pm 0,12$ ). Dias et al. (2006), utilizando modelos de regressão aleatória na raça Tabapuã, verificaram que as herdabilidades para o efeito aditivo direto decresceram do nascimento ( $0,28$ ) até próximo à desmama ( $0,21$ ), por volta de 240 dias de idade. Após esta idade, os animais apresentaram tendência de aumento, atingindo  $0,24$  aos 550 dias.

Tabela 2 - Estimativas dos componentes de variâncias e coeficientes de herdabilidade para peso aos 205 (P205), 365 (P365), 550 (P550) dias de idade em bovinos da variedade Nelore Mocha no Nordeste do Brasil <sup>(1)</sup>.

Pesos	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{ep}^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h_d^2$	$h_m^2$
P205	83,98	50,53	45,60	254,89	434,38	$0,19 \pm 0,02$	$0,12 \pm 0,02$
P365	172,34	-	-	536,45	708,79	$0,24 \pm 0,03$	-
P550	211,16	-	-	993,80	1204,96	$0,18 \pm 0,03$	-

<sup>(1)</sup>  $a^2$  componente de variância genética aditiva direta;  $m^2$  componente de variância genética aditiva materna;  $ep^2$  variância de ambiente permanente materno;  $e^2$  variância residual;  $p^2$  variância fenotípica;  $h_d^2$  herdabilidade direta;  $h_m^2$  herdabilidade materna;  $r_{am}$  correlação genética entre os efeitos diretos e maternos.

É importante compreender que os animais criados nas condições típicas do Nordeste são selecionados, geralmente, mais em função das características anatômicas e raciais do que em função do desempenho produtivo. Contudo, os coeficientes de herdabilidade do efeito genético para peso avaliados nas três idades foram próximos aos observados na literatura em outras raças zebuínas. Esse dado indica haver variabilidade genética aditiva direta no Nelore Mocha do Nordeste brasileiro, evidenciando oportunidade de ganho genético com a seleção para peso nesta variedade.

As estimativas dos parâmetros genéticos fornecem informações importantes sobre a natureza genética das diferentes características (Biffani et al., 1999). Essas estimativas são necessárias para prever as respostas diretas e correlacionadas da seleção, formular índices e escolher os métodos de seleção mais adequados. Paralelamente, o conhecimento das fontes de variação não-genética permite identificar os fatores ambientais que causam inconstâncias nas produções, possibilitando que se evidenciem as diferenças devidas aos fatores hereditários, facilitando a escolha dos indivíduos geneticamente superiores. Sobre as respostas correlacionadas, Santos et al. (2005) observaram na variedade Nelore Mocha registrada no estado da Bahia, alta magnitude para as correlações genéticas e fenotípicas entre P205, P365 e P550, superiores às correlações ambientais entre estas características, indicando que a seleção para qualquer uma delas trará ganhos nas outras.

Qualquer mudança que venha a ocorrer em determinada característica ao longo dos anos motivada por processo seletivo poderá ser avaliada através do estudo da tendência genética. Assim, para a característica P205, a tendência genética direta (regressão linear) foi significativa

( $P < 0,01$ ) e igual a 0,016 kg/ano (Figura 1A), representando progresso genético de 0,784 kg, nos 49 anos analisados. Malhado et al. (2008) também relataram tendência genética positiva ( $P < 0,001$ ) de 0,049 kg/ano para o peso ao desmame, na raça Nelore no estado da Bahia, que representou progresso genético maior (1,76 kg) ao relatado neste trabalho (cerca de 1 kg durante 36 anos de estudo).

Malhado et al. (2005b), no entanto, encontraram tendência genética negativa para o peso ao 205 dias de idade ( $P < 0,05$ ), estudando bovinos da variedade Nelore Mocho no estado da Bahia, com valor estimado de -0,07 kg/ano para o efeito direto. Da mesma maneira, Carneiro et al. (2009) relataram tendência genética negativa ( $P < 0,01$ ) para o peso à desmama na raça Indubrasil no Nordeste brasileiro, com valor estimado de -0,028 kg/ano.

As tendências genéticas direta (regressão linear) para os pesos aos 365 e 550 dias de idade, não foram significativas ( $P > 0,05$ ), com valores estimados em 0,043 e 0,041 kg/ano, respectivamente, o que representou ganho genético de 2,11 e 2,01 kg no período (Figura 1B e 1C). Pereira et al. (2005) estimaram que o ganho genético esperado na característica de seleção direta (peso ao sobreano) do rebanho Caracu da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho seria de 2,02 kg/ano. Segundo os autores, esse ganho positivo é em função da intensidade de seleção exercida, no desempenho individual dos pesos mensurados em diferentes idades e no intervalo de gerações (4,8 anos no último período avaliado).

Segundo a literatura, é possível obter uma taxa de mudança genética anual de 1 a 3% da média da população sob estudo. Incrementos, tanto para ganho de peso à desmama, quanto para a pós-desmama, têm sido registrados em rebanhos bovinos de diferentes raças (Ribeiro et al., 2001, Corrêa et al., 2006, Holanda et al., 2004, Souza et al., 2004, Lima et al., 2005 e Souza et al., 2011).

Nos últimos anos, as raças zebuínas exploradas nas condições observadas e relatadas na região Nordeste têm apresentado pequeno progresso genético, quando o mesmo não é negativo ou nulo para as características de desenvolvimento ponderal. É importante salientar que os aspectos no momento da seleção dos animais precisam ser oriundos do desempenho produtivo avaliado adequadamente, e não por suas características fenotípicas. O pequeno ganho genético das características relacionadas ao crescimento animal nesses rebanhos deve-se principalmente à pequena utilização de animais avaliados geneticamente. Também podem estar relacionados a problemas na estrutura genética populacional e problemas na difusão e uso das informações geradas pelas pesquisas em melhoramento animal. Lôbo et al. (2010) enfatizam que os trabalhos de extensão rural para fins de divulgação e uso das tecnologias geradas devem acompanhar os avanços oferecidos pelo melhoramento genético animal.

Dessa maneira, as estimativas de tendências genéticas obtidas em uma população explorada em ambientes diversos e nos mais diferentes sistemas de produção, como é o caso de gado de corte no Brasil, são o resultado médio de valores que podem encontrar-se distribuídos,

alguns próximos a zero, enquanto outros são positivos e negativos. Se isso, por um lado, permite avaliar a situação da raça ou variedade como um todo, por outro, impossibilita a identificação dos rebanhos que possam estar realizando os maiores progressos. No entanto, programas estruturados com base na demanda e no potencial de diferentes regiões podem possibilitar progressos genéticos mais eficientes tanto do ponto de vista biológico quanto econômico (Euclides-Filho et al., 2000).

As tendências fenotípicas (regressão linear) para as três características de crescimento foram significativas ( $P < 0,001$ ) e iguais a 1,34; 2,10 e 2,84 kg/ano para P205, P365 e P550, e esses valores refletem em 65,66; 102,90 e 139,16 kg obtidos durante todo o período avaliado, respectivamente (Figura 2A, 2B, 2C). Esses resultados mostram que os produtores estão obtendo ganhos fenotípicos anuais significativos para as três características avaliadas (P205; P365 e P550). No entanto, o progresso é pequeno e, é oriundo, em sua maioria, das condições ambientais ofertadas aos animais, já que a contribuição genética estimada foi bem pequena.

Valores de 1,40; 1,65 e 2,11 kg por ano para as mesmas características foram obtidas por Malhado et al. (2008) estudando o rebanho Nelore no Estado da Bahia. Ferraz-Filho et al. (2002) avaliando o desenvolvimento dos bovinos da variedade Nelore Mocho, no Sudeste, Nordeste e Centro-oeste do Brasil, estimaram mudanças fenotípicas anuais de 0,475 kg (P205); 0,258 kg (P365) e 0,188 kg (P550), enquanto que as mudanças genéticas foram de 1,518 kg (P205); 2,206 kg (P365) e 3,142 kg (P550), por ano. Tais resultados confirmam a melhoria das características ambientais e/ou manejo ao longo do tempo, implicando para os criadores ganhos anuais fenotípicos significativos.

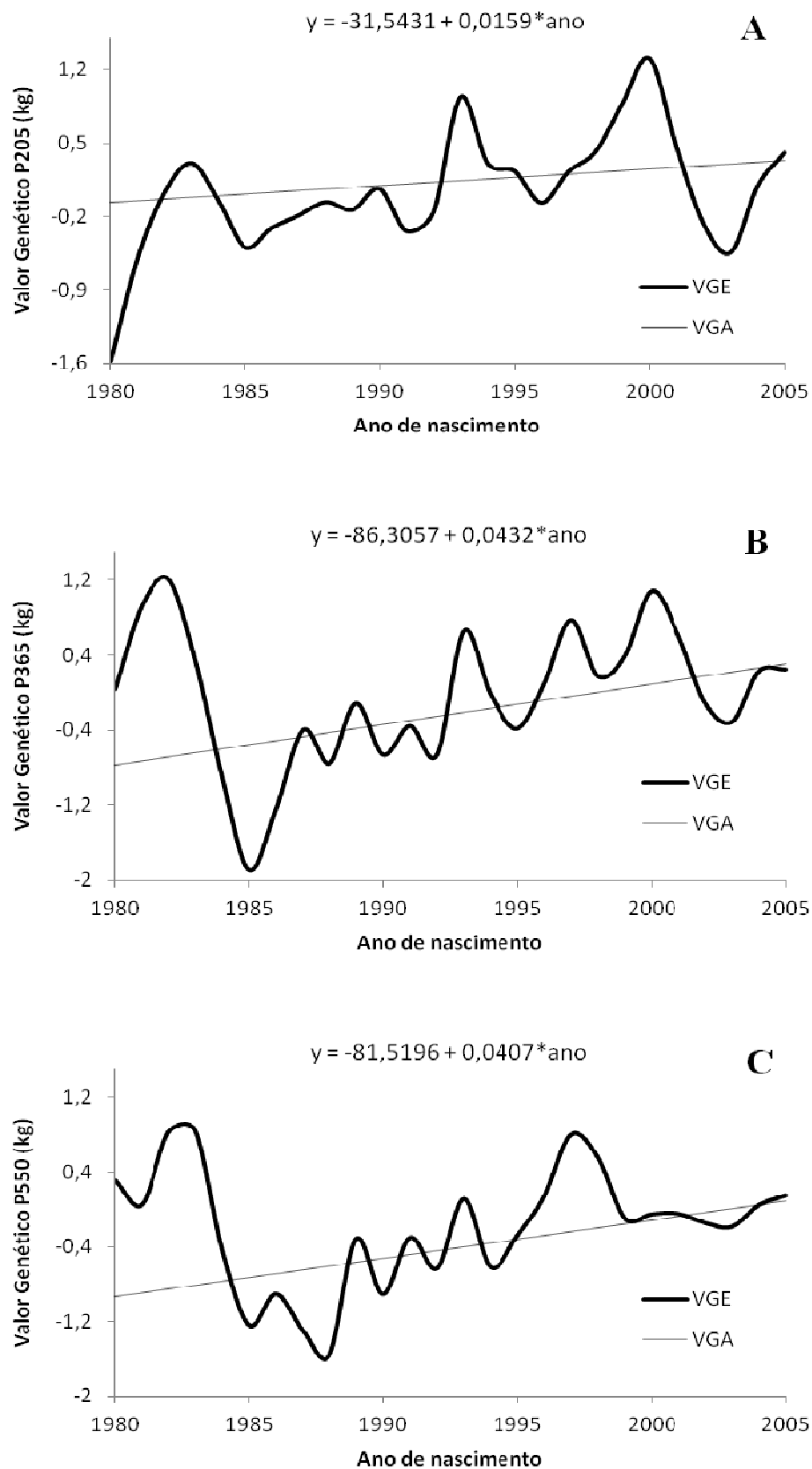


Figura 1 - Tendências genéticas (VGE - valor genético estimado; VGA - valor genético ajustado) para as características P205 (1A), P365 (1B), P550 (1C) em bovinos Nelore Mocho criados na região Nordeste do Brasil

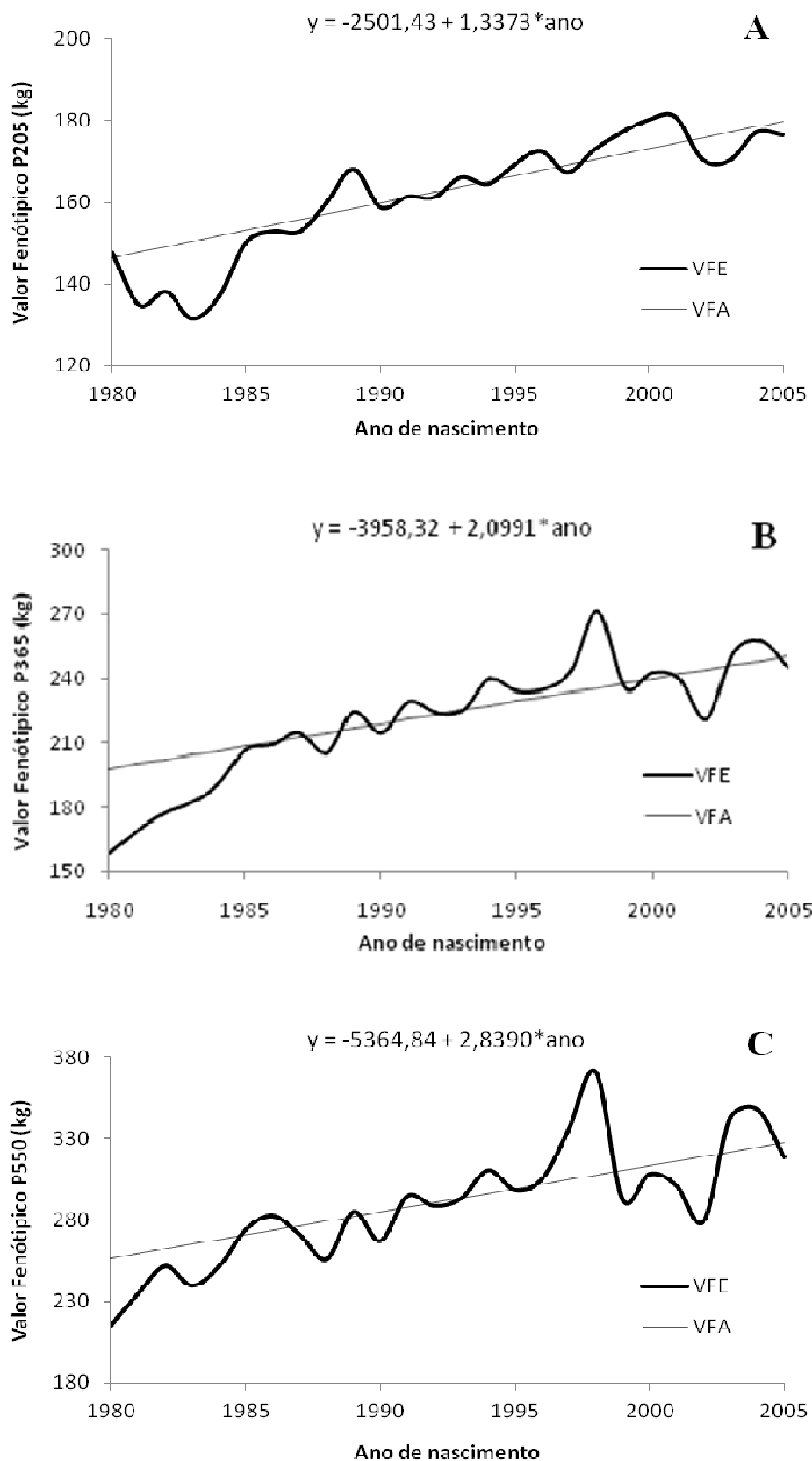


Figura 2 - Tendências fenotípicas (VFE - valor fenotípico estimado; VFA - valor fenotípico ajustado) para as características P205 (2A), P365 (2B), P550 (2C) em bovinos Nelore Mocho criados na região Nordeste do Brasil



#### 4. CONCLUSÕES

O rebanho Nelore Mocho apresentou alta variabilidade genética direta e progresso genético gradual e pequeno no decorrer dos anos para as características de crescimento, possibilitando o ganho genético por meio de seleção. Os efeitos fenotípicos foram superiores aos genotípicos, proporcionando ganhos anuais significativos, sugerindo que melhorias no manejo e nas propriedades favorecem essa situação.

No entanto, para que continue havendo progresso genético da variedade na região é fundamental que se busque a redução do intervalo de geração, aumento do tamanho efetivo e a continuidade do controle dos acasalamentos de animais aparentados, bem como uma melhor orientação por parte dos técnicos na indicação de touros para inseminação artificial.

## 5. REFERÊNCIAS

ARRUDA, Z.J. & SUGAI, Y. **Regionalização da pecuária bovina no Brasil**. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte. - Campo Grande: EMBRAPA-CNPGC; Brasília: EMBRAPA-SPI, 1994. 144p. - (EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 58).

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL – ASBIA. **Relatórios**. [2012] Disponível em: <[www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2011.pdf](http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2011.pdf)> Acesso em 20/02/2012.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE ZEBU – ABCZ. **Estatísticas**. [2012] Disponível em: <[www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html](http://www.abcz.org.br/conteudo/tecnica/estatisticas.html)> Acesso em 15/02/2012.

BALIEIRO, C.C. **Aspectos genéticos e fenotípicos de características produtivas, temperamento e repelência em bovinos da raça Nelore**. Dissertação de Mestrado. Pirassununga (São Paulo): Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo. 89p. 2008.

BIFFANI, S.; MARTINS-FILHO, R.; GIORGETTI, A.; et al. Fatores ambientais e genéticos sobre o crescimento ao ano e ao sobreano de bovinos Nelore, criados no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.468-473, 1999.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; et al. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Lincoln: Agricultural Research Service, 1995. 120p.

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

CORRÊA, M.B.B.; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Estimativas de parâmetros genéticos, componentes de covariância e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas pré-desmama em bovinos Devon no rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.997-1004, 2006.

DIAS, L.T.; ALBUQUERQUE, L.G.; TONHATI, H.; TEIXEIRA, R.A. Estimação de parâmetros genéticos para peso do nascimento aos 550 dias de idade para animais da raça Tabapuã utilizando-se modelos de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1915-1925, 2006.

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

FERRAZ-FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; et al. 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, p. 635-640, 2002.

FORNI, S.; FEDERICI, J.F.; ALBUQUERQUE, L.G. Tendências genéticas para escores visuais de conformação, precocidade e musculatura à desmama de bovinos Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.572-577, 2007.

GARCIA, F.Q.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C. Tendência dos efeitos genéticos diretos e maternos do peso à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha na região pecuária Campo Grande e Dourados – Mato Grosso do Sul. **Archives of Veterinary Science**, v.8, p.93-97, 2003.

GIANNOTTI, J.D.G.; PACKER, I.U.; MERCADANTE, M.E.Z. Meta-análise para estimativas de herdabilidade para características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.4, p.1173-1180, 2005.

HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C.; SANTORO, K.R. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.185-194, 2004.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Estatísticas**. [2012]. Disponível em: <[www.ibge.gov.br/](http://www.ibge.gov.br/)> Acesso em 05/02/2012.

LIMA, A.E.S.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; et al. Efeitos genéticos diretos e maternos e suas tendências em pesos à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária de Goiás. **Archives of Veterinary Science**, v.10, p.69-74, 2005.

LIRA, T.; ROSA, E.M.; GARNERO, A.V.; et al. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (Revisão). **Ciência Animal Brasileira**, v.9, p. 1-22, 2008.

LÔBO, R.N.B.; MARTINS-FILHO, R.; PENNA, V.M.; LIMA, F.A.M. Genetic parameters for growth traits of zebu cattle in the semi-arid region of Brazil. **Ciência Animal**, v.10, p.7-12, 2000.

LÔBO, R.N.B.; BITTNECOURT, T.C.B.S.C.; PINTO, L.F.B. Progresso científico em melhoramento animal no Brasil na primeira década do século XXI. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p. 223-235, 2010.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS-FILHO, R.; et al. Tendência e parâmetros genéticos para o peso aos 205 dias de idade em bovinos da raça Nelore Mocho no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**, v.7, p.28-34, 2005a.

MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R.; LÔBO, R.N.B.; et al. Tendências genéticas para características relacionadas à velocidade de crescimento em bovinos Nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005b.

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, n.9, p.1163-1169, 2008.

PEREIRA, M.C.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G; RAZOOK, A.G. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.2245-2252, 2005.

RIBEIRO, M.N.; PIMENTA-FILHO, E.C.; MARTINS, G.A.; et al. Herdabilidade para efeitos direto e materno de características de crescimento de bovinos Nelore no Estado da Paraíba. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p. 1224-1227, 2001.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.M.; CARNEIRO, P.L.S.; et al. Correlação genética, fenotípica e ambiental em características de crescimento de bovinos da raça Nelore variedade Mocha. **Archives of Veterinary Science**, v.10, p.55-60, 2005.

SANTOS, P.F.; MALHADO, C.H.M.M.; CARNEIRO, P.L.S.; et al. Tendência genética, fenotípica e ambiental para o peso ao desmame de bovinos da raça Indubrasil no Estado da Bahia. **Revista Científica de Produção Animal**, v.9, p.18-24, 2007.

SAS INSTITUTE. **SAS**: user's guide for Windows Environment. Versão 9. Cary,NC: SAS Institute, 2003.

SOUZA, J.C.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A. et al. Parâmetros e tendências genética de peso de bovinos criados à pasto no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.457-456, 2011.

SOUZA, M.C.A.; FERRAZ-FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; et al. Efeitos genéticos e ambientais sobre pesos à desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária oeste São Paulo – Paraná. **Archives of Veterinary Science**, v.9, p.113-118, 2004.