



**ESTRUTURA POPULACIONAL E PROGRESSO  
GENÉTICO EM REBANHOS DA RAÇA NELORE NAS  
REGIÕES NORTE E NORDESTE DO BRASIL**

**ANDRÉA CAROLINA SANTOS DE SOUZA**

**2018**



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

**ESTRUTURA POPULACIONAL E PROGRESSO GENÉTICO EM  
REBANHOS DA RAÇA NELORE NAS REGIÕES NORTE E  
NORDESTE DO BRASIL**

**Autor: Andréa Carolina Santos de Souza**  
**Orientador: Carlos Henrique Mendes Malhado**

ITAPETINGA  
BAHIA – BRASIL  
Março de 2018

**ANDRÉA CAROLINA SANTOS DE SOUZA**

**ESTRUTURA POPULACIONAL E PROGRESSO GENÉTICO EM REBANHOS  
DA RAÇA NELORE NAS REGIÕES NORTE E NORDESTE DO BRASIL**

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

Orientador: Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado

Coorientador: Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA  
BAHIA – BRASIL  
Março de 2018

636.21 Souza, Andréa Carolina Santos de.  
S713e Estrutura populacional e progresso genético em rebanhos da raça Nelore nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. / Andréa Carolina Santos de Souza. – Itapetinga-BA: UESB, 2018.  
67f.

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e coorientação do Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Bovinos Nelore – Avaliação genética. 2. Raça Nelore - Índices multivariados. 3. Bovinos Nelore - Variabilidade genética. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, *Campus* de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Título.

**CDD(21): 636.21**

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 Nelore – Avaliação genética
2. Raça Nelore - Índices multivariados
3. Bovinos Nelore - Variabilidade genética

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

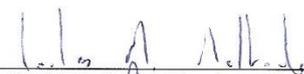
Título: "Estrutura populacional e progresso genético em rebanhos da raça nelore nas regiões norte e nordeste do Brasil".

**Autor (a):** Andréa Carolina Santos de Souza

**Orientador (a):** Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

**Co-orientador (a):** Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

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



Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB  
Orientador



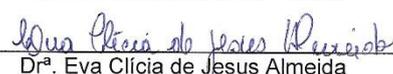
Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB



Prof. Dr. Valdemiro Conceição Júnior – UESB



Prof. Dr. Marcelo Cervini – UESB



Dr.ª. Eva Clícia de Jesus Almeida

Data de realização: 08 de março de 2018

A  
Deus;

Aos  
meus familiares, pela coragem e força;

Ao  
Meu noivo, pelo estímulo;

DEDICO!

## AGRADECIMENTOS

A Deus pelas bênçãos em minha vida.

Aos meus pais Arquias e Rosália e irmãos Rosana e Arquias Júnior, pelo apoio, orações e companheirismo.

Ao meu noivo, Arilson Pires, pelos conselhos, compreensão e companheirismo.

As minhas sogras Maria Heloísa e Maria das Dores, pela orações e palavras de incentivo.

Aos meus familiares de Jequié e de Bom Jesus da Lapa, que sempre tiveram uma palavras de força.

Ao meu orientador, Carlos Malhado, pelas orientações e correções e, principalmente, por me ensinar o valor da compreensão. O meu sincero obrigada!

Ao meu coorientador prof. Paulo Carneiro, pela atenção e incentivos essenciais para a realização deste trabalho. Sempre serei grata!

Ao prof. Jaime Cobuci, pela atenção durante o período do doutorado e por ser sempre tão gentil.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UESB e aos professores da UFV, pelos conhecimentos repassados e por estarem contribuindo com a minha formação. Obrigada.

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) pela concessão dos dados.

Aos colegas do GEMA: Bárbara, Angelica, Eva, Ana, Nathanna, Jarbas, Marcela, Isabella, Laaina, Marina, Thales, Wéverton e Marcos, obrigada pelas risadas.. em especial pelo aprendizado, amizade e apoio.

Aos amigos que conheci em Jequié: Josi, Iago, Jayane, Karinne, Allana, Neia.

Aos amigos de Itapetinga: Milena, Abdias, Daniel, Kelly, Andrezza e Zé.

Aos amigos que estiveram distantes apenas na palavra: Bárbara Paula, Jeruzia,

Aos novos e velhos amigos que encontrei em Viçosa: José Teodoro, Andréa Carla, Dreice, Thaís, Dona Terezinha, Hinayah, Otávio, Edileusa, Taiala, Michelle e todos do grupo GDMA.

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, por ter possibilitado no desenvolvimento deste trabalho.

À CAPES, pela concessão da bolsa.

Às secretárias da Pós de Jequié e Itapetinga, Renata, Raquel e Roberta.

A todos os familiares, amigos e pessoas que passaram na minha vida, que contribuíram de forma direta ou indireta na conclusão deste trabalho.

Fico grata a todos!

## **BIOGRAFIA**

Andréa Carolina Santos de Souza, filha de Arquias Santos de Souza Filho e Rosália da Conceição Santos de Souza, nasceu em Jaguaquara-Bahia, em 11 de novembro de 1986.

Em 2011, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, Itapetinga- Bahia. Logo, em março de 2012, iniciou o curso de mestrado no Programa de Pós-graduação em Genética Biodiversidade e Conservação, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Em abril de 2014, iniciou curso de doutorado no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, na área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, realizando estudos na área de Melhoramento Animal.

Em 8 março de 2018, submeteu-se à banca de defesa da presente Tese.

## SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS .....	vii
LISTA DE FIGURAS .....	ix
LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS .....	xi
RESUMO .....	xiii
ABSTRACT .....	xv
INTRODUÇÃO GERAL .....	1
I - REFERENCIAL TEÓRICO .....	3
1.2 PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO .....	3
1.3 PROGRESSO GENÉTICO .....	4
1.3.1 HERDABILIDADES .....	5
1.3.1.1 CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO .....	5
1.3.1.2 CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS .....	7
1.3.2 TENDÊNCIAS GENÉTICAS, MATERNAS E FENOTÍPICAS .....	9
1.4 ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL .....	11
1.5 REFERÊNCIAS .....	14
II – OBJETIVOS .....	23
2.1 OBJETIVO GERAL .....	23
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS .....	23
III - MATERIAL E MÉTODOS .....	24
3.1 DESCRIÇÃO DOS DADOS .....	24
3.2 DESCRIÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS ANALISADAS .....	24
3.4 MODELOS ESTATÍSTICOS .....	26
3.4.1 Modelos I, II e III .....	26
3.4.2 Modelo linear limiar binário (MLLB) .....	28
3.5 SOFTWARE PARA ESTIMAÇÃO DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA E VALORES GENÉTICOS .....	28
3.6 CRITÉRIO DE CONVERGÊNCIA .....	28
3.7 TENDÊNCIAS GENÉTICAS, MATERNAS E FENOTÍPICAS .....	29
3.8 ANÁLISES MULTIVARIADAS .....	30
3.9 ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL .....	30
3.9.1 Software Endog .....	30
V- RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	33
V- CONCLUSÕES .....	60
VI - REFERÊNCIAS .....	61

## LISTA DE TABELAS

		Página
<b>Tabela 1.</b>	Estatística descritiva das características de crescimento e reprodutivas de bovinos da raça Nelore .....	25
<b>Tabela 2.</b>	Número de ciclos, burn in e thin para cada característica de crescimento e reprodutiva de bovinos da raça Nelore.....	29
<b>Tabela 3.</b>	Análise de convergência sob o critério de Geweke <sup>a</sup> e o intervalo de credibilidade das amostras a posteriori a 95% (valor médio) dos componentes de variância nas análises unicarácter das características de produção e reprodução de bovinos da raça Nelore.....	33
<b>Tabela 4.</b>	Estatísticas descritivas das distribuições a posteriori das herdabilidades nas características de produção e reprodução de bovinos da raça Nelore.....	35
<b>Tabela 5.</b>	Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para as características de crescimento e reprodutivas, em bovinos da raça Nelore.....	46
<b>Tabela 6.</b>	Componentes principais (CP), autovalores ( $\lambda_i$ ), a percentagem da variância explicada pelos componentes (%) e a variância acumulada (%) das características de produção e reprodução em bovinos da raça Nelore.....	47
<b>Tabela 7.</b>	Coefficientes de ponderação dos componentes principais retidos para as características, classificados em ordem de maior importância.....	48
<b>Tabela 8.</b>	Valores genéticos preditos dos touros da raça Nelore para as seis características avaliadas dentro dos dois CPs.....	52
<b>Tabela 9.</b>	Parâmetros populacionais dos bovinos da raça Nelore.....	54
<b>Tabela 10.</b>	Número médio de gerações traçadas, incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração.....	56

<b>Tabela 11.</b>	Coeficiente de endogamia (F%), porcentagem de indivíduos endogâmicos (End%), média de F para animais endogâmicos (FEnd%), coeficiente de relação médio (CR%) e tamanho efetivo (Ne), nas gerações máximas para a raça Nelore.....	57
<b>Tabela 12.</b>	Coeficiente de endogamia (F%), porcentagem de indivíduos endogâmicos (End %), média de F para animais endogâmicos (FEnd%), coeficiente de relação médio (CR%) e tamanho efetivo (Ne), nas gerações completas para a raça Nelore.....	58

## LISTA DE FIGURAS

		Página
<b>Figura 1.</b>	Tendência genética para a característica P120 em bovinos da raça Nelore, período de 1997 a 2014, por meio da inferência bayesiana.....	39
<b>Figura 2.</b>	Tendência genética para a característica P210 em bovinos da raça Nelore, período de 1996 a 2013, por meio da inferência bayesiana.....	39
<b>Figura 3.</b>	Tendência genética para a característica P365 em bovinos da raça Nelore, período de 1994 a 2013, por meio da inferência bayesiana. ....	40
<b>Figura 4.</b>	Tendência materna para a característica P365 em bovinos da raça Nelore, período de 1994 a 2013, por meio da inferência bayesiana. ....	41
<b>Figura 5.</b>	Tendência genética para a característica P450 em bovinos da raça Nelore, período de 1993 a 2013, por meio da inferência bayesiana.....	42
<b>Figura 6.</b>	Tendência genética para a característica P550 em bovinos da raça Nelore, período de 1993 a 2012, por meio da inferência bayesiana.....	42
<b>Figura 7.</b>	Tendência genética para a característica IPP em bovinos da raça Nelore, período de 1979 a 2010, por meio da inferência bayesiana.....	43
<b>Figura 8.</b>	Tendência genética para o Perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365) em bovinos da raça Nelore, período de 2001 a 2013, por meio da inferência bayesiana.....	44
<b>Figura 9.</b>	Tendência genética para o Perímetro escrotal aos 450 dias de idade (PE450) em bovinos da raça Nelore, período de 2000 a 2013, por meio da inferência bayesiana.....	44
<b>Figura 10.</b>	Tendência genética para a Habilidade de permanência (STAY) em bovinos da raça Nelore, período de 1978 a 2008, por meio da inferência bayesiana.....	45

<b>Figura 11.</b>	Gráfico dos pesos para as características de crescimento e reprodutivas no Componente Principal 1 para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.....	48
<b>Figura 12.</b>	Gráfico dos pesos para as características de crescimento e reprodutivas no Componente Principal 2 para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.....	49
<b>Figura 13.</b>	Biplot mostrando a projeção das variáveis nos dois primeiros componentes principais para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.....	50
<b>Figura 14.</b>	Registros de nascimento de fêmeas e machos do rebanho da Raça Nelore.....	52
<b>Figura 15.</b>	Integralidade do Pedigree dos animais até a quinta geração do rebanho da Raça Nelore.....	53
<b>Figura 16.</b>	Tamanho efetivo, número de touros e vacas nos anos de 1970 a 2009 em bovinos da raça Nelore.....	59

## LISTA DE SIGLAS E ABREVIATURAS

ACP	- Análise de componentes principais
ANCP	- Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores
BLUP	- Melhor preditor linear não viesado
CP	- Componentes principais
CP1	- Primeiro componente principal
CP2	- Segundo componente principal
CR	- Coeficiente médio de relação
CV	- Coeficiente de variação
DEPs	- Diferença esperada na progênie
F	- Coeficiente de endogamia
GC	- Grupos de contemporâneos
GLM	- General Linear Models
$h^2$	- Herdabilidade
IDP	- Intervalo de partos
IPP	- Idade ao primeiro parto
IVP	- Idade da vaca ao parto
$N_e$	- Tamanho efetivo de uma população
P120	- Peso aos 120 dias de idade
P210	- Peso aos 210 dias de idade (Peso à desmama)
P365	- Peso aos 365 dias de idade (Peso ao ano)
P450	- Peso aos 450 dias de idade (Peso ao sobreano)
P550	- Peso aos 550 dias de idade (Peso ao sobreano aos 550 dias)
PAC	- Produtividade acumulada
PE	- Perímetro escrotal
PE365	- Perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE ao ano)
PE450	- Perímetro escrotal aos 450 dias de idade (PE ao sobreano)
PG	- Período de gestação
PMGRN	- Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore ou Programa Nelore Brasil

PN	- Peso ao nascer
R <sup>2</sup>	- Coeficiente de determinação
r <sub>a</sub>	- Correlação genética
r <sub>e</sub>	- Correlação ambiental
r <sub>p</sub>	- Correlação fenotípica
REML	- Máximo verossimilhança restrita
STAY	- Habilidade de permanência no rebanho ( <i>Stayability</i> )
VG	- Valor genético
ΔF	- Taxa de incremento da endogamia

## RESUMO

SOUZA, Andréa Carolina Santos de. **Estrutura populacional e progresso genético em rebanhos da raça Nelore nas regiões norte e nordeste do Brasil**. Itapetinga, BA: UESB, 2018. 67 p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes)\*.

Os programas de melhoramento de bovinos fazem uso das avaliações de inúmeras características de interesse econômico para promover ganhos nos índices produtivos e reprodutivos. Com isso, objetivando avaliar as características de crescimento aos 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, e as reprodutivas idade ao primeiro parto (IPP), a produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano (PAC), o perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (PE365 e PE450), o período de gestação para bezerro e a vaca ( $PG_{bez}$  e  $PG_{vaca}$ ) e a habilidade de permanência no rebanho (STAY), em bovinos da raça Nelore criados nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. Foram utilizados dados de 73.411 animais, participantes do Programa Nelore Brasil (PMGRN), coordenado pela Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores (ANCP). Foi utilizada a inferência Bayesiana, com modelos unicaracterísticos para estimar os parâmetros e valores genéticos pelos *softwares* GIBBS3F90 e o THRGIBBS1F90b. Através dos valores genéticos, estimaram-se as tendências para as características por regressão linear ponderada sobre o ano de nascimento. Realizou-se a análise de componentes principais com os valores genéticos dos touros com o maior número de filhos e obtidos os índices para os caracteres de peso e reprodutivo no programa PAST, versão 2.16. Para a análise da estrutura genética populacional, foram realizadas: a profundidade do *pedigree*, a probabilidade de origem do gene, o coeficiente de endogamia médio, tamanho efetivo da população, utilizou-se o programa Endog, versão 4.8. As herdabilidades diretas das características de crescimento e reprodutivas variaram de baixa a alta magnitude, demonstrando ganhos genéticos via seleção para peso, precocidade e longevidade. Já as estimativas maternas dos pesos (P120, P210 e P365) foram de baixa magnitude. As tendências genéticas diretas foram significativas para os pesos, IPP, PE365, PE450 e STAY, com pequenos ganhos genéticos ao longo dos anos. O progresso fenotípico evidencia que o fenótipo dos animais apresentam transformações positivas em razão das mudanças ambientais. Para a análise de componentes principais, a variação total dos dados foi explicada pelos dois primeiros componentes principais, com 66,20%, pelo método de Kaiser. O primeiro componente (CP1) corresponde ao índice da produtividade e precocidade, enquanto o (CP2) refere-se ao índice de crescimento e permanência. Os parâmetros da estrutura genética populacional demonstraram que o coeficiente de endogamia está subestimado, e que esse rebanho teve uma base genética estreita na formação, e que tais resultados foram influenciados pela falta de informações nas gerações mais antigas. Portanto, os rebanhos Nelore das regiões Norte e Nordeste do

---

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

Brasil, mesmo em um progresso genético mais lento, demonstram que os reprodutores mais usados promovem melhorias nas características de interesse econômico. Além de auxiliar na escolha do manejo, nas decisões e orientações práticas, a fim de possibilitar o criador a seleção de animais para crescimento, precocidade sexual e longevidade.

**Palavras-chave:** avaliação genética, índices multivariados, variabilidade genética

## ABSTRACT

SOUZA, Andréa Carolina Santos de. **Population structure and genetic progress in Nellore herds in northern and northeastern Brazil**. Itapetinga, BA: UESB, 2018. 67 p. Thesis. (PhD in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production)\*.

Cattle breeding programs use innumerable features of economic interest to promote gains in productive and reproductive indices. This study aimed to evaluate growth characteristics at 120, 210, 365, 450 and 550 days of age, and reproductive age at first calving (AFC), cumulative productivity in kilograms of calves weaned per year (CP), scrotal circumference (SC365 and SC450), the gestation length for calves and cows (GLcalf and GLcow) and the stayability in the herd (STAY), in Nellore cattle reared in the North and Northeast regions of Brazil. Data was collected from 73,411 animals, participants of the Breeding Program for Nellore Cattle (PMGRN), coordinated by the National Association of Breeders and Researchers (ANCP). Bayesian inference was used, with single-trait models to estimate genetic parameters and values, using software GIBBS3F90 and THRGIBBS1F90b. Through the genetic values, trends were estimated for each features by weighted linear regression over the year of birth. The main components were analyzed with the genetic values of bulls with the largest number of offspring and the indices for the weight and reproductive characteristics were obtained in the software PAST, version 2.16. For the analysis of the population genetic structure were used Endog software (version 4.8) and the following parameters: pedigree depth, probability of gene origin, coefficient of inbreeding mean and effective population size. The direct heritabilities of growth and reproductive characteristics varied from low to high magnitude, showing genetic gains through selection for weight, precocity and longevity. The maternal estimations for weight (W120, W210 and W365) were low magnitude. The direct genetic trends were significant for weight, AFC, SC365, SC450 and STAY, with small genetic gains over the years. The phenotypic progress shows that the phenotype of the animals present positive transformations due to the environmental changes. For the analysis of main components, the total variation of the data was explained by two first main components, with 66.20%, by the Kaiser method. The first component (MC1) corresponds to the index of productivity and precocity, while second component (MC2) refers to the index of growth and permanence. The parameters of the population genetic structure showed that the inbreeding coefficient was underestimated, and this herd had a narrow genetic base on its formation, and these results were influenced by the lack of information in the older generations. Therefore, the analysis of Nellore herds of the North and Northeast regions of the Brazil, even in slower genetic progress, shows that the most used breeders promote improvements in the features of economic interest. In addition to assisting in the choice of management, decisions and practical guidelines, in order to enable the breeder to select animals for growth, sexual precocity and longevity.

---

\* Advisor: Carlos Henrique Mendes Malhado, D.Sc. UESB e Coadvisor: Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc. UESB.

**Key words:** genetic evaluation, multivariate indices, genetic variability

## INTRODUÇÃO GERAL

Na pecuária de corte, elevar a eficiência produtiva requerer melhorias no manejo e na qualidade genética dos rebanhos. Aliada aos fatores genéticos, existe uma ampla variedade de raças, que, dentre elas, destaca-se a Nelore, pela intensa contribuição no rebanho nacional, sendo sua exploração baseada no potencial adaptativo e no bom desempenho dos animais criados a pasto.

Os programas de melhoramento de bovinos fazem uso da avaliação genética, gerando os valores genéticos dos animais expressos na Diferença Esperada na Progênie (DEP) para todas as características usadas como critério de seleção. Essa DEP combina informações do desempenho individual, do pedigree e da progênie. Quanto mais informações são incluídas (recentes ou não), mais acuradas e confiáveis serão as estimativas, assim, a comercialização dos sêmens desses reprodutores provados contribui para melhorar os índices nos rebanhos.

O Programa Nelore Brasil (PMGRN) faz uso de inúmeras avaliações das características de interesse econômico em diferentes fases da vida do animal, acompanhando a evolução dos rebanhos, desde a implantação do programa até o momento da avaliação. As características avaliadas objetivam promover o ganho de peso, fertilidade, precocidade sexual, melhorar a conformação, musculosidade e a composição da carcaça.

A escolha de animais superiores ao longo das gerações requer o uso das ferramentas que auxiliem no melhoramento genético, como a seleção e os métodos de acasalamento. Para tal sucesso, é necessário estudar as tendências genéticas, maternas e fenotípicas, para verificar se o rebanho que passa por seleção, encontra-se em progresso genético ao longo dos anos. Outras estimativas como os parâmetros genéticos e populacionais contribuem para nortear o programa de seleção.

Através dos parâmetros de herdabilidade e de estrutura populacional, pode-se investigar a variabilidade genética, a influência dos fatores ambientais e os níveis endogâmicos da população avaliada. Tais fatores interferem na produtividade, saúde e na

escolha dos acasalamentos, tornando um facilitador para as decisões tomadas pelos melhoristas e criadores.

Diante do exposto, há a necessidade de realizar novas investigações com o intuito de verificar se o rebanho da raça Nelore da região Norte e Nordeste tem mudando as estimativas dos parâmetros genéticos e populacionais, e se o programa de seleção genética vem sendo conduzido de forma eficiente para os índices zootécnicos.

## I - REFERENCIAL TEÓRICO

### 1.2 Programa de melhoramento genético

Os bovinos foram introduzidos no Brasil durante o período de colonização, mas foi no final do século XVIII que foram importados os primeiros zebuínos. Essas primeiras importações foram realizadas sem uma finalidade específica ou pré-estabelecida. Com o avançar dos anos, na década de 60, iniciou-se uma parceria entre universidade e criador no estado de São Paulo, com a finalidade de aliar os conhecimentos acadêmicos com as experiências práticas, buscando melhorar a produção por meio das ferramentas computacionais (ANCP, 2018).

Ao longo dos anos, surgiu a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) e alguns programas de avaliação para as raças zebuínas. Por meio dessas instituições, os animais foram inicialmente avaliados para atender ao padrão racial, porém, as características de crescimento (peso e ganho de peso) se destacavam como sendo o primeiro objetivo de seleção, pela fácil mensuração e altas herdabilidades (Josahkian, 2000). Inicialmente, os animais selecionados eram aqueles que possuíam os maiores pesos e porte. Contudo, esse critério evoluiu, buscando animais menores e com boa conformação de carcaça, assim os animais escolhidos eram aqueles que atingissem um peso ideal em menor tempo, preconizando a precocidade, produtividade e acabamento de carcaça (Fernandes et al., 2015).

A intensa seleção para crescimento fez com que as demais características fossem deixadas para segundo plano. Dessas características, as reprodutivas tornaram-se importantes devido à procura em elevar a eficiência da fertilidade e precocidade sexual dos rebanhos. Outras avaliações podem ser realizadas, tais como, conformação, precocidade, musculosidade e a condição de escore corporal, nas características morfológicas (De Alencar & Barbosa, 2010).

Dentre os programas de avaliação genética que surgiram no cenário nacional, o Programa Nelore Brasil (PMGRN), coordenado pela Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores (ANCP), recebe destaque por ser pioneiro na utilização do modelo animal nas avaliações genéticas. Um programa de melhoramento possui algumas

vantagens, como: estruturar o *pedigree* da raça, realizar os testes de desempenho, melhorar os índices zootécnicos (produção, reprodução e conformação), montar sumário de touros, melhorar o uso das biotecnologias, direcionar acasalamentos e melhorar os custos de produção (Euclides Filho, 2009).

O PMGRN avalia características de crescimento, reprodutivas, conformação morfológica e composição de carcaça, que são indispensáveis para um programa de melhoramento para bovinos de corte (ANCP, 2018). Através dos resultados que o programa de seleção atual é analisado e, se for satisfatório, não deverá fazer ajustes. Assim, o programa de seleção pode ser avaliado ao longo dos anos por meio do progresso das características usadas como critério de seleção.

### 1.3 Progresso Genético

Um programa de melhoramento genético deve ser monitorado e avaliado periodicamente para verificar sua eficiência. Esse monitoramento pode ser realizado através do progresso genético ao longo do tempo das características usadas como critérios de seleção, e tais resultados servem para orientar medidas futuras ou ajustar a forma de condução do programa (Lopes et al., 2012).

O progresso genético pode ser acompanhado através dos parâmetros genéticos e das estimativas de tendências. Os parâmetros genéticos são estimados a partir dos componentes de variância e seus valores tornam-se específicos para a população/rebanho estudado. Porém, essas estimativas podem mudar ao longo dos anos, devido ao processo de seleção, das condições ambientais, e até pelos métodos estatísticos e computacionais aplicados (Yokoo et al., 2007; Ferreira et al., 2014). A estimativa de herdabilidade ( $h^2$ ) é o principal parâmetro, e essa consegue prever a proporção da superioridade dos pais que é transmitida a uma próxima geração, para a característica em estudo (Nepomuceno et al., 2013).

A avaliação dessas tendências se faz necessária para verificar as respostas às seleções, bem como para redirecionar o programa de melhoramento (Laureano et al., 2011). Por meio das avaliações de tendências genéticas, maternas e fenotípicas, pode-se, ao longo dos anos, investigar a existência, ou não, de ganho genético para as características produtivas e reprodutivas nos rebanhos de bovinos de corte (Barbosa et al., 2017).

A superioridade da progênie em relação aos pais é um objetivo constante dentro do programa de melhoramento e tal resultado é alcançado através das avaliações realizadas nas características produtivas e reprodutivas. Dessa forma, ao conhecer a contribuição de cada características, pode-se melhorar os índices zootécnicos nos rebanho e atender aos objetivos de seleção (Muniz et al., 2014).

### **1.3.1 Herdabilidades**

#### **1.3.1.1 Características de crescimento**

Os pesos corporais são comumente adotados como critério de seleção por produtores de bovinos de corte para aumentar a produção de carne (Malhado et al., 2008b). Essas características apresentam vantagens pela fácil mensuração e podem ser estimadas em várias idades na vida do animal (Zuin et al., 2012). Em geral, são avaliados nos animais: o peso ao nascer (PN), aos 120 dias de idade (P120), à desmama (aos 210 dias - P210), ao ano (P365) e ao sobreano (P450 e P550).

As herdabilidades para os pesos apresentam de baixa a alta magnitude, e podem promover um elevado progresso genético nas características de crescimento em bovinos de corte (Souza et al., 2011; Silva et al., 2012). Considerando tais pesos, as estimativas de herdabilidade relatadas na literatura para a raça Nelore podem variar de 0,18 a 0,61 e evidenciam a existência de variabilidade genética a ser explorada por seleção (Souza et al., 2011; Lira et al., 2013; Boddhireddy et al., 2014; Lopes et al., 2017).

Os pesos aos 120 e 210 dias de idade abrangem o período de pré-desmama e desmama. Essas idades são importantes para avaliar o próprio sistema de criação e a genética do rebanho, identificando os bezerros com melhor desempenho até o desmame, caso seja de interesse a comercialização. No fator genético, analisa-se o crescimento do animal (efeito direto), pois esses melhores animais tendem a apresentar os melhores desempenhos futuros, por existir relação genética entre as diferentes idades e os pesos (Souza et al., 2010; Faria et al., 2011a); a habilidade materna (efeito materno), as vacas são avaliadas na criação do bezerro, sendo consideradas as melhores aquelas que desmamaram bezerros mais pesados e não abandonando as crias (Nepomuceno et al., 2012).

Os coeficientes de herdabilidade direta para a raça Nelore no peso aos 120 dias têm amplitudes de 0,18 a 0,37 (Souza et al., 2011; Lira et al., 2013) e aos 210 dias de 0,21

a 0,39 (Pereira et al., 2010; Lira et al., 2013). As estimativas de herdabilidade materna, de modo geral, apresentam valores inferiores às estimativas da direta, com valores entre 0,05 e 0,11 (Lira et al., 2013; Boddhireddy et al., 2014) e, mesmo com baixas estimativas, as características de peso 120 dias e 210 dias têm influência dos fatores maternos. Nesse contexto, Lopes et al. (2017) ressaltam a importância dos efeitos maternos na expressão fenotípica das características de crescimento em bovinos Nelore e no sucesso da resposta à seleção para a habilidade materna.

Após o período de desmame, o primeiro peso avaliado é o P365 (peso ao ano). Nessa ponderação, os animais já demonstram maior potencial na expressão dos genes do próprio animal. É nesse peso, que uma seleção mais rigorosa é aplicada aos melhores animais, principalmente para aqueles que irão substituir a geração anterior. Dessa forma, as estimativas de herdabilidade direta para P365 identificam valores mínimos e máximos de 0,12 (Souza et al., 2011) e 0,49 (Lopes et al., 2017), tendo variações a depender do rebanho e metodologia usada.

A inclusão do efeito materno no P365 é algo debatido. Alguns trabalhos não usam o efeito na modelagem, e julgam que esse permanece apenas na fase de desmama (Lira et al., 2013). Por outro lado, aqueles que defendem a inclusão, ressaltam a obtenção de estimativas mais acuradas para os efeitos direto, materno e residual (Meyer, 1992; Lopes et al., 2017). Dessa forma, a inclusão ou não do efeito irá depender do rebanho analisado, sendo recomendado a necessidade de aplicar ambas as formas e verificar qual melhor modelagem se adequa aos dados para evitar a superestimação da variância genética aditiva.

Pesos ao 450 dias e 550 dias (sobreano) tendem a receber maior atenção por parte dos produtores, pois permitem avaliar o crescimento em relação ao peso mais próximo a idade ao abate (sobreano). Selecionar animais que atinjam a precocidade produtiva, reflete em ganhos por geração e uma alta produtividade (Moreira, H.L. et al., 2015b). É importante mencionar que, na literatura, os valores estimados para os coeficientes de herdabilidade para o peso ao sobreano em animais da raça Nelore, oscilam de 0,24 a 0,61, (Pereira et al., 2010; Lopes et al., 2017).

### 1.3.1.2 Características reprodutivas

Na criação de bovinos da raça Nelore, a melhoria genética dos índices reprodutivos converte-se em uma meta desafiadora em razão das dificuldades na coleta de dados (Eler et al., 2014), bem como pelas baixas estimativas de herdabilidade (Grossi et al., 2009), resultando numa resposta à seleção lenta. Esse é observado, principalmente, no desempenho reprodutivo das fêmeas, visto que, em termos de boa produtividade, exige-se ao menos o nascimento de um bezerro por ano, e essa realidade não é alcançada em muitos rebanhos (Schmidt et al., 2017).

Entre as características reprodutivas, destacam-se o perímetro escrotal (Buzanskas et al., 2017), a idade ao primeiro parto, produtividade acumulada (Schmidt et al., 2017), período de gestação (Moreira, H.L. et al., 2015a) e habilidade de permanência no rebanho (Rizzo et al., 2015)

O perímetro escrotal (PE) é uma característica avaliada diretamente nos machos, associada à qualidade espermática, à produção de sêmen e à libido dos touros, o que está contribuindo, relacionada com o maior índice de fertilidade e precocidade sexual (Silva et al., 2011; Valente et al., 2015). Além desses aspectos, essa característica apresenta fácil mensuração, variabilidade genética, alta confiabilidade e repetibilidade (Barbosa et al., 2010). Nos bovinos, inicialmente, o desenvolvimento do perímetro escrotal é lento, logo depois acelera (puberdade) e, após os 18 meses de idade, esse crescimento diminui até chegar fase adulta. A medida na idade de 365 dias está relacionada com a precocidade sexual, e aos 450 dias são relacionadas com a capacidade reprodutiva e a fertilidade sexual (Gressler et al., 2014).

Os valores das estimativas de herdabilidade para o perímetro escrotal aos 365 dias são de 0,31 a 0,48 (Grossi et al., 2008; Buzanskas et al., 2017), e aos 450 dias correspondem a 0,36 a 0,66 (Grossi et al., 2008; Boligon & Albuquerque, 2010). De modo geral, essas estimativas são mais altas (magnitude de média a alta) que as demais características reprodutivas e, por isso, ocorre maior resposta à seleção para o perímetro escrotal (Moreira, H.L. et al., 2015a).

A idade ao primeiro parto é uma característica que demonstra a eficiência reprodutiva de fêmeas, e pode ser definida como a capacidade de conceber, gestar e parir (Bormann & Wilson, 2010). A vida reprodutiva de uma novilha pode se iniciar pelo aparecimento do primeiro estro, mas alguns fatores (genéticos, ambientais, nutricionais e

raciais) podem interferir de maneira negativa, resultando em rebanhos mais tardios (Azevedo et al., 2006; Terto e Sousa et al., 2012).

Os valores das estimativas de herdabilidade para a IPP na raça Nelore podem variar de 0,07 a 0,26 (Malhado et al., 2013b; Barbosa et al., 2017), sendo considerada de baixa a moderada magnitude. Tais valores reafirmam a ação dos efeitos genéticos não aditivos e ambientais, sendo primordiais as melhorias nas condições de manejo. Com isso, a precocidade de uma novilha é dada pela redução na idade ao primeiro parto, o que possibilita maiores chances de gerar maior número de bezerros durante sua vida reprodutiva (Chud et al., 2014), uma redução no intervalo de gerações, garantindo o retorno dos investimentos (Lira et al., 2008).

O período de gestação ou duração da gestação é uma característica usada como critério de seleção (medida direta), embora não seja uma característica de fertilidade, essa influencia o intervalo de partos e a idade ao primeiro parto (Lobo et al., 2010). As vacas com menor período de gestação, usualmente, têm bezerros com menor peso ao nascimento, todavia essa perda no peso ao nascimento não implica prejuízos no desempenho do bezerro (Jamrozik & Miller, 2014). Além disso, uma progênie menor favorece a redução de partos distócicos, e maior tempo de descanso entre o parto e o próximo período de reprodução das fêmeas (Chud et al., 2014).

Para período de gestação, os coeficientes de herdabilidade possuem magnitudes que podem variar de 0,08 a 0,49 (Boddhireddy et al., 2014; Moreira, H.L. et al., 2015a; Silveira et al., 2015), permitindo classificar como positiva a resposta à seleção para essa característica. O período de gestação pode ser modelado de duas formas, quando avaliado para as vacas e/ou para os bezerros, considerando-se as estimativas de herdabilidade para as vacas de 0,08 a 0,38 (Boligon et al., 2007; Silveira et al., 2015) e para o bezerro de 0,21 a 0,49 (Rocha et al., 2005; Moreira, H.L. et al., 2015a; Moreira, H.L. et al., 2015b).

Outra característica reprodutiva que avalia o desempenho das vacas é a produtividade acumulada (PAC). É um índice que avalia a produtividade da vaca, em kg de bezerros desmamados por vaca por ano (ANCP, 2017). A PAC reflete a capacidade de a fêmea parir a uma menor idade, permanecer no rebanho e desmamar bezerros mais pesados (Lôbo et al., 2001). Eler et al. (2008) indicaram que a produtividade acumulada seria um índice mais adequado e de rápida análise, se comparada a *Stayability*, para avaliar a eficiência produtiva das vacas no rebanho. Segundo esses autores, a PAC permite a inclusão das fêmeas jovens que têm apenas um bezerro, bem como viabiliza antecipar o mérito genético dos touros jovens. Os coeficientes de herdabilidade possuem

valores com amplitudes de 0,11 (Chud et al., 2014) a 0,25 (Grossi et al., 2016). Schwengber et al. (2001) relataram estimativa de herdabilidade de 0,15, em tais estudos, recomendando-se que a PAC seja utilizada como critério para a seleção de touros para eficiência reprodutiva, substituindo nesse caso, a habilidade de permanência no rebanho.

A habilidade de permanência no rebanho é definida como a probabilidade da fêmea permanecer produtiva no rebanho até uma determinada idade, uma vez que teve a oportunidade de chegar a essa idade (Hudson & Van Vleck, 1981). A inclusão dessa característica em programas de melhoramento de gado de corte pode favorecer na seleção de touros ao gerar progênies mais produtivas e longevas e, assim, reduzir os custos com animais de reposição (Silva et al., 2003; Van Melis et al., 2007).

A STAY é uma característica do tipo categórico de limiar (0, falha; 1, sucesso). Alguns trabalhos na literatura indicaram diferentes estratégias para a classificação dos animais “em sucesso” ou “em falha”, conforme os dados emanados da cada pesquisa. Ao estudarem fêmeas da raça Nelore, Neves et al. (2012) sugeriram o número de crias por vacas como metodologia para *Stayability*, isso como forma para promover a longevidade produtiva. Marcondes (2003) definiu o valor de (1) para as fêmeas com pelo menos três partos até os 76 meses, e zero (0) para vacas com menos de 3 partos. Outros autores usaram o mesmo critério para a definição de STAY em suas análises (Santana Jr et al., 2013; Schmidt et al., 2017; Rizzo et al., 2015)

Van Melis et al. (2007) relataram herdabilidades para STAY em animais bovinos da raça Nelore, de 0,25, 0,22 e 0,28 até 5, 6 e 7 anos de idade, respectivamente. Nas metodologias com 76 meses de permanência, as  $h^2$  foram de 0,11 (Santana Jr et al., 2013), em análises bicaráter entre STAY e características produtivas e reprodutivas, variaram de 0,20 e 0,23 (Rizzo et al., 2015).

### **1.3.2 Tendências genéticas, maternas e fenotípicas**

As tendências genéticas diretas possibilitam avaliar a expressão dos genes aditivos e constatar se houve ganhos individuais ou não ao longo do tempo. Já as tendências genéticas maternas, investigam a influência dos genes da mãe, verificando se existe seleção para a habilidade materna (Laureano et al., 2011; Sena et al., 2013). As tendências fenotípicas demonstram os efeitos do ambiente e do genótipo, buscando identificar qual maior parcela na expressão fenotípica (Ambrosini et al., 2016).

Sena et al. (2013), avaliando a raça Nelore, obtiveram tendências genéticas crescentes para os efeitos direto e materno das características de crescimento P120, P210 e 450 dias (sem efeito materno). De acordo com os autores, esse rebanho da região Norte sofre maior intensidade de seleção em idade mais avançada, o que prejudica na precocidade da idade ao abate. Em animais da mesma raça, Lira et al. (2013) indicaram tendências genéticas diretas crescentes dos 120 dias até 550 dias e reforçam que a seleção na fase inicial é de grande importância, visto que é nesse período que o animal tem maior velocidade de crescimento.

As tendências maternas contribuem nas avaliações das vacas quanto ao seu desempenho e seleção para a habilidade materna. Melhorar a genética das vacas ao longo dos anos contribui para bezerros mais pesados, e maior lucratividade no sistema de criação de bovinos de corte. Por outro lado, geralmente, as tendências maternas apresentam valores negativos, indicando maior destaque nas características ponderais e pouco progresso genético para a habilidade materna (Gonçalves et al., 2011).

Para as características reprodutivas, Moreira, H.L. et al. (2015a) perceberam um ganho genético positivo e favorável para PE365 e PE450 em bovinos da raça Nelore e, para IPP, uma tendência em sentido favorável, sem ganho genético significativo, considerando as tendências genéticas diretas. Por outro lado, a menção dos resultados com tendências nulas a positivas (0,011 a 0,069 cm/ano) para PE e IPP com valores negativos a nulos (-0,003 a -3,024 dias/ano) indicam a pouca seleção para as características avaliadas nesses rebanhos (Laureano et al., 2011).

Schmidt et al. (2017) estimaram tendências genéticas positivas para a produtividade acumulada, mas os ganhos não foram significativos. Já Eler et al. (2014) e Grossi et al. (2008) encontraram as tendências genéticas positivas e significativas para PAC em fêmeas Nelore, cujos valores para os ganhos foram de 0,26 kg e 0,17 kg. Para a habilidade de permanência (STAY), as tendências genéticas estimadas por Schmidt et al. (2017) e Santana et al. (2013) foram favoráveis e significativas, evidenciando o aumento na permanência de vacas produtivas no rebanho.

A maximização dos ganhos fenotípicos dependem de melhorias ambientais e da superioridade genética dos animais. Assim, nas características que possuem maior influência ambiental, como IPP, tais melhorias podem contribuir para o progresso fenotípico. Contudo, mesmo em boas condições ambientais, se há pouca seleção genética, o ganho fenotípico chegará ao seu limite e nos próximos anos não terá mais progresso para tal característica (Amaral et al., 2014).

O estudo das tendências para as características produtivas e reprodutivas norteiam os programas de melhoramento genético de bovinos, verificando se a seleção está sendo praticada de forma correta, e quais os resultados na população. Existe uma grande dificuldade do melhoristas em atingir o máximo produtivo e reprodutivo ao mesmo tempo, já que algumas características possuem correlações antagônicas. Dessa forma, buscar o equilíbrio na seleção das características irá promover ganhos nos índices zootécnicos, desde que os requerimentos nutricionais e limites fisiológicos dos animais sejam atendidos (Reis et al., 2016).

#### **1.4 Estrutura genética populacional**

Os programas de melhoramento têm, como principal ferramenta, a seleção de animais superiores e, desse modo, as gerações futuras de bovinos selecionados tendem a ser mais eficientes, quando comparadas a seus antecessores. O conhecimento da estrutura populacional do rebanho contribui para o direcionamento dos acasalamentos no programa de seleção (Toro et al., 2011), e também para avaliar a diversidade genética (Sarmiento et al., 2017).

A estrutura genética populacional é avaliada pelas estimativas do tamanho efetivo, da endogamia, do coeficiente médio de relação, número efetivo de fundadores e ancestrais, as quais buscam avaliar a população e reduzir problemas que possam afetar o progresso genético e a seleção (Malhado et al., 2008c).

A endogamia é o resultado de acasalamentos entre indivíduos mais aparentados entre si, levando à diminuição da heterozigose (Queiroz et al., 2000). Como qualquer ferramenta a ser usada no melhoramento genético, a endogamia também possui benefícios. Dentre esses, em bovinos da raça Nelore, a maior utilização da endogamia foi durante o início do século XX, em que os criadores de animais raça pura buscavam garantir a uniformidade racial e a fixação de determinadas características que pertenciam a linhagens dos touros em evidência (Carvalho & Pimentel, 2004).

A uniformidade racial foi estabelecida pelas associações de criadores das raças, definindo os “animais para tipo” através das avaliações individuais dos animais pelas características, sendo comparando a um “tipo ideal” desejado (machos e fêmeas), atendendo aos interesses dos melhoristas e criadores (Esteves et al., 2004). Na tentativa de alcançar esse tipo ideal as gerações posteriores, acabaram revelando problemas reprodutivos, produtivos e genéticos. Buscando melhorar as dificuldades geradas pela

seleção para tipo, um novo conceito tornou-se evidente ao buscar animais com morfologia mais equilibrada, com boa produção, saúde e conformação (De Melo & Moura, 2013). Assim, selecionar os animais para funcionalidade, traria ganhos na estrutura física do animal e uma maior chance de cruzar animais com maior variabilidade genética.

Aumentar, em demasia, os níveis de endogamia numa população, pode acarretar problemas, como a perda da variabilidade, a manifestação/expressão de genes deletérios indesejáveis e a depressão endogâmica. A perda da variabilidade dificulta o ganho genético e, assim, para alcançar progresso genético em longo prazo, os níveis endogâmicos na população devem estar mais baixos. A endogamia aumenta a manifestação dos genes deletérios e só ocorre em homozigose recessiva, com isso, tais genes estão presentes na população (Carolino & Gama, 2008). Logo, a depressão endogâmica afeta diretamente a característica, causando perdas no desempenho, sobrevivência, fertilidade e vitalidade (Malhado et al., 2013a).

A elevação dos níveis endogâmicos nos rebanhos pode ser consequência do mau uso das biotecnologias reprodutivas, como a inseminação artificial. Em alguns casos, não há gestão genética, o que causa elevação nos acasalamentos entre animais aparentados. Através dessa biotecnologia, determinados sêmens de touros podem ser difundidos e comercializados mais facilmente, seja por “modismo” ou potencial genético, e podem elevar as relações de parentesco entre rebanhos diferentes. Esse aumento da endogamia na progênie contribui em prejuízos nos índices zootécnicos e também na redução do tamanho efetivo (Breda et al., 2004).

O tamanho efetivo de uma população ( $N_e$ ) serve para avaliar os níveis de endogamia e da variabilidade genética na população, e esse valor é inversamente proporcional a taxa do aumento de endogamia média na população. O  $N_e$  de uma população pode sofrer influências dos desvios da razão de sexos (fêmeas e machos; 1:1). Quando várias vacas são acasaladas com poucos reprodutores, o tamanho efetivo da população diminui, pois eleva-se a relação entre fêmea e macho. Usar um pequeno número de reprodutores irá diminuir a variabilidade ao longo das próximas gerações, o que dificulta na orientação dos acasalamentos (reduzindo a endogamia). Além disso, o  $N_e$  está relacionado com a intensidade de seleção, sendo que, em alta intensidade, há diminuição do  $N_e$  e, conseqüentemente, na resposta à seleção (Carneiro et al., 2010).

Já o coeficiente médio de relação (CR) é definido pela probabilidade de um alelo ser escolhido de forma aleatória na população, e que pertença a determinado animal (Gutiérrez et al., 2003). O CR pode ser usado como uma alternativa, em longo prazo, na

identificação da endogamia na população, visto que leva em consideração o *pedigree* completo originado desde um fundador (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Os parâmetros derivados da probabilidade de origem dos genes são o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), e contribuem para o monitoramento da variabilidade genética na população. O  $f_e$  é obtido para avaliar o número de animais e genes originais que contribuem para a variabilidade genética encontrada na população estudada. Já  $f_a$ , é definido por um número de animais que possuem ambos os progenitores conhecidos, fundadores ou não, que explica a variabilidade genética da população referência (Boichard et al., 1997; Faria et al., 2011).

Esses dois parâmetros, quando relacionados através da razão ( $f_e/f_a$ ), mostram se os fundadores foram usados de forma equilibrada, e se houve efeito de gargalo genético. Esse gargalo pode ser encontrado em uma população, caso tenha feito uso de poucos reprodutores e que demonstram perda da variabilidade genética (Santana Jr et al., 2012).

Dessa forma, os parâmetros populacionais contribuem nas avaliações dos rebanhos que sofrem seleção, verifica-se a variabilidade genética, níveis de endogamia, a formação genética dos rebanhos e contribuem no direcionamento dos acasalamentos. Com isso, o programa de melhoramento genético da raça Nelore deve ser avaliado periodicamente, garantindo bons resultados nas características de interesse econômico que usam a seleção.

## 1.5 Referências

AMARAL, R. D. S.; CARNEIRO, P. L. S.; AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M. Tendências, parâmetros fenotípicos e genéticos de características de crescimento em bovinos Nelore mocho do Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, 2014.

AMBROSINI, D. P.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. L. S. Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para características de crescimento em bovinos Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 51, n. 2, p. 177-186, 2016.

ANCP. ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS CRIADORES E PESQUISADORES. Conceitos básicos. 2017. Disponível em: < <http://www.ancp.org.br/pagina/58/caracteristicas-avaliadas#.WILSaN-nHIV> >. Acesso em: 07 de janeiro de 2017.

BARBOSA, A. C. B.; CARNEIRO, P. L. S.; REZENDE, M. P. G.; RAMOS, I. O.; MARTIN-FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. Parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas em bovinos Nelore no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 66, n. 255, p. 447-450, 2017.

BARBOSA, V.; MAGNABOSCO, C. U.; DE FREITAS TROVO, J. B.; DE UBIRAJARA FARIA, C.; LOPES, D. T.; DE OLIVEIRA VIU, M. A.; LÔBO, R. B.; MAMEDE, M. M. S. Estudo genético quantitativo de características de carcaça e perímetro escrotal utilizando inferência Bayesiana em novilhos nelore. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 5, 2010.

BODDHIREDDY, P.; PRAYAGA, K.; BARROS, P.; LÔBO, R.; DENISE, S. Genomic predictions of economically important traits in Nelore cattle of Brazil. **10th World Congr**, p. -, 2014.

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, n. 1, p. 5, 1997.

BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, p. 1412-1418, 2010.

BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, p. 565-571, 2007.

BORMANN, J. M.; WILSON, D. E. Calving day and age at first calving in Angus heifers. **Journal of animal science**, v. 88, n. 6, p. 1947-1956, 2010.

BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S.; TORRES, R. D. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SARMENTO, J. L. R.; TORRES FILHO, R. D. A.; MOITA, A. K. F. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2017-2025, 2004.

BUZANSKAS, M. E.; PIRES, P. S.; CHUD, T. C. S.; BERNARDES, P. A.; ROLA, L. D.; SAVEGNAGO, R. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, v. 92, p. 204-209, 2017.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura Populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: VI Congresso Nordestino de produção Animal. SNPA 29a, Mossoró: RN, 2010, p.

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, n. 5, p. 511, 2008.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E. D. C. G. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: GEMPEC—WORKSHOP EM GENÉTICA E MELHORAMENTO NA PECUÁRIA DE CORTE, 2004, p. 1-10.

CHUD, T. C. S.; CAETANO, S. L.; BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; GUIDOLIN, D. G. F.; NASCIMENTO, G. B.; ROSA, J. O.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nelore beef cattle. **Livestock Science**, v. 170, p. 16-21, 2014.

DE ALENCAR, M. M.; BARBOSA, P. F. Melhoramento genético de gado de corte no Brasil. In: Embrapa Pecuária Sudeste-Artigo em anais de congresso (ALICE), 2010. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 8., 2010, Maringá. Melhoramento animal no Brasil: uma visão crítica-anais. Maringá: SBMA, , p.

DE MELO, R. A. T.; MOURA, M. M. S. C. Avaliação visual em programas de melhoramento genético. **Cadernos de Pós-Graduação da FAZU**, v. 3, 2013.

ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; SANTANA, M. L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v. 82, n. 5, p. 708-714, 2014.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; BALIEIRO, J. C. C.; MATTOS, E. C. Genetic analysis of average annual productivity of Nelore breeding cows (COWPROD). **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 1, p. 234-242, 2008.

ESTEVEES, A. M. C.; BERGMANN, J. A. G.; DURÃES, M. C.; COSTA, C. N.; SILVA, H. M. Correlações genéticas e fenotípicas entre características de tipo e produção de leite em bovinos da raça Holandesa Genetic and phenotypic correlations between type traits and milk production in Holstein cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 56, n. 4, p. 529-535, 2004.

EUCLIDES FILHO, K. Evolução do melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. **Revista Ceres**, v. 56, n. 5, 2009.

FARIA, C. U.; PEREIRA TERRA, J.; JUN ITI YOKOO, M.; ULHÔA MAGNABOSCO, C.; GALVÃO DE ALBUQUERQUE, L.; BARBOSA LÔBO, R. Interação genótipo-ambiente na análise genética do peso ao desmame de bovinos Nelore sob enfoque bayesiano. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 33, n. 2, 2011a.

FARIA, L. C.; DE QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; DE ULHÔA MAGNABOSCO, C.; DE OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 10, p. 1133-1140, 2011.

FERNANDES, G. A.; FERNANDES, F. F. D.; MOUSQUER, C. J.; DE OLIVEIRA, E. B.; DE CASTRO, W. J. R.; SILVA FILHO, A. S. Produção de novilhos superprecoce a pasto. Uma Revisão. **Revista Brasileira de Higiene e Sanidade Animal**, v. 9, n. 3, p. 553-579, 2015.

FERREIRA, J. L.; LOPES, F. B.; DE ASSIS, A. S.; LÔBO, R. B. Climatic spatialization and analyses of longitudinal data of beef cattle Nelore raising Maranhão, Pará and Tocantins using univariate and multivariate approach. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 4, p. 2197-2210, 2014.

GONÇALVES, F. M.; PIRES, A. V.; PEREIRA, I. G.; GARCIA, D. A.; FARAH, M. M.; MEIRA, C. T.; CRUZ, V. A. R. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 2011.

GRESSLER, S. L.; GRESSLER, M. G.; BERGMANN, J. A. Fatores ambientes e estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal na raça Nelore. **Arq. bras. med. vet. zootec**, v. 66, n. 4, p. 986-994, 2014.

GROSSI, D. A.; FRIZZAS, O. G.; PAZ, C. C. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Genetic associations between accumulated

productivity, and reproductive and growth traits in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 117, n. 2, p. 139-146, 2008.

GROSSI, D. A.; VENTURINI, G. C.; PAZ, C. C. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, J. A.; MUNARI, D. P. Genetic associations between age at first calving and heifer body weight and scrotal circumference in Nelore cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 126, n. 5, p. 387-393, 2009.

GROSSI, D. D. A.; BERTON, M. P.; BUZANSKAS, M. E.; CHUD, T. C. S.; GRUPIONI, N. V.; DE PAZ, C. C. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis on accumulated productivity and calving intervals in Nelore cattle. **Tropical animal health and production**, v. 48, n. 1, p. 207-210, 2016.

GUTIÉRREZ, J. P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, n. 1, p. 43, 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, n. 3, p. 172-176, 2005.

HUDSON, G.; VAN VLECK, L. D. Relationship between production and stayability in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 64, n. 11, p. 2246-2250, 1981.

JAMROZIK, J.; MILLER, S. Genetic evaluation of calving ease in Canadian Simmentals using birth weight and gestation length as correlated traits. **Livestock Science**, v. 162, p. 42-49, 2014.

JOSAHKIAN, A. L. PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DAS RAÇAS ZEBUÍNAS. Anais: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal 2000. Disponível em: < <http://sbmaonline.org.br/anais/iii/palestras/> >.

LAUREANO, M. M. M.; BOLIGON, A. A.; COSTA, R. B.; FORNI, S.; SEVERO, J. L. P.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore: Estimates of heritability and genetic trends for growth and reproduction traits in Nelore cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 63, n. 1, p. 143-152, 2011.

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

LIRA, T. S. D.; DE SOUSA PEREIRA, L.; LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LÔBO, R. B.; DE JESUS SANTOS, G. C. Tendências genéticas para características de crescimento em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 23-31, 2013.

LOBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; FIGUEIREDO, L. G. G.; BALDI, F.; FARIA, C. U.; VOZZI, P. A.; MAGNABOSCO, C. U.; BERGMANN, J. A. G.; OLIVEIRA, H. N. Avaliação genética das raças Nelore, Guzerá, Brahman e Tabapuã: Sumário 2010. Ribeirão Preto: ANCP. 2010.

LÔBO, R. B.; BEZERRA, L. A. F.; OLIVEIRA, H. N.; MAGNABOSCO, C. U.; REYES, A. D. L.; BERGMANN, J. A. G. Avaliação genética de animais jovens, touros e matrizes. **Ribeirão Preto: GEMAC. Departamento de Genética: FMRP: USP**, 2001.

LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LOBO, R. B.; ROSA, G. J. M. Bayesian analyses of genetic parameters for growth traits in Nelore cattle raised on pasture. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 16, n. 3, 2017.

LOPES, F. B.; SANTOS, G. C. D. J.; GLEIDA MARQUES, E.; CORRÊA DA SILVA, M.; FERREIRA, J. L. Tendência genética para características relacionadas a velocidade de crescimento em bovinos Nelore da região Norte do Brasil. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 2, 2012.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; SANTOS, P. F.; AZEVEDO, D. M. M.; SOUZA, J. C. D.; AFFONSO, P. R. M. Curva de crescimento em ovinos mestiços Santa Inês x Texel criados no Sudoeste do Estado da Bahia. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 9, n. 2, 2008b.

MALHADO, C. H. M.; MALHADO, A. C. M.; CARNEIRO, P. L. S.; RAMOS, A. A.; CARRILLO, J. A.; PALA, A. Inbreeding depression on production and reproduction traits of buffaloes from Brazil. **Animal Science Journal**, v. 84, n. 4, p. 289-295, 2013a.

MALHADO, C. H. M.; MALHADO, A. C. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, P. L. S.; PALA, A.; CARRILLO, J. A. Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. **Livestock Science**, v. 154, n. 1, p. 28-33, 2013b.

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

MARCONDES, C. R. **Análise Bayesiana da probabilidade de permanência no rebanho como característica de seleção para a raça Nelore**. 2003. f. -Universidade de São Paulo, 2003.

MEYER, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 31, n. 3-4, p. 179-204, 1992.

MOREIRA, H. L.; BUZANSKAS, M. E.; MUNARI, D. P.; CANOVA, É. B.; LÔBO, R. B.; PAZ, C. C. P. D. Reproductive traits selection in Nelore beef cattle. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 39, n. 4, p. 355-362, 2015a.

MOREIRA, H. L.; CANOVA, É. B.; MUNARI, D. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; DE PAZ, C. C. P. Parâmetros genéticos para período de gestação e características de crescimento pré e pós desmame em bovinos Nelore. **Boletim de Indústria Animal**, v. 72, n. 2, p. 130-135, 2015b.

MUNIZ, C. A. D. S. D.; QUEIROZ, S. A. D.; MASCIOLI, A. D. S.; ZADRA, L. E. F. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Semina Ciências Agrárias**, p. 1569-1576, 2014.

NEPOMUCENO, L. L.; DE ANDRADE, R. J.; LOPES, F. B.; DE LIRA, T. S.; VIEIRA, L. F.; DE JESUS SANTOS, G. C.; DE SOUSA PEREIRA, L.; FERREIRA, J. L. ASSOCIAÇÕES GENÉTICAS ENTRE O PERÍMETRO ESCROTAL E AS CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM REBANHO NELORE CRIADO NA REGIÃO NORTE DO TOCANTINS Genetic associations between scrotal circumference and productive and reproductive traits in herd Nelore raised in northern Tocantins State, Brazil. **Revista Acadêmica: Ciência Animal**, v. 10, n. 3, p. 253-261, 2012.

NEPOMUCENO, L. L.; LIRA, T. S. D.; LOPES, F. B.; LÔBO, R. B.; FERREIRA, J. L. Interação genótipo-ambiente para características sob efeito maternal na raça Nelore nos estados do Maranhão, Mato Grosso e Pará. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 14, n. 2, 2013.

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A. Genetic parameters for an alternative criterion to improve productive longevity of Nelore cows. **Journal of animal science**, v. 90, n. 12, p. 4209-4216, 2012.

PEREIRA, M. C.; YOKOO, M. J.; BIGNARDI, A. B.; SEZANA, J. C.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Altura da garupa e sua associação com características reprodutivas e de crescimento na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, p. 613-620, 2010.

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

REIS, R. A.; BARBERO, R. P.; HOFFMANN, A. Impactos da qualidade da forragem em sistemas de produção de bovinos de corte. **Informe Agropecuário, Belo Horizonte**, v. 37, n. 292, p. 36-53, 2016.

RIZZO, E. C. A.; NETO, F. R. A.; DIAZ, I. D. P. S.; DIAS, M. M.; COSTA, R. B.; VENTURA, H. T.; OLIVEIRA, H. N.; FALCÃO, A. J. S. Genetic association of productive and reproductive traits with stayability in Nellore cattle: analysis using Bayesian models. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 14956-14966, 2015.

ROCHA, J. C. M. C.; TONHATI, H.; ALENCAR, M. M.; LÔBO, R. B. Componentes de variância para o período de gestação em bovinos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, p. 784-791, 2005.

SANTANA JR, M.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J. P.; GUTIÉRREZ, J.; FERRAZ, J. B. S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of animal science**, v. 90, n. 1, p. 99-108, 2012.

SANTANA JR, M. L.; ELER, J. P.; CUCCO, D. C.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. Genetic associations between hip height, body conformation scores, and pregnancy probability at 14 months in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 154, n. 1, p. 13-18, 2013.

SANTANA, M. L.; ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of animal science**, v. 91, n. 6, p. 2566-2574, 2013.

SARMIENTO, D. R.; TULLO, E.; RIZZI, R. Pedigree-based analysis of genetic variability in the registered Normande cattle breed in Colombia. **Animal Production Science**, v. 57, n. 3, p. 422-429, 2017.

SCHMIDT, P. I.; CAMPOS, G. S.; LÔBO, R. B.; SOUZA, F. R. P.; BRAUNER, C. C.; BOLIGON, A. A. Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nellore females. **Theriogenology**, 2017.

SCHWENGBER, E. B.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Produtividade acumulada como critério de seleção em fêmeas da raça Nelore. **Ciência Rural**, v. 31, n. 3, p. 483-486, 2001.

SENA, J. D. S. D. S.; DE SOUSA MATOS, A.; RIGHETTI, C.; MARCONDES, L. A. F. B.; LÔBO, R. B. Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. 2013.

SILVA, J. A. I. V.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; GOLDEN, B. L.; OLIVEIRA, H. N. Heritability estimate for stayability in Nelore cows. **Livestock Production Science**, v. 79, n. 1, p. 97-101, 2003.

SILVA, J. A. I. V.; MARCELO, E. T.; RIBEIRO, C. B.; MAIORANO, A. M.; CURI, R. A.; DE OLIVEIRA, H. N.; DA MOTA, M. D. S. Análise genética de características de crescimento e perímetro escrotal em bovinos da raça Brangus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 8, p. 1166-1173, 2012.

SILVA, M. R.; PEDROSA, V. B.; SILVA, J. C. B.; ELER, J. P.; GUIMARÃES, J. D.; ALBUQUERQUE, L. G. D. Testicular traits as selection criteria for young Nelore bulls. **Journal of animal science**, v. 89, n. 7, p. 2061-2067, 2011.

SILVEIRA, D. D.; SOUZA, F. R. P.; BRAUNER, C. C.; AYRES, D. R.; SILVEIRA, F. A.; DIONELLO, N. J. L.; BOLIGON, A. A. Body condition score of Nelore cows and its relation with mature size and gestation length. **Livestock Science**, v. 175, p. 10-17, 2015.

SOUZA, J. C.; SALLES, F. M.; DA SILVA, L. O. C.; MOTA, M. F.; DE FREITAS, J. A.; MALHADO, C. H. M.; FERRAZ FILHO, P. B. Avaliação de características produtivas em animais da raça Nelore por meio de análise multivariada. **Revista Brasileira de Ciência Veterinária**, v. 17, n. 3-4, 2010.

SOUZA, J. C.; SILVA, L. O. C.; GONDO, A.; FREITAS, J. A.; MALHADO, C. H. M.; SERENO, J. R. B.; WEABER, R. L.; LAMBERSON, W. R. Parâmetros e tendência genética de peso de bovinos criados a pasto no Brasil. **Archivos de zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 457-465, 2011.

TORO, M. A.; FERNÁNDEZ, J.; SHAAT, I.; MÄKI-TANILA, A. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. **animal**, v. 5, n. 11, p. 1669-1683, 2011.

VALENTE, T. S.; SANT'ANNA, A. C.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L. G.; DA COSTA, M. J. P. Genetic association between temperament and sexual precocity indicator traits in Nelore cattle. **Journal of applied genetics**, v. 56, n. 3, p. 349-354, 2015.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, H. N.; ROSA, G. J. M.; SILVA, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S.; PEREIRA, E. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of animal science**, v. 85, n. 7, p. 1780-1786, 2007.

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

ZUIN, R. G.; BUZANSKAS, M. E.; CAETANO, S. L.; VENTURINI, G. C.; GUIDOLIN, D. G. F.; GROSSI, D. A.; CHUD, T. C. S.; PAZ, C. C. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352-357, 2012.

## II – OBJETIVOS

### 2.1 Objetivo Geral

Avaliar a estrutura genética populacional, parâmetros genéticos e as tendências genéticas e fenotípicas de bovinos da raça Nelore, criados nas regiões Norte e Nordeste do Brasil.

### 2.2 Objetivos Específicos

- a. Estimar parâmetros genéticos para características de crescimento e reprodutivas de animais da raça Nelore, utilizando inferência Bayesiana;
- b. Estimar tendências genéticas, maternas e fenotípicas para as características estudadas;
- c. Investigar as relações entre as características, por meio de análise de componentes principais;
- d. Avaliar a estrutura populacional, utilizando o *pedigree*.

### III - MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Descrição dos dados

Foram utilizados dados de 73.411 animais, nascidos entre os anos de 1978 a 2014, provenientes de 2.515 touros e 30.970 matrizes, criados nas regiões Norte e Nordeste. Esses animais participam do Programa Nelore Brasil (PMGRN), coordenado pela Associação Nacional dos Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os grupos de contemporâneos (GCs) foram formados e fornecidos pela própria ANCP e contêm registros de nascimento (fazenda, estação e ano), condição de manejo e sexo. A edição dos dados foi realizada através do *software* SAS (SAS, 2002).

Dentre as restrições impostas, foram excluídos touros com menos de quatro filhos e grupos contemporâneos com menos de quatro indivíduos. Foram eliminados os animais cujas características apresentaram três desvios-padrão acima/abaixo da média do seu grupo de contemporâneos.

Posteriormente, foi testada a conectabilidade entre os grupos de contemporâneos, com base no número total de laços genéticos, considerando o mínimo de 10 laços, por meio do programa AMC (2006). Essa conectabilidade dos grupos constituiu-se pela seleção do arquipélago com maior número de laços genéticos e dos GCs a estes conectados.

#### 3.2 Descrição das características analisadas

Os caracteres de crescimento e reprodutivos estudados foram:

- Pesos aos 120 (P120), 210 (P210), 365 (P365), 450 (P450) e 550 (P550) dias de idade;
- Perímetro escrotal aos 365 (PE365) e 450 (PE450) dias de idade;
- Idade ao primeiro parto (IPP);
- Período de gestação (PG);
- Habilidade de permanência (STAY), definido como a probabilidade da fêmea permanecer no rebanho até os 76 meses de idade, parindo pelo menos três vezes.

- Produtividade acumulada da vaca (PAC), que é a produtividade em kg de bezerros desmamados por vaca ano, conforme a fórmula abaixo:

$$PAC = \frac{P_d \times n_p \times C_a}{IVP_n - C_i} \quad (1)$$

Em que,

$P_d$  é peso corporal de bezerros desmamados corrigido para 210 dias (em kg);

$n_p$  é número total de bezerros produzidos pela vaca (bezerros nascidos);

$C_a$  é a constante igual a 365 dias que permite expressar a fertilidade em base anual;

$IVP_n$  é a idade da vaca ao último parto (em dias); e

$C_i$  = constante, igual a 550 dias, aproximadamente 18 meses, utilizada com base na expectativa de o primeiro parto ocorrer ao redor de 30 meses de idade.

Os bancos finais para cada característica, após as restrições, apresentaram diferentes números de informações (Tabela 1).

**Tabela 1.** Estatística descritiva das características de crescimento e reprodutivas de bovinos da raça Nelore.

Características	Nº inicial	Nº final	Média	Desvio Padrão	Valor Mínimo	Valor Máximo	CV (%)
P120	53.560	52.867	126,50	18,80	54	205	14,88
P210	44.171	43.133	185,72	27,16	68	312	14,60
P365	38.539	37.825	234,37	39,50	99	390	16,90
P450	32.660	31.967	269,15	46,24	123	471	17,18
P550	16.274	15.634	314,69	56,88	147	562	18,08
IPP	17.882	16.452	35,94	4,87	21	49	13,56
PAC	8.029	7.118	144,33	29,18	57	244	20,22
PE365	14.537	13.906	20,44	2,27	9,2	32	11,50
PE450	14.433	13.842	23,42	3,00	14,4	37,2	12,80
PG <sub>bez</sub>	6.073	5.939	295,56	6,20	250	314	2,10
PG <sub>vaca</sub>	3.065	2.869	294,74	6,20	250	314	2,10
STAY <sup>1</sup>	16.504	14.767	0	-	0	1	-

Nº: número de observações inicial e final; CV: coeficiente de variação;<sup>1</sup>Foi calculada a moda por ser binária; P120, P210, P365, P450 e P550: Pesos calculados às idades padrão de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente (em kg); IPP: Idade ao Primeiro Parto (em meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365 e PE450: Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (em cm); PG<sub>bez</sub> e PG<sub>vaca</sub>: Período de Gestação para o bezerro e a vaca (em dias); STAY: Habilidade de Permanência (*Stayability*).

### 3.4 Modelos estatísticos

#### 3.4.1 Modelos I, II e III

As estimativas com o efeito materno foram analisadas por meio do modelo animal I para as características P120, P210 e P365. Esse modelo incluiu o efeito fixo do grupo de contemporâneos (GC) e a covariável idade da vaca ao parto (efeito linear e quadrático). Foram considerados os efeitos aleatórios genéticos direto, materno, ambiente permanente e residual. As covariâncias entre os efeitos materno e direto foram assumidas como zero. As características P450, P550, IPP, PAC, PE365, PE450 e  $PG_{bez}$  fundamentaram-se no modelo II, que incluiu os efeitos aleatórios genéticos direto e residual, no qual foi considerado o mesmo efeito fixo e covariável (IVP) do modelo I.

Os modelos I e II sugeridos nas análises correspondem aos mesmos traçados por Mrode (2005):

$$\text{Modelo I: } y = X\beta + Za + Z_1m + Z_2mpe + e \quad (2)$$

$$\text{Modelo II: } y = X\beta + Za + e \quad (3)$$

Em que:

$y$  = vetor de observações de cada característica (P120, P210, P365, P450, P550, IPP, PAC, PE365, PE450 e  $PG_{bez}$ );

$\beta$  = vetor dos efeitos fixos (GC, IVP como covariável);

$a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos diretos;

$m$  = vetor de efeitos genéticos aditivos maternos;

$mpe$  = vetor de efeitos de ambiente permanente materno;

$X$  = matriz de incidência que associa  $\beta$  com  $y$ ;

$Z, Z_1, Z_2$  = matrizes de incidência dos efeitos genéticos direto, genéticos materno e de ambiente permanente, respectivamente;  $e$

$e$  = vetor dos efeitos aleatórios residuais.

Já no modelo III, para a característica  $PG_{vaca}$ , inclui-se os efeitos genéticos direto, do ambiente permanente e residual. Considerou-se o efeito fixo do grupo de contemporâneos (GC) e da covariável idade da vaca ao parto como efeito linear e quadrático.

$$\text{Modelo III: } y = X\beta + Za + Z_1pe + e \quad (4)$$

Em que:

$y$  = vetor de observações de cada característica ( $PG_{\text{vaca}}$ );

$\beta$  = vetor dos efeitos fixos (GC, IVP como covariável);

$a$  = vetor dos efeitos genéticos aditivos direto;

$pe$  = vetor de efeitos de ambiente permanente;

$X$  = matriz de incidência que associa  $\beta$  com  $y$ ;

$Z, Z_1$  = matrizes de incidência dos efeitos genéticos direto e ambiente permanente, respectivamente; e

$e$  = vetor dos efeitos aleatórios residuais.

A estrutura básica da matriz de (co)variância para as análises do modelo I, pode ser demonstrada:

$$\begin{aligned} E[a] &= 0, E[m] = 0, E[mpe] = E[e] = 0 \\ E[ya, m, mpe] &= X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3mpe \end{aligned} \quad (5)$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_d\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva direta;

$\sigma_m^2$  = variância genética aditiva maternal;

$\sigma_{am}$  = covariância genética aditiva entre os efeitos direto e maternal;

$\sigma_p^2$  = variância do ambiente permanente;

$\sigma_e^2$  = variância residual;

$A$  = matriz de parentesco entre os animais;

$I_d, I_n$  = matrizes identidade de ordem apropriada, com  $d$  = número de vacas (mães dos animais com dados) e  $N$  = número total de animais com dados.

### 3.4.2 Modelo linear limiar binário (MLLB)

Neste modelo, a variável binária foi definida como sendo “1” para matrizes com informação fenotípica, e “0”, para aquelas que não possuem. A *Stayability* foi definida pelas fêmeas que permaneceram até os 76 meses de idade no rebanho, parindo pelo menos três vezes; a essa condição foram codificados com valor “1” e os animais não enquadrados nessa condição foram codificados com “0”. A variância residual foi considerada fixa igual a 1 (um) (Gianola & Sorensen, 2002).

Modelo IV: (6)

$$f(w_i | y_i) = \prod_{j=1}^{n_j} 1(l_{ij} < t_i)1(w_{ij} = 0) + 1(l_{ij} > t_i)1(w_{ij} = 1)$$

Em que:

i (i= 1, 2,...,n para STAY);

$w_{ij}$  e  $l_{ij}$  são as variáveis binária e subjacente da observação i, respectivamente;

$t_{ij}$  é o limiar que define a categoria de resposta para STAY;

$n_i$  é o número total de dados.

### 3.5 Software para estimação dos componentes de variância e valores genéticos

Os componentes de variância e valores genéticos das características foram estimados, utilizando os *softwares* GIBBS3F90 e o THRGIBBS1F90b (para STAY), ambos descrito por Misztal (2017).

### 3.6 Critério de convergência

Os tamanhos das cadeias, *burn in* e *thin* para as estimativas variaram de acordo com as características (Tabela 2). Nas análises, as distribuições *a priori* foram definidas como não informativas para todos os efeitos e para as variâncias genéticas.

**Tabela 2.** Número de ciclos, *burn in* e *thin* para cada característica de crescimento e reprodutiva de bovinos da raça Nelore.

Características	Número de ciclos	<i>Burn in</i>	<i>Thin</i>	Amostra Final
P120	440.000	40.000	40	10.000
P210	220.000	20.000	20	10.000
P365	660.000	60.000	60	10.000
P450	220.000	20.000	20	10.000
P550	220.000	20.000	20	10.000
IPP	220.000	20.000	20	10.000
PAC	660.000	60.000	60	10.000
PE365	220.000	20.000	20	10.000
PE450	330.000	30.000	30	10.000
PG <sub>bez</sub>	330.000	30.000	30	10.000
PG <sub>vaca</sub>	880.000	80.000	80	10.000
STAY	660.000	60.000	60	10.000

P120, P210, P365, P450 e P550: Pesos calculados às idades padrão de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente (kg); IPP: Idade ao primeiro parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365 e PE450: Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); PG<sub>bez</sub> e PG<sub>vaca</sub>: Período de gestação para o bezerro e da vaca (dias); STAY: Habilidade de permanência.

As densidades *a posteriori* foram geradas pelo *software* POSTGIBBSF90 (Misztal, 2017). Após a obtenção das amostras *a posteriori*, verificou-se a convergência através do diagnóstico de Geweke , utilizando o pacote “Bayesian Output Analysis Program – BOA”(Smith, 2005), do programa R Core Team (2017).

### 3.7 Tendências genéticas, maternas e fenotípicas

As estimativas das tendências genéticas e maternas para as características foram obtidas pela regressão linear ponderada da média da variável dependente (valores genéticos e pesos observados) sobre o ano de nascimento, obtidas pelo procedimento PROC REG SAS, com base na seguinte equação:

$$y = b + b_1x + e \quad (7)$$

Em que:

$y$  = valores genéticos ou fenotípicos para as características avaliadas do ano de nascimento;

$b$  = intercepto;

$b_1$  = coeficiente angular da reta;  
 $x$  = ano de nascimento e  
 $e$  = erro aleatório.

### 3.8 Análises multivariadas

A análise de componentes principais (ACP) foi realizada sobre os valores genéticos estimados dos vinte touros, com maior número de filhos em cada característica. Os arquivos foram unidos, resultando em uma planilha com 51 touros, com VGs nas 12 características.

Foram descartadas as características produtivas de P210, P450 e P550 e a reprodutiva PE450. Posteriormente, uma nova análise de componentes principais (ACP) foi realizada com as seis variáveis selecionadas (P120, P365, PAC, IPP, STAY e PE365).

Para a seleção do número de componentes, realizou-se o teste de Kaiser (1958) que identifica o número de componentes principais pelos autovalores (valores  $\geq 1$ ). Os componentes principais foram plotados no gráfico de coeficientes que investiga a importância de cada variável dentro do componente, e o gráfico *biplot*, que permite investigar a relação entre os touros com as variáveis produtivas e reprodutivas. A ACP e os gráficos foram elaborados no programa PAST, versão 2.16 (Hammer et al., 2001).

### 3.9 Estrutura genética populacional

O *pedigree* utilizado continha 108.940 animais, com 36.747 machos e 72.193 fêmeas participantes do Programa Nelore Brasil (PMGRN).

#### 3.9.1 Software Endog

Para a realização da análise da probabilidade de origem do gene, profundidade do *pedigree*, coeficiente médio de endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR), e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), utilizou-se o programa Endog, versão 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O número efetivo de fundadores representa o número de animais que contribuíram com mesmo percentual para a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada. Esse parâmetro tem uma limitação na identificação de possíveis gargalos genéticos (Faria et al., 2009). A determinação do número efetivo de fundadores foi proposta por Lacy (1989):

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2} \quad (8)$$

Em que:

$f_e$  = número efetivo de fundadores

$q_k$  = probabilidade de o gene ser originado do fundador  $k$

O número efetivo de ancestrais é denominado como o mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética. A determinação do número efetivo de ancestrais é dada por:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2} \quad (9)$$

Em que:

$f_a$  = número efetivo de ancestrais;

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

Foram realizados os cálculos para os três tipos de gerações. No primeiro tipo, o número de gerações completas é definido pela geração mais distante, sendo todos os ancestrais conhecidos. No segundo, é fundamentado no número máximo de gerações, o que repercute no número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. No terceiro e último tipo, é calculado a partir do número equivalente de gerações completas, obtidas pelo somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, onde  $n$  é representado pelo número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

O cálculo do coeficiente de endogamia ( $F$ ) está amparado no algoritmo proposto por Meuwissen & Luo (1992), no qual se calcula a probabilidade de um indivíduo ser portador de dois alelos idênticos por descendência em um determinado locus. O incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) calculado para cada geração foi obtido por:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad (10)$$

Em que:

$F_t$  = coeficiente médio de endogamia estimado na geração atual;

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

O coeficiente médio de relação (CR), por sua vez, calcula simultaneamente a endogamia e a coancestralidade individual. Esse parâmetro foi estimado como escrito em Gutiérrez e Goyache (2005).

O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) relaciona a variabilidade presente com os indivíduos aparentados entre os períodos de 1964 a 2009. Tal dado estimado por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre as gerações.

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad (11)$$

## V- RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se convergência para todos os parâmetros pelo teste de Geweke (Tabela 3). Em geral, as amostras não apresentaram dispersão ampla da densidade *a posteriori* (IC 95%), ou seja, as oscilações permaneceram estáveis, indicando que o período de *burn in* em cada característica foi considerado confiável e permitiu a convergência da cadeia.

**Tabela 3.** Análise de convergência sob o critério de Geweke<sup>a</sup> e o intervalo de credibilidade das amostras *a posteriori* a 95% (valor médio) dos componentes de variância nas análises unicarácter das características de produção e reprodução de bovinos da raça Nelore.

Características	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_e^2$
P120	0,512752	0,179092	0,083528	0,873490
IC <sub>(95%)</sub> P120	33,2-45,2 (38,9)	25,0-36,3 (30,7)	34,3-45,0 (39,7)	128,3-136,2 (131)
P210	0,817138	0,363067	0,281420	0,727498
IC <sub>(95%)</sub> P210	61,9-87,3 (74,5)	50,1-76,5 (63,8)	63,2-88,3 (75,6)	215,8-232,1 (224)
P365	0,371995	0,745972	0,944124	0,429944
IC <sub>(95%)</sub> P365	123,3-167,6 (146)	40,0-72,9 (57,3)	24,8-54,6 (38,7)	314,8-343,0 (329)
P450	0,679334	-	-	0,611852
IC <sub>(95%)</sub> P450	359,9-421,9 (390)	-	-	306,0-348,4(327)
P550	0,772314	-	-	0,783301
IC <sub>(95%)</sub> P550	384,3-502,7 (443)	-	-	412,1-499,1 (457)

IPP	0,318499	-	-	0,334466
IC <sub>(95%)</sub> IPP	2,47-3,70 (3,0)	-	-	13,22-14,36 (13,8)
PAC	0,756599	-	-	0,922964
IC <sub>(95%)</sub> PAC	64,0-128,4 (97)	-	-	428,5-488,2 (458)
PE365	0,279785	-	-	0,244527
IC <sub>(95%)</sub> PE365	1,48-1,98 (1,7)	-	-	1,30-1,69 (1,5)
PE450	0,449464	-	-	0,338873
IC <sub>(95%)</sub> PE450	1,79-2,48 (2,2)	-	-	2,06-2,60 (2,3)
PG <sub>bez</sub>	0,722701	-	-	0,623883
IC <sub>(95%)</sub> PG <sub>bez</sub>	15,96-22,38 (19)	-	-	15,15-19,68(17,4)
PG <sub>vaca</sub>	0,724779	-	0,888657	0,946458
IC <sub>(95%)</sub> PG <sub>vaca</sub>	12,21-20,47 (16)	-	0,01-18,66 (9,4)	0,60-20,06 (10,5)
STAY	0,609682	-	-	0,698381
IC <sub>(95%)</sub> STAY	0,29-0,49 (0,39)	-	-	0,98-1,04 (1,0)

<sup>a</sup>. Critério de convergência ( $p > 0,05$ ); IC<sub>(95%)</sub>: Intervalo de credibilidade *a posteriori*; P120, P210, P365, P450 e P550: Pesos calculados às idades padrão de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente (kg); IPP: Idade ao primeiro parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365 e PE450: Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); PG<sub>bez</sub> e PG<sub>vaca</sub>: Período de gestação para o bezerro e da vaca (dias); STAY: Habilidade de permanência;  $\sigma_a^2$ : variância genética aditiva;  $\sigma_m^2$ : variância genética materna;  $\sigma_{pe}^2$ : variância de ambiente permanente e  $\sigma_e^2$  variância residual.

Para P120 e P210, as estimativas de herdabilidades direta foram de baixa magnitude (Tabela 4). Esses baixos valores indicam pequenos ganhos genéticos via seleção direta nas duas características, e que a intensidade de seleção seja direcionada para as características de pós-desmame. As herdabilidades com menores magnitudes podem ser justificadas pela maior influência ambiental na expressão da característica. Desse modo, maiores diferenças ambientais intensificam os contrastes entre os rebanhos, e esses rebanhos da região Norte e Nordeste demonstram que os genes de efeitos aditivo diretos tiveram menor influência na determinação do crescimento dos bezerros até a fase de desmame.

**Tabela 4.** Estatísticas descritivas das distribuições *a posteriori* das herdabilidades nas características de produção e reprodução de bovinos da raça Nelore.

Características		Média	Moda	Mediana	DP	IC <sub>(95%)</sub>
P120	$h_d^2$	0,16	0,16	0,16	0,01	0,14-0,18
	$h_m^2$	0,12	0,13	0,13	0,01	0,11-0,15
P210	$h_d^2$	0,17	0,15	0,17	0,01	0,14-0,19
	$h_m^2$	0,14	0,12	0,15	0,01	0,12-0,17
P365	$h_d^2$	0,25	0,25	0,25	0,02	0,22-0,29
	$h_m^2$	0,10	0,10	0,10	0,02	0,06-0,12
P450	$h_d^2$	0,54	0,54	0,54	0,02	0,50-0,57
P550	$h_d^2$	0,49	0,49	0,49	0,03	0,43-0,54
IPP	$h_d^2$	0,18	0,18	0,18	0,02	0,14-0,21
PAC	$h_d^2$	0,17	0,17	0,17	0,03	0,13-0,24
PE365	$h_d^2$	0,54	0,50	0,54	0,04	0,46-0,60
PE450	$h_d^2$	0,48	0,50	0,48	0,03	0,41-0,55
PG <sub>bez</sub>	$h_d^2$	0,52	0,52	0,52	0,04	0,45-0,59
PG <sub>vaca</sub>	$h_d^2$	0,45	0,44	0,45	0,05	0,34-0,55
STAY	$h_d^2$	0,28	0,28	0,28	0,03	0,23-0,33

$h_d^2$ : herdabilidade direta;  $h_m^2$ : herdabilidade materna; DP: Desvio Padrão; IC<sub>(95%)</sub>: intervalo de credibilidade *a posteriori*; P120, P210, P365, P450 e P550: Pesos calculados às idades padrão de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente (kg); IPP: Idade ao primeiro parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365 e PE450: Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); PG<sub>bez</sub> e PG<sub>vaca</sub>: Período de gestação para o bezerro e da vaca (dias); STAY: Habilidade de permanência.

A herdabilidade para o peso aos 365 dias (P365) foi moderada (Tabela 4), demonstrando possibilidade de ganho genético por meio da seleção. Esse peso é importante para avaliar o desempenho dos animais após desmama, além das condições de manejo e alimentação dos animais. Dessa forma, o criador deve levar em consideração, no sistema de produção a pasto, os períodos de escassez de alimento, o que pode prejudicar a produtividade e a comercialização dos animais. A seleção do P365 é

importante para acelerar a idade ao abate na busca de animais precoces, o que beneficiaria aos criadores de bovinos da raça Nelore (Lopes et al., 2017).

As herdabilidades maternas descritas (Tabela 4) para os pesos P120, P210 e P365 foram de baixa magnitude, contudo são superiores aos relatados por Guimarães (2016) (0,09; 0,09 e 0,04 para P120, P210 e P365) e Chud et al. (2014) (0,07 para P365). Nesse sentido, observa-se que o efeito materno teve maior influência no crescimento da progênie, significando que existe seleção para a habilidade materna, possibilitando desmamar bezerros mais pesados. Como a influência materna tem sua origem no genótipo da mãe e pela ação ambiental inibindo ou não na expressão desses genes, assim, ter variabilidade genética para a habilidade materna nos diversos ambientes é importante como fonte de variação para o desempenho. Portanto, é relevante testar e considerar a influência materna sobre os pesos, para que não haja uma superestimação do valor genético aditivo direto e para avaliar a capacidade da fêmea em criar bem o bezerro até o desmame.

As herdabilidades direta para os pesos ao sobreano, 450 e 550 dias de idade, foram de alta magnitude (Tabela 4), indicando possibilidade de maior ganho genético por meio da seleção. Contudo, intensificar a seleção para os pesos ao sobreano pode influenciar no peso adulto dos animais e, com isso, aumentar o intervalo de geração. Esse fato pode ser contornado utilizando-se reprodutores jovens e provados para melhorar o desempenho da característica de crescimento. Ressalta-se, ainda, que aumentar o peso apenas em idade mais avançada pode acarretar uma possível elevação no número de animais mais tardios ao abate, o que amplia os custos da produção (Lira et al., 2013; Lopes et al., 2013a). Em contrapartida, a seleção de animais em uma idade mais jovem pode acelerar o ganho de peso e crescimento, pois, em geral, os animais com melhor desempenho até o desmame tendem a reduzir a idade ao abate e os custos (Araújo et al., 2014).

Dentre os caracteres reprodutivos, as estimativas de herdabilidade para IPP e PAC foram baixas e para a STAY moderada (Tabela 4), implicando maior ganho genético reprodutivo via seleção para a habilidade de permanência.

Para IPP, a maioria das herdabilidades são inferiores a 0,12 (Rizzo et al., 2015), o que pode ser atribuído a influência dos efeitos ambientais. Contudo, nesse rebanho da região Norte e Nordeste do Brasil a estimativa foi superior (0,18), mesmo assim, melhorias nas condições de ambientais (nutrição e manejo reprodutivo) auxiliam na obtenção de maiores estimativas.

No fator nutricional, os rebanhos zebuínos, como são criados a pasto, passam por períodos de déficit na disponibilidade de alimento, pois essas regiões do Brasil possuem particularidades edafoclimáticas (à exemplo, secas severas), provocando atrasos na puberdade das fêmeas. Por outro lado, Franco et al. (2016), no manejo reprodutivo para que as novilhas entrem em reprodução, afirmam que essas devam atingir um peso ideal para manter as exigências de manutenção da gestação até pós-parto, assim, em alguns rebanhos, para introduzir uma maior variabilidade genética para precocidade, sugere-se, a seleção/introdução de novilhas, que entrem em idades mais precoces nos programas reprodutivos.

O valor da herdabilidade da PAC pode chegar a 0,25 na literatura (Grossi et al., 2016), entretanto baixa herdabilidade para PAC pode ser em consequência do menor número de bezerros desmamados. As estimativas dependem dos fatores que constituem a fórmula do rebanho avaliado e de outras características reprodutivas (IPP, intervalo de partos e STAY), pois essa característica é um índice que avalia capacidade da fêmea em parir a uma menor idade, permanecer no rebanho e desmamando bezerros mais pesados.

Para STAY, a estimativa de herdabilidade (0,28) nesse rebanho demonstrou valor superior aos relatados por Santana Jr et al. (2013) (0,25) e Schmidt et al. (2017) (0,14). Isto demonstra que os ganhos genéticos via seleção seriam vantajosos para as fêmeas permanecerem no rebanho. Sendo do ponto de vista econômico, o ideal é que a vaca permaneça mais tempo no rebanho, assim será mais longeva e trará mais lucro para o criador. Pela perspectiva do melhoramento genético, o animal deve permanecer certo tempo no rebanho, contudo a substituição dos animais deve ser realizada, buscando o progresso genético através dos animais superiores. Além disso, segundo Rizzo et al. (2015), diferenças nas estimativas podem ser atribuídas aos diferentes modelos usados nas definições da característica, bem como possíveis diferenças genéticas nas populações bovinas avaliadas.

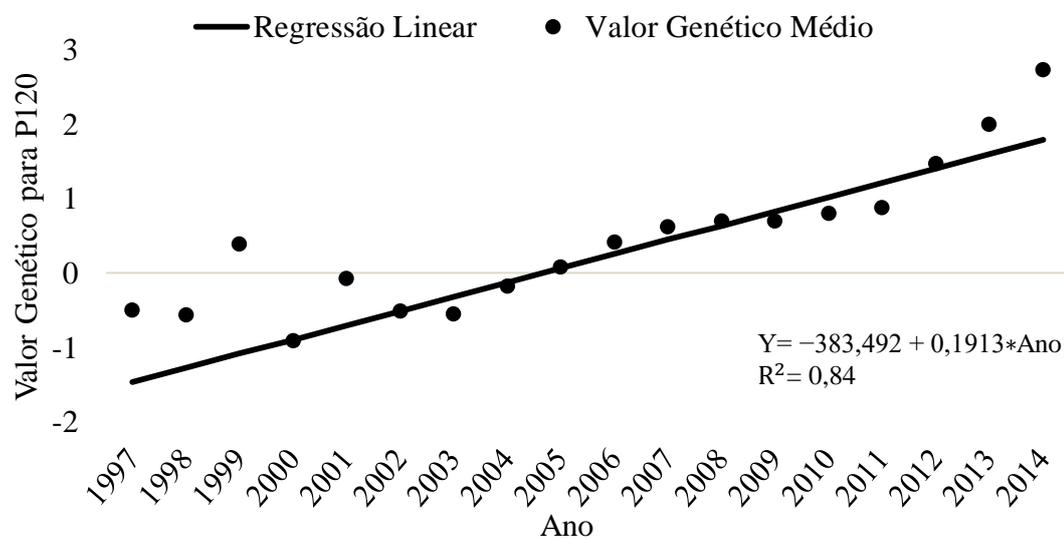
O uso da STAY como critério de seleção é recomendado (Eler et al., 2014). Entretanto, em trabalhos que incluíram a PAC, essa é mais vantajosa que STAY, por permitir a inclusão de fêmeas com poucos filhos e poder estimar o mérito genético de touros e vacas jovens (Eler et al., 2008; Santana Jr et al., 2013). Contudo, a STAY é uma característica que causa grande impacto econômico. E nesse rebanho zebuíno do Norte e Nordeste seria mais vantajosa pela maior estimativa de herdabilidade, assim as fêmeas permaneceriam mais tempo no rebanho, o que reduziriam os custos com animais de reposição.

As estimativas das herdabilidades direta para o perímetro escrotal (PE365 e PE450) foram de média magnitude (Tabela 4). Em geral, a  $h^2$  para o perímetro escrotal é mais alta que as demais características reprodutivas, e tal fato é atribuído a maior atuação dos genes de ação aditiva. Na população em estudo, a seleção para o perímetro escrotal em ambas as épocas favorece a resposta à seleção; assim, tal resultado demonstra que a seleção para o perímetro escrotal aos 12 meses já poderia identificar os animais em idade mais jovem, possibilitando maior retorno econômico e progresso genético reprodutivo. Por outro lado, o perímetro escrotal aos 450 dias é relacionado à capacidade reprodutiva (a libido) e à fertilidade (à qualidade e à quantidade de sêmen), em animais mais maduros sexualmente. Portanto, a indicação de uma mensuração mais adequada torna-se responsabilidade do criador, pois ambas as medidas possuem vantagens.

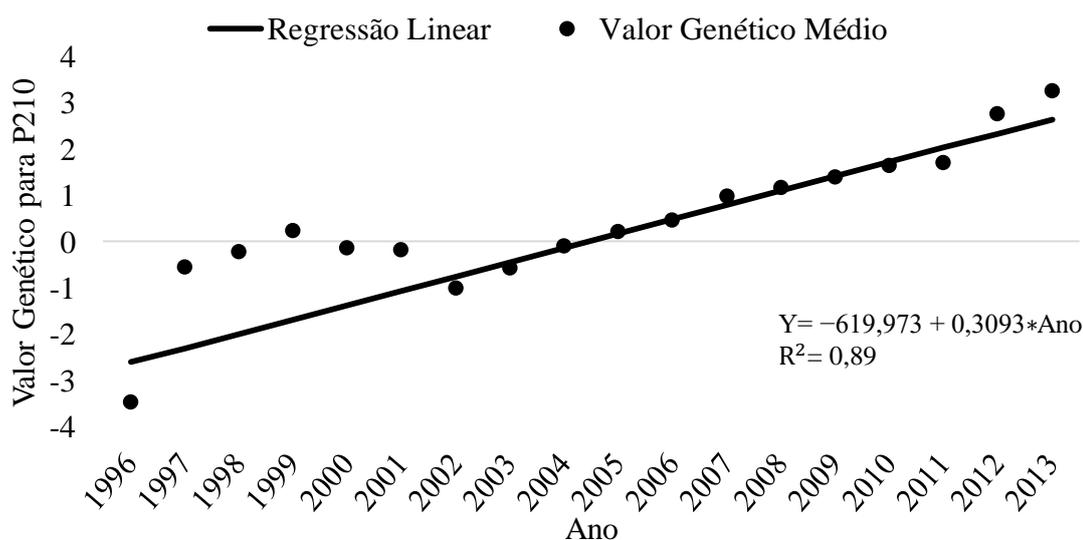
Os coeficientes de herdabilidade estimados para o período de gestação foram de alta magnitude, tanto para  $PG_{bez}$  quanto para  $PG_{vaca}$  (Tabela 4). Essas características podem responder bem a seleção, levando à maior eficiência reprodutiva, aumentando o tempo de descanso entre o último parto e a próxima gestação. Na literatura, ressalta-se que a seleção direta  $PG_{bez}$  traria maiores ganhos, quando comparada ao  $PG_{vaca}$ . (Chud et al., 2014; Moreira, H.L. et al., 2015a).

O PG, mesmo levando a ganhos genéticos, apresenta uma limitação fenotípica pela baixa variabilidade (no número de dias da gestação). Contudo, essa característica é usada como um critério de seleção por influenciar outras características reprodutivas, como o intervalo de partos e a idade ao primeiro parto (Moreira, H.L. et al., 2015b). Adicionalmente, é importante selecionar vacas que tenham gestações mais curtas, pois diminuem as dificuldades de parto pela redução do peso ao nascimento do bezerro e promovem uma recuperação mais rápida no pós parto.

As tendências genéticas (regressão linear) para os pesos até a desmama (P120 e P210) foram significativas ( $p < 0,0001$ ) e iguais a 0,19 e 0,31 kg por ano, o que equivale ao ganho de 3,25 kg e 5,26 kg durante os 17 anos avaliados (Figura 1 e 2). Em ambos os pesos os ganhos foram baixos, contudo, no decorrer dos anos, os valores da tendência foram superiores aos primeiros anos, indicado que a intensidade de seleção e/ou uso de touros provados para o crescimento, promovem ganhos. Nas fases até a desmama, os animais têm maior velocidade de crescimento e desenvolvimento muscular, pois os hormônios do crescimento têm maior ação. Além disso, os progressos genéticos, principalmente à partir dos anos de 2002, mostraram-se maiores e constantes, levando a maiores coeficientes de determinações ( $R^2$ ), em ambos os pesos (0,84 e 0,89).

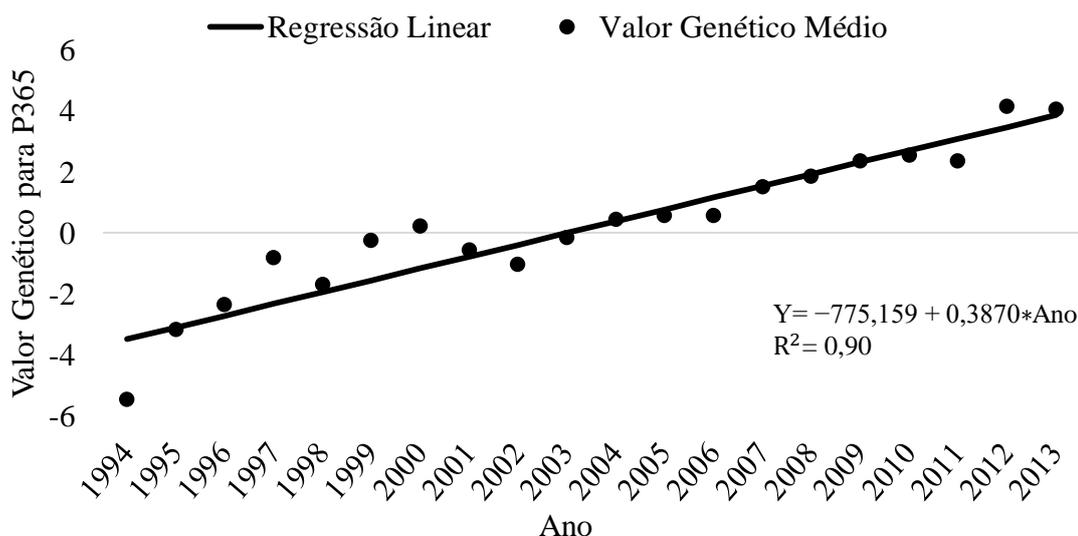


**Figura 1.** Tendência genética para a característica P120 em bovinos da raça Nelore, período de 1997 a 2014, por meio da inferência bayesiana.



**Figura 2.** Tendência genética para a característica P210 em bovinos da raça Nelore, período de 1996 a 2013, por meio da inferência bayesiana.

Para o peso aos 365 dias (P365), a tendência genética direta foi significativa ( $p < 0,0001$ ) e igual a 0,38 kg/ano, com ganho anual de 0,17% (Figura 3), evidenciando melhorias genéticas para o rebanho Nelore do Norte e Nordeste. A melhor resposta à seleção foi evidenciada à partir dos anos de 2006, assim os animais com melhor desempenho para o crescimento até os 365 dias são mais precoces e tendem a ter abate em uma idade mais jovem, representando ganhos econômicos na pecuária de corte.



**Figura 3.** Tendência genética para a característica P365 em bovinos da raça Nelore, período de 1994 a 2013, por meio da inferência bayesiana.

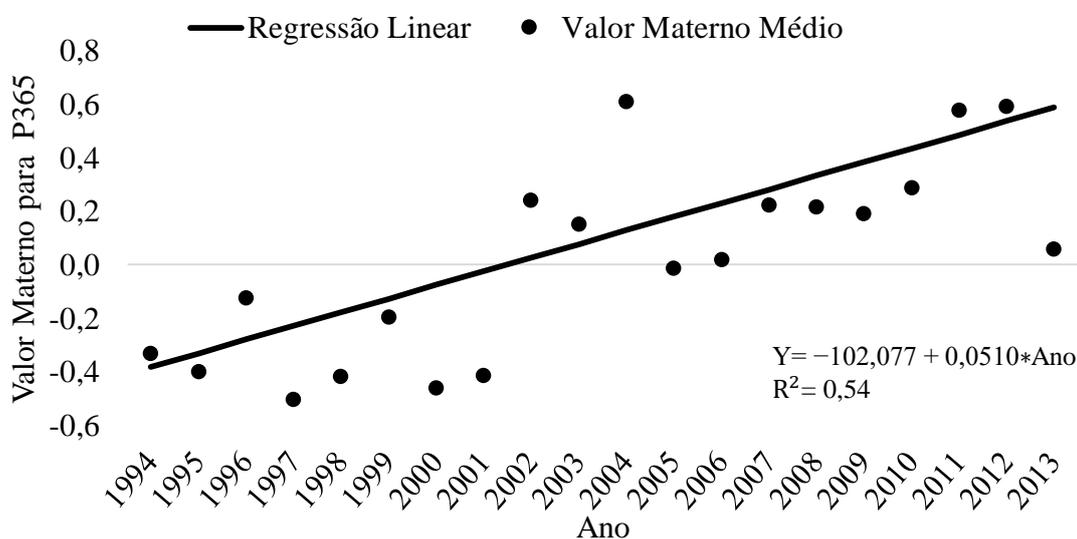
As tendências genéticas maternas para os pesos aos 120 e 210 dias não foram significativas (Tabela 5), indicando que a seleção para a habilidade materna levou a pouco progresso genético. Por outro lado, a tendência genética materna para o peso aos 365 dias de idade foi significativo ( $p < 0,001$ ), igual a 0,05 kg por ano, equivalendo a 0,96 kg, durante os 19 anos avaliados (Figura 4). Esses resultados para as tendências maternas podem estar sendo influenciados pelos fatores ambientais dos diferentes rebanhos da região Norte e Nordeste. Os diferentes ambientes e diversos sistemas de produção contribuem para que os valores médios variem (próximos à zero, positivos e negativos): isso dificulta na identificação de rebanhos que estejam em maior progresso genético (Ferreira et al., 2014).

Outra condição que influencia na manifestação do efeito materno é a condição alimentar que, em caso de novilhas jovens, a exigência nutricional é maior para atender a fase reprodutiva, de crescimento, da gestação e a fase pós-parto, para que ela consiga desmamar e criar bem o bezerro. Já as vacas mais velhas tendem a diminuir sua produtividade, o que prejudica a fase de desmame do bezerro. Assim, as novilhas e vacas podem criar bem os bezerros em boas condições alimentares e de sanidade, para que os genes da habilidade materna possam ser expressos.

Alguns trabalhos com a raça Nelore que citam resultados positivos de pequeno efeito para a tendência materna foram estimados para o P205 (Holanda et al., 2004; Sena et al., 2013), não sendo encontrada referência ao P365 significativo. Holanda et al. (2004)

estimaram efeito genético materno de 0,40 g/ano (0,0004 kg/ano), sendo que o peso, aos 205 dias, tem importância para avaliar a habilidade materna e os ganhos de peso à desmama, em virtude do menor custo.

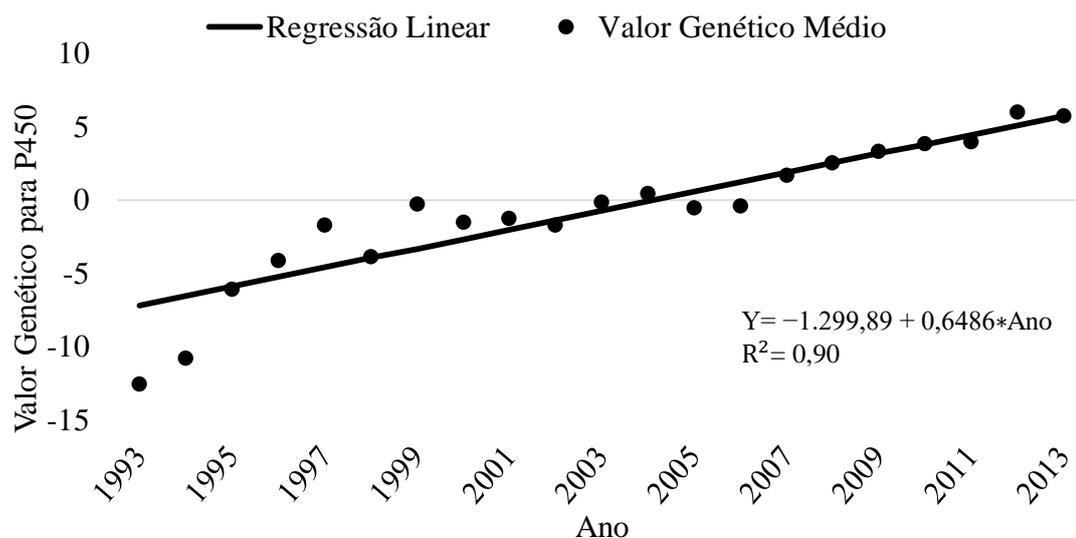
De acordo com Gonçalves et al. (2011), normalmente as tendências maternas apresentam valores negativos, e esse comportamento pode ser atribuído a maior ênfase na seleção das características ponderais, buscando pesos mais elevados. Entretanto, a inclusão ou não do efeito materno nos pesos aos P365 deve ser decidida após ser testada a inclusão na modelagem, visto que essa característica é a primeira ponderação após a desmama e, a depender do rebanho, ainda pode sofrer influência materna (Cucco, 2008).



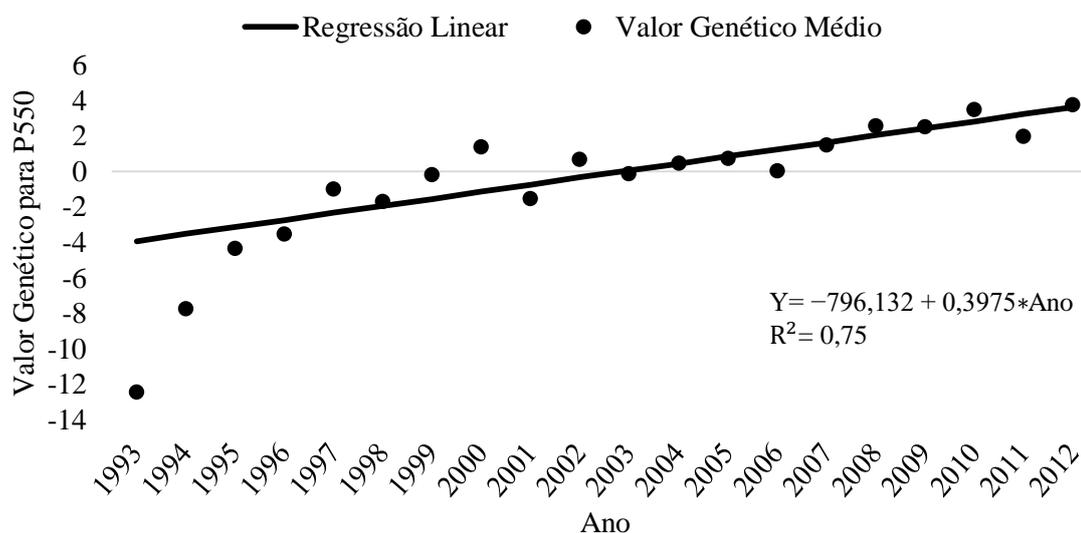
**Figura 4.** Tendência materna para a característica P365 em bovinos da raça Nelore, período de 1994 a 2013, por meio da inferência bayesiana.

Ao considerar os pesos ao sobreano (P450 e P550), a tendência genética direta foi significativa ( $p < 0,0001$ ), com 0,64 e 0,39 kg/ano, correspondendo a um ganho de 12,97 kg e 7,55 kg, durante os anos estudados (20 e 19 anos, respectivamente) (Figura 5 e 6). Comparados a Lira et al. (2013), os valores foram inferiores (P450 e P550) e apresentaram comportamento inverso, menor ganho para P450 e maior para P550.

No presente estudo, os pesos ao sobreano tiveram maiores ganhos ao longo dos anos. Essa seleção intensa pode representar um risco para pecuária de corte, pois alguns problemas podem surgir, como o aumento nos custos de produção, na elevação da idade ao abate e na composição/acabamento dos animais.



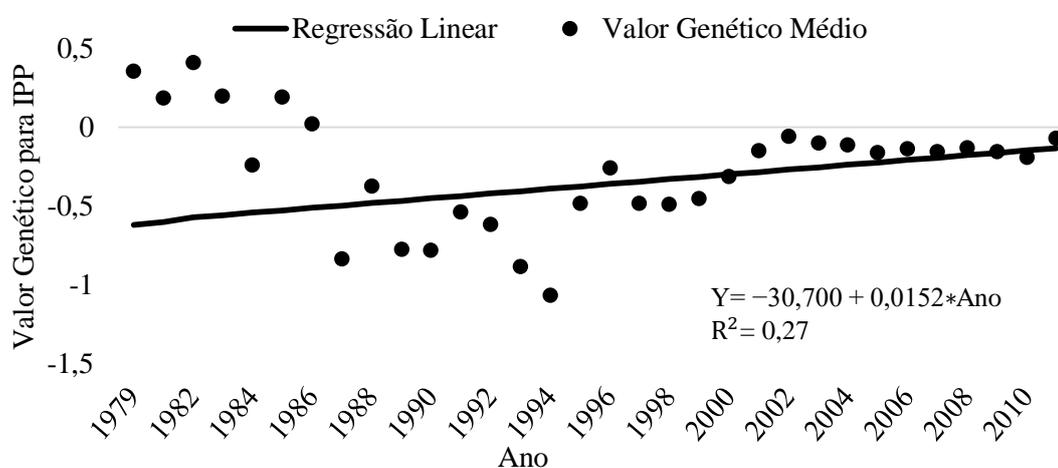
**Figura 5.** Tendência genética para a característica P450 em bovinos da raça Nelore, período de 1993 a 2013, por meio da inferência bayesiana.



**Figura 6.** Tendência genética para a característica P550 em bovinos da raça Nelore, período de 1993 a 2012, por meio da inferência bayesiana.

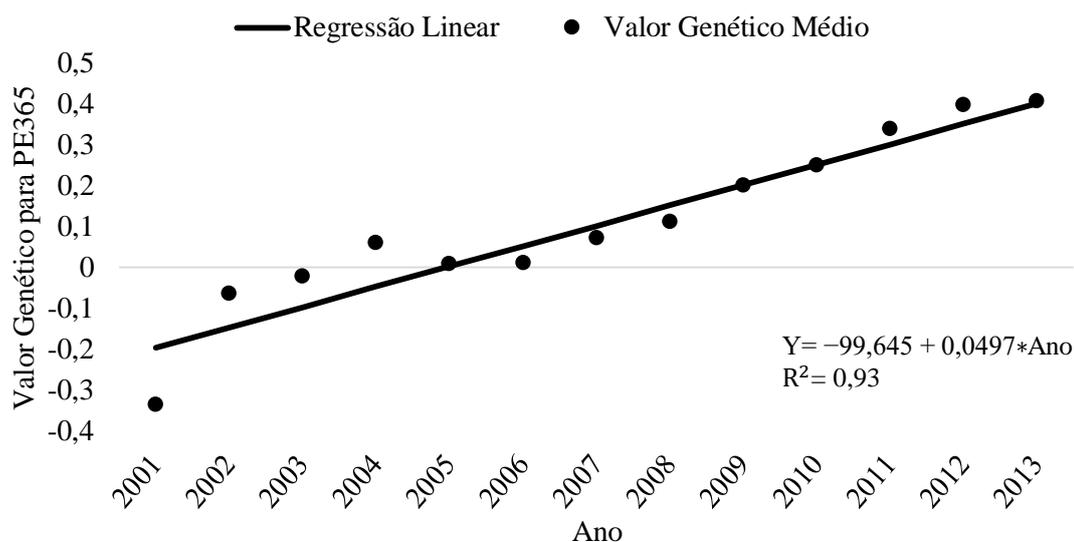
Para idade ao primeiro (IPP), a tendência genética média teve um aumento de 0,0152 meses/ano ( $p < 0,0020$ ), respectivamente, o que equivalem a 0,47 meses durante os 31 anos estudados (Figura 7). As perdas genéticas representam um aumento por ano de 0,04%, para bovinos da raça Nelore. Essas mudanças são consideradas desfavoráveis, dado que houve um aumento em meses, para atender as metas do programa de melhoramento: seria vantajosa uma redução em IPP, para obter fêmeas sexualmente precoces. Por outro lado, Barbosa et al. (2015) observaram um ganho favorável para a

idade ao primeiro parto, com uma diminuição de 4 dias no período entre 1981 e 2010, para animais Nelore criados no Nordeste brasileiro.

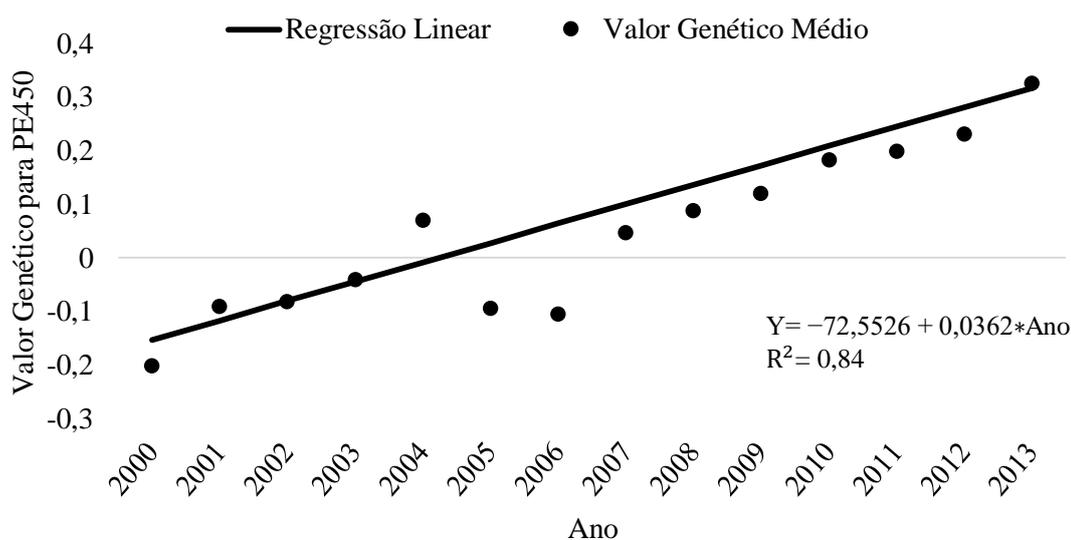


**Figura 7.** Tendência genética para a característica IPP em bovinos da raça Nelore, período de 1979 a 2010, por meio da inferência bayesiana.

Para as características do perímetro escrotal aos 365 e 450 dias (PE365 e PE450), os ganhos médios foram de 0,0497cm/ano e 0,0362cm/ano ( $p < 0,0001$ ), respectivamente (Figura 8 e 9). Os ganhos genéticos, em relação à média, representam um aumento por ano de 0,24% (PE365) e 0,15 % (PE450), para bovinos da raça Nelore durante os 12 anos e 13 anos avaliados. As mudanças nos valores genéticos dos animais avaliados para os perímetros escrotais foram favoráveis para o aumento em centímetros nos anos, em que animais com maiores medidas correspondem aos machos precoces sexualmente. Em tais resultados, confirma-se o uso dessas características com critério de seleção, a fim de melhorar índices reprodutivos dos bovinos Nelores.



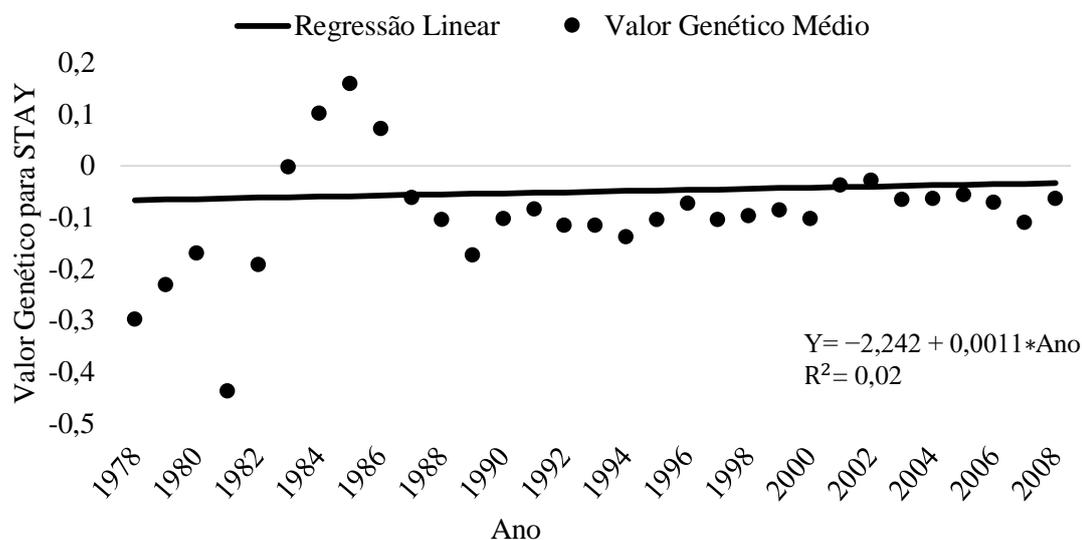
**Figura 8.** Tendência genética para o Perímetro escrotal aos 365 dias de idade (PE365) em bovinos da raça Nelore, período de 2001 a 2013, por meio da inferência bayesiana.



**Figura 9.** Tendência genética para o Perímetro escrotal aos 450 dias de idade (PE450) em bovinos da raça Nelore, período de 2000 a 2013, por meio da inferência bayesiana.

A tendência genética média, por ano, para STAY, foi de 0,0011% ( $p < 0,0006$ ) (Figura 10), indicando que os ganhos foram praticamente nulos nos 31 anos analisados. Ao longo dos anos, os VGs evidenciam grande variação devido ao baixo coeficiente de determinação para STAY (0,02). Isso mostra que, provavelmente, não tem seleção direta para essa característica e que os ganhos observados são devidos as respostas correlacionadas. Na literatura, não existe um valor específico para o ganho em STAY, e os valores têm grande amplitude, de 0,14% (Silva et al., 2003) até 0,51% (Van Melis et

al., 2007), devido às variações na metodologia para estimar a característica, no número de informações e nas populações avaliadas.



**Figura 10.** Tendência genética para a Habilidade de Permanência (STAY) em bovinos da raça Nelore, período de 1978 a 2008, por meio da inferência bayesiana.

As tendências genéticas para as características reprodutivas PAC,  $PG_{bez}$  e  $PG_{vaca}$  não foram significativas (Tabela 5). Chud et al. (2014) também observaram tendência genética não significativa para PAC, entretanto, para  $PG_{bez}$ , a tendência genética ( $p < 0,001$ ) diminuiu em 0,007% ao ano na média geral (296,6 dias).

As tendências fenotípicas refletem o progresso ao longo dos anos, através das melhorias ambientais conjuntamente com os ganhos genéticos. Para P120 e P210, a tendência fenotípica foi igual a 0,59 e 1,20 kg/ano ( $p < 0,05$ ) (Tabela 5), o que representa um ganho de 10,09 e 20,45 kg durante o período analisado (17 anos). Essa tendência fenotípica, quando comparada ao ganho genético (3,25 e 5,26 kg/ano), demonstra que o efeito ambiental possui grande parcela no desempenho dos animais, principalmente no peso aos 210 dias. Outros trabalhos com mesma raça, e avaliando o peso aos 205 dias, relatam que o progresso fenotípico teve seu maior componente nas melhorias ambientais nos rebanhos da região Nordeste e Norte (Barbosa et al., 2017; Malhado et al., 2010b), respectivamente.

**Tabela 5.** Equações de regressão para os efeitos genético, materno e fenotípico para as características de crescimento e reprodutivas, em bovinos da raça Nelore.

Genético			
Característica	Equações de Regressão	R <sup>2</sup>	p-valor
P120	$Y = -383,492 + 0,1913 * \text{Ano}$	0,84	0,0001**
P210	$Y = -619,973 + 0,3093 * \text{Ano}$	0,90	0,0001**
P365	$Y = -775,159 + 0,3870 * \text{Ano}$	0,90	0,0001**
P450	$Y = -1.299,89 + 0,6486 * \text{Ano}$	0,90	0,0001**
P550	$Y = -796,132 + 0,3975 * \text{Ano}$	0,75	0,0001**
IPP	$Y = -30,7001 + 0,0152 * \text{Ano}$	0,28	0,0020**
PAC	$Y = -132,832 + 0,0664 * \text{Ano}$	0,09	0,1777 <sup>ns</sup>
PE365	$Y = -99,6458 + 0,0497 * \text{Ano}$	0,93	0,0001**
PE450	$Y = -72,5526 + 0,0362 * \text{Ano}$	0,84	0,0001**
PG <sub>bez</sub>	$Y = 17,6069 + 0,0087 * \text{Ano}$	0,02	0,5423 <sup>ns</sup>
PG <sub>vaca</sub>	$Y = 51,9345 - 0,0258 * \text{Ano}$	0,14	0,1078 <sup>ns</sup>
STAY	$Y = -2,2424 + 0,0011 * \text{Ano}$	0,34	0,0006**
Materno			
P120	$Y = 7,529 - 0,0037 * \text{Ano}$	0,004	0,8137 <sup>ns</sup>
P210	$Y = 67,729 - 0,0336 * \text{Ano}$	0,11	0,1794 <sup>ns</sup>
P365	$Y = -102,077 + 0,0510 * \text{Ano}$	0,51	0,0004**
Fenotípico			
P120	$Y = -1.066,59 + 0,5939 * \text{Ano}$	0,39	0,0055**
P210	$Y = -2.230,33 + 1,2027 * \text{Ano}$	0,53	0,0007**
P365	$Y = -436,903 + 0,3343 * \text{Ano}$	0,53	0,5298 <sup>ns</sup>
P450	$Y = 187,466 + 0,0407 * \text{Ano}$	0,0002	0,9563 <sup>ns</sup>
P550	$Y = 3578,10 - 1,6260 * \text{Ano}$	0,11	0,1633 <sup>ns</sup>
IPP	$Y = 281,616 - 0,1225 * \text{Ano}$	0,16	0,0215**
PAC	$Y = -347,738 - 0,1015 * \text{Ano}$	0,004	0,7902 <sup>ns</sup>
PE365	$Y = -145,943 + 0,0828 * \text{Ano}$	0,40	0,0206**
PE450	$Y = -233,122 + 0,1277 * \text{Ano}$	0,51	0,0040**
PG <sub>bez</sub>	$Y = 352,294 - 0,0283 * \text{Ano}$	0,02	0,5143 <sup>ns</sup>
PG <sub>vaca</sub>	$Y = 388,564 - 0,0468 * \text{Ano}$	0,04	0,4150 <sup>ns</sup>
STAY	$Y = -24,4597 + 0,0124 * \text{Ano}$	0,34	0,0006**

R<sup>2</sup>= coeficiente de determinação; \*\*Significativo a 1%; <sup>ns</sup>Não significativo; P120, P210, P365, P450 e P550: Pesos calculados às idades padrão de 120, 210, 365, 450 e 550 dias de idade, respectivamente (kg); IPP: Idade ao primeiro parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365 e PE450: Perímetro escrotal aos 365 e 450 dias de idade (cm); PG<sub>bez</sub> e PG<sub>vaca</sub>: Período de gestação para o bezerro e a vaca (dias); STAY: Habilidade de permanência.

Para as características reprodutivas IPP, PE365, PE450 e STAY, as tendências fenotípicas foram significativas ( $p < 0,05$ ) (Tabela 5). Nesse rebanho, a tendência fenotípica indicou uma redução em IPP de -0,1225 meses/ano (-3,76 meses/ano), equivalendo à cerca de 113,7 dias em 31 anos, assim, uma diminuição da idade ao primeiro parto é preferível para que as fêmeas dos rebanhos se tornem mais precoces. A tendência fenotípica teve melhores resultados que a genética, visto que houve perda (0,47

meses/ano, equivale a 14,1 dias), essa melhoria na tendência fenotípica pode estar relacionada à nutrição e controle sanitário/ambiental.

Os PE365 e PE450 tiveram um acréscimo fenotípico de 0,0828 e 0,1277 cm/ano, correspondendo a 0,99 e 1,66 cm em 12 e 13 anos, respectivamente. O maior ganho fenotípico foi para PE450, contudo o ganho genético para o PE365 foi maior. Ambas as características possuem certa influência ambiental e, ao melhorá-las, o perímetro escrotal tenderá a ter maiores respostas em centímetros.

O número de componentes principais definidos pelo critério de Kaiser (1958), foram dois (autovalores  $\geq 1$ ) (Tabela 6). Esses dois componentes reteram 66,20% da variação total entre os reprodutores com maior número de filhos. A variação total os componentes dependerá do número, tipo e como as variáveis inter-relacionam-se (Santos Da Silva et al., 2015).

**Tabela 6.** Componentes principais (CP), autovalores ( $\lambda_i$ ), a porcentagem da variância explicada pelos componentes (%) e a variância acumulada (%) das características de produção e reprodução em bovinos da raça Nelore.

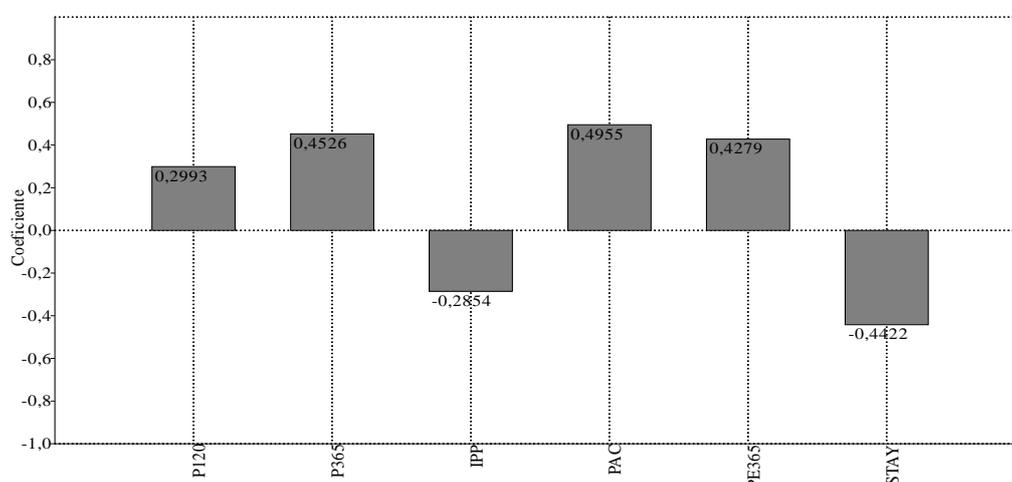
CPs	Autovalor ( $\lambda_i$ )	% da variância	% variância acumulada
CP1	<b>2,5054</b>	41,75	41,75
CP2	<b>1,4672</b>	24,45	66,20
CP3	0,8082	13,47	79,67
CP4	0,6869	11,45	91,12
CP5	0,2747	4,59	95,71
CP6	0,2577	4,29	100,00

O primeiro componente principal (CP1) explica 41,75% da variância e retém maior parte da variação entre os touros (Tabela 7 e Figura 11). Nesse CP1, nota-se um contraste entre as características PAC, P365, PE365 e P120, com os maiores coeficientes de ponderação (autovetores), e entre a STAY e IPP com autovetores elevados e negativos. Essa diferença demonstra que existem touros com altas DEPs para produtividade acumulada, bom crescimento pós-desmame e boa medida do perímetro escrotal, além da menor idade ao primeiro parto e menor tempo no rebanho. O comportamento das variáveis no CP1 demonstra que maioria dos touros possuem VGs superiores para várias características, e sua progênie pode responder à seleção favorável para características produtivas e de precocidade. O uso de touros com esse perfil seria interessante e o índice formado pelo CP1 foi nomeado como “índice de produtividade e precocidade”.

**Tabela 7.** Coeficientes de ponderação dos componentes principais retidos para as características, classificados em ordem de maior importância.

Característica	CP1	CP2
P120	0,2993	0,6543
P365	0,4526	0,4769
IPP	-0,2854	0,3183
PAC	0,4955	-0,1766
PE365	0,4279	-0,0760
STAY	-0,4422	0,4540

P120 e P365, Pesos calculados às idades padrão de 120 e 365 dias, respectivamente (kg); IPP: Idade ao primeiro parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365: Perímetro escrotal aos 365 dias (cm); STAY: Habilidade de permanência.



**Figura 11.** Gráfico dos pesos para as características de crescimento e reprodutivas no Componente Principal 1 para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.

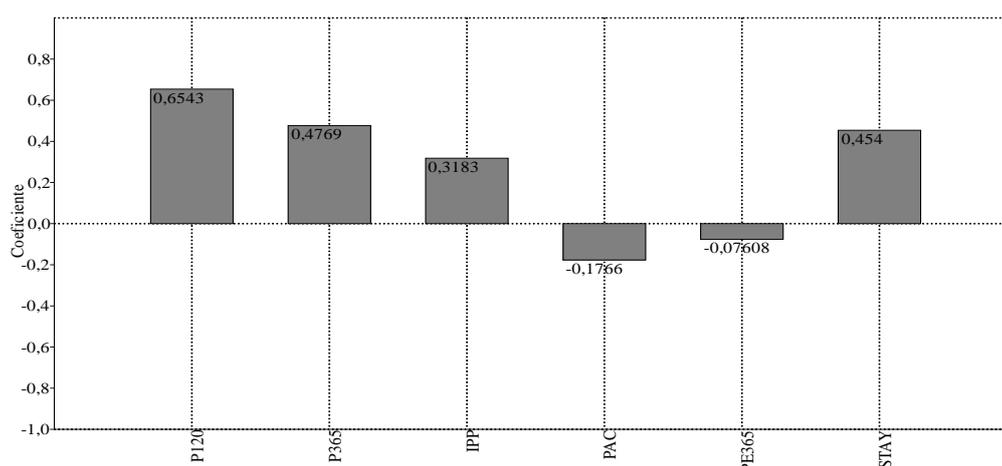
A PAC teve o coeficiente mais expressivo no CP1, assim os touros mais usados estariam transmitindo a suas filhas uma maior capacidade da fêmea em parir a uma menor idade, bem como desmamando bezerros mais pesados, acarretando maiores lucros econômicos e ganhos genéticos nas características de crescimento.

Em relação a precocidade do rebanho, o primeiro componente (CP1) expõe uma condição desejável, que os machos devam apresentar maiores medidas do perímetro escrotal e as fêmeas menor idade ao primeiro parto. Essa medida do perímetro escrotal auxilia na escolha dos reprodutores precoces, acarretando redução da IPP das filhas (pela correlação genética negativa). Adicionalmente, outra vantagem do PE como critério de seleção é pela facilidade da mensuração ocorrer em idade mais jovem do que IPP,

proporcionando melhorias nos índices reprodutivos das fêmeas aparentadas a esses reprodutores.

STAY apresentou coeficiente com baixo peso no CP1, indicando que os touros em maior uso, têm filhas que permaneceram pouco tempo no rebanho. Tal situação torna-se indesejável devido à elevação dos custos de produção decorrente do aumento na reposição de fêmeas. Por outro lado, aumentar demasiadamente o número de fêmeas jovens no rebanho irá causar uma baixa intensidade de seleção, levar à maiores intervalos entre gerações, visto que essas fêmeas costumam ter baixos índices de reprodutivos (Van Melis et al., 2007).

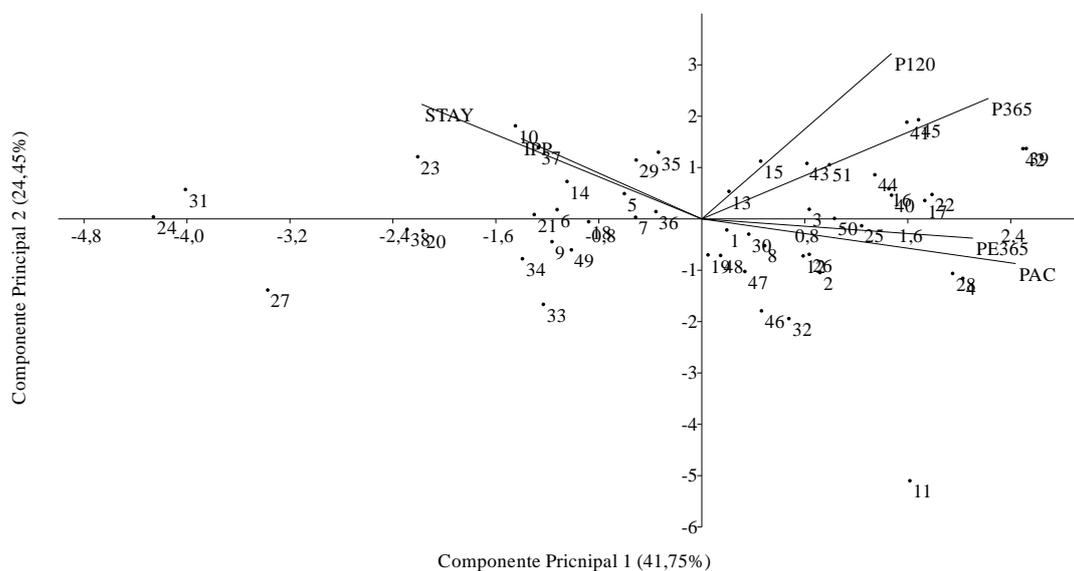
No segundo componente (CP2), explicando 24,45% da variação, as características com maior peso foram P120, P365, IPP e STAY, em contraste com PAC e PE365 com coeficientes negativos (Tabela 7 e Figura 12). O CP2 corresponde à metade da variação do primeiro componente, mesmo assim mostra que existem touros que transmitem maiores pesos, IPP e STAY e menores PAC e PE. Tal componente contribui para a identificação e seleção de animais que venham a resolver problemas específicos no rebanho, sejam produtivos ou reprodutivos. Com isso, indicar touros que venham a corrigir determinados defeitos no rebanho através do acasalamento, requer certa cautela, evitando gerar progênies desequilibradas e que prejudiquem a variabilidade genética (Costa Junior et al., 2017). Nesse contexto, o índice CP2 poderia ser chamado de “índice de crescimento e permanência”.



**Figura 12.** Gráfico dos pesos para as características de crescimento e reprodutivas no Componente Principal 2 para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.

A dispersão dos 51 touros, selecionados pelo maior número de filhos, em função dos dois primeiros componentes principais (Figura 13), permitiu identificar touros

específicos para as características produtivas e reprodutivas, bem como a relação entre as DEPs. Pode-se observar que os animais com maiores valores genéticos para os pesos, também os são para PE365 e PAC. Além disso, esses touros transmitem baixo IPP, porém tendem a produzir filhas que permanecem menos tempo no rebanho.



**Figura 13.** Biplot mostrando a projeção das variáveis nos dois primeiros componentes principais para os touros com maior número de filhos em animais da raça Nelore.

As características IPP, P120 e P365 no gráfico biplot (Figura 13) mostram, pela relação entre os vetores, correlações negativas e favoráveis. Assim, touros que produzem fêmeas com maior velocidade de crescimento, também levam a uma menor idade ao primeiro parto desses animais. Essa mesma relação favorável pode ser evidenciada em bovinos da raça Nelore, trazendo benefícios na fase de crescimento e precocidade das fêmeas do rebanho (Gressler et al., 2005; Vayego et al., 2008).

Entre IPP e PAC, observa-se o mesmo comportamento (Figura 13). Ao identificar animais que tenham elevada PAC e uma menor IPP, estaremos constituindo um rebanho de fêmeas com maior produção por quilo de bezerro desmamado, e que entre em reprodução mais jovem. Nessa condição, os índices reprodutivos das fêmeas e a produção de bezerros desmamados poderão ser melhorados (Eler et al., 2014; Grossi et al., 2008).

Avaliando o comportamento entre PAC e PE365, podem indicar que, na seleção para PAC, deve resultar em machos com maior perímetro escrotal aos 365 dias (Figura 3). Logo, o rebanho terá elevada produtividade com as melhores vacas para criar os bezerros e machos com boa reprodução. Segundo Moreira, F.S. et al. (2015), para

alcançar um bom desempenho produtivo na pecuária de corte, é necessário utilizar recursos genéticos adaptados que irão atender à exigência de mercado e econômica. Santana Jr et al. (2013) demonstram relação entre PAC e circunferência escrotal aos 365 dias, moderada e favorável, em animais da raça Nelore.

As relações entre PE365 e IPP demonstram vetores em direção contrária, indicam que a seleção direta para PE365 (machos) trará resultados indiretos e favoráveis no IPP nas fêmeas (Figura 13). Existe associação do perímetro escrotal com maiores níveis de hormônios gonadotróficos, contribuindo para a precocidade sexual nos machos, ao aumentar o perímetro escrotal em cm, e nas fêmeas que entram em reprodução mais jovens (Gressler et al., 2014).

A característica STAY indicou que a seleção para produção e reprodução pode diminuir o tempo de permanência do rebanho, tal fato pode ser explicado pelo tempo em que as vacas devem permanecer no rebanho, até seis anos para serem descartadas. De acordo com Maiwashe et al. (2009), esse período ainda não seria suficiente para estimar informações precisas do mérito genético de STAY. Assim, alguns autores relataram em animais da raça Nelore, valores baixos para essa associação entre STAY com os P120 e P365 (Silva et al., 2006; Rizzo et al., 2015); PE365 (Santana Jr et al., 2013; Van Melis et al., 2007) e IPP (Schmidt et al., 2017).

Os touros 22, 25, 39 e 44 destacaram-se no índice de produtividade e precocidade (CP1), por transmitirem suas progênes crescimento (P120 e P365), maiores PE365 e uma menor IPP (Tabela 8). Esses animais selecionados são geneticamente superiores, visto que são mais utilizados e possuem maior número de filhos no rebanho, assim, o uso desses animais objetiva aumentar o desempenho produtivo e a precocidade dos rebanhos Norte e Nordeste. Da mesma forma, Costa Junior et al. (2017) citam que, na escolha dos reprodutores, deve-se levar em consideração índices que venham atender os critérios de seleção para o crescimento, produtividade e precocidade sexual.

Os animais 10, 23 e 35, que são destaque para o índice de crescimento e permanência (CP2), possuem maiores valores genéticos para P120 e P365, e suas filhas permanecem mais tempo no rebanho (Tabela 8). A exemplo, o animal 10 possui os mais altos VGs para P120, P365 e STAY; tal reprodutor demonstra a seleção para o crescimento associada a permanência no rebanho, pois, para não gerar prejuízos, uma vaca deve dar retorno econômico compatível com os custos anteriores a sua criação (cria, recria e manutenção). Dentro de um programa de avaliação genética, as características de

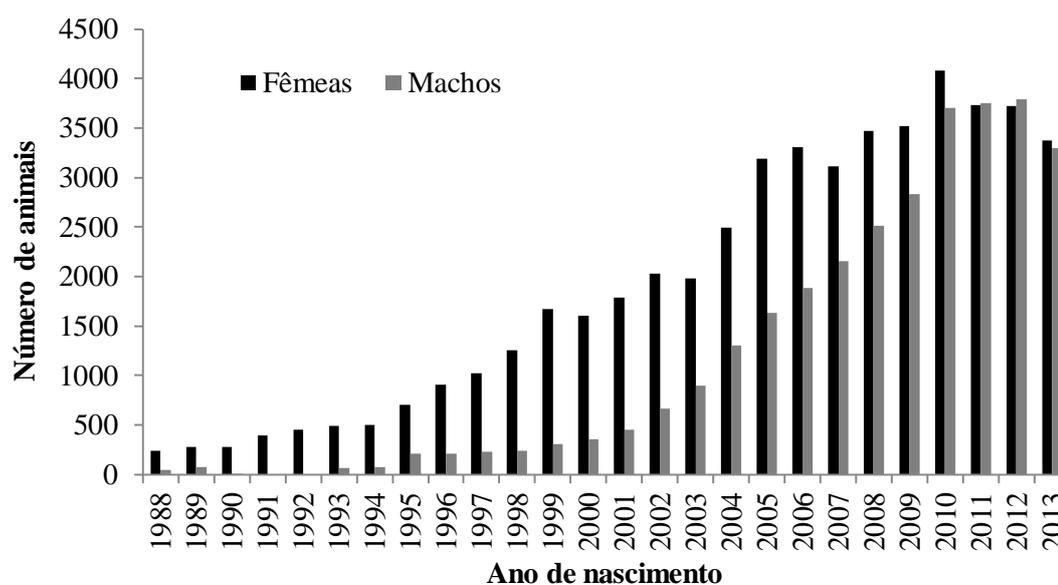
peso têm grande importância na formação dos índices, mais até que as características de conformação e reprodução (Costa Junior et al., 2017).

**Tabela 8.** Valores genéticos preditos dos touros da raça Nelore para as seis características avaliadas dentro dos dois CPs.

	P120	P365	IPP	PAC	PE365	STAY
CP1						
Animal						
22	6,7551	8,6914	-0,1893	7,3594	1,0413	-0,5028
25	3,8241	8,6479	-0,1129	6,3341	0,2398	-0,6775
39	7,3523	20,3442	-0,3103	11,3326	0,8987	-0,3046
44	6,5426	9,7062	-0,6626	3,0841	1,3200	-
CP2						
10	6,4615	5,0569	0,6143	-1,5536	-1,1245	0,1726
23	1,7259	2,0486	1,0088	-10,0636	0,2975	0,2853
35	3,2454	10,4034	1,3532	-1,1893	0,6061	-0,0487

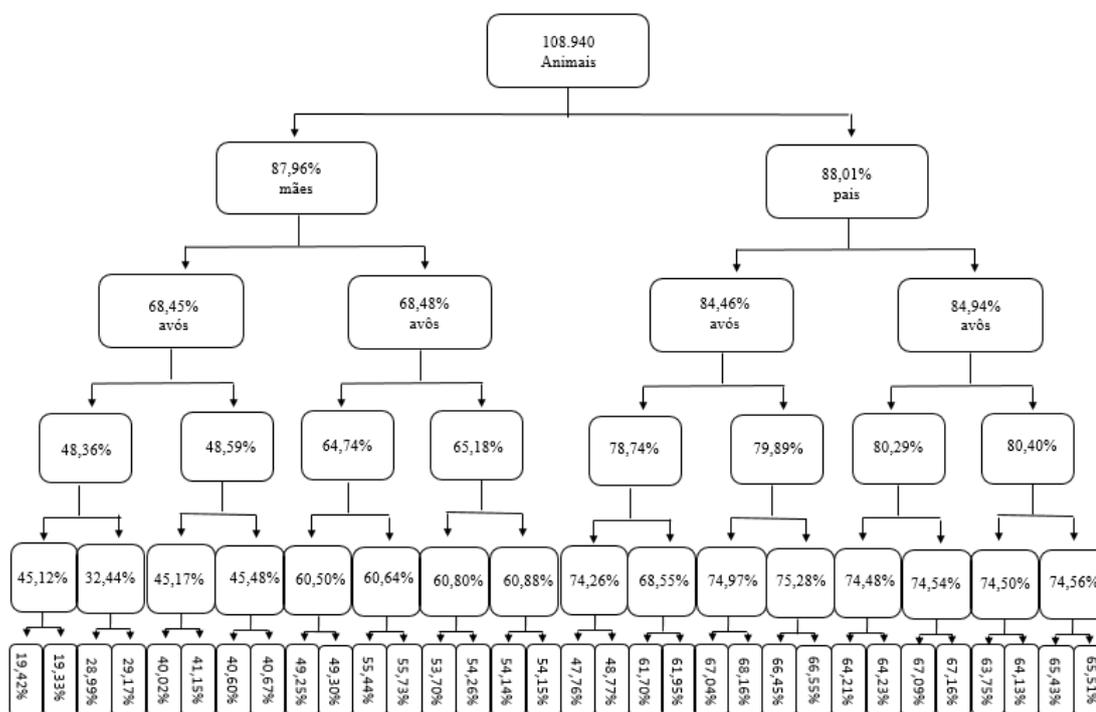
Valores genéticos dos animais nas características: P120 e P365, Pesos calculados às idades padrão de 120 e 365 dias, respectivamente (kg); IPP: Idade ao Primeiro Parto (meses); PAC: Produtividade acumulada em kg de bezerros desmamados por ano; PE365: Perímetro escrotal aos 365 dias (cm); STAY: Habilidade de Permanência.

O Programa Nelore Brasil (PMGRN) teve seu *pedigree* datado à partir de 1964, contudo, até o ano de 1987, as informações dos nascimentos eram de fêmeas, nos anos seguintes, os registros dos machos tornaram-se mais frequentes (Figura 14). Análogo a esse comportamento, Rezende et al. (2017) avaliaram um rebanho Nelore da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) e observaram que o elevado número nos registros das fêmeas estaria relacionado a alguns machos sem registro.



**Figura 14.** Registros de nascimento de fêmeas e machos do rebanho da Raça Nelore.

Dos 108.940 animais estudados, 87,99; 76,58; 68,27, 62,64, 52,98 % apresentaram *pedigree* nas cinco ascendência, respectivamente (Figura 15). Nesse rebanho, houve uma pequena perda de informação de uma geração parental para outra. Com isso, os primeiros registros genealógicos foram ausentes ou pouco informativos, visto que, inicialmente, em um programa de melhoramento detém animais que não possuem registro ou se sabe detalhes da geração parental, além disso, os animais eram importados de outros países. Dessa maneira, um *pedigree* com maiores perdas tendem a prejudicar na estimativa dos níveis endogâmicos e realizar eficientes acasalamentos. Maiores perdas entre as gerações de bovinos Nelore são observadas da primeira para a segunda geração parental (32,3%) (Malhado et al., 2010).



**Figura 15.** Integralidade do *Pedigree* dos animais até a quinta geração do rebanho da Raça Nelore.

A estimativa da integralidade do *pedigree* contribui para a estimativa de endogamia (F), pois quanto maior é o conhecimento da ascendência mais confiável o valor de F estimado para a população (Faria et al., 2010). Nesse sentido, encontrar valores baixos ou altos para a endogamia numa população, irá depender se a população passa por controles nos acasalamentos de animais aparentados ou pela falta de informações completas do *pedigree* (Malhado et al., 2010). Portanto, buscar estimativas mais precisas

e com o máximo de informações irá contribuir para a estruturação genética dos bovinos de corte da raça Nelore.

O número de animais fundadores (com um ou mais pais desconhecidos) foram 13.906 e os animais que tinham pelo menos um pai desconhecido (meio-fundadores) foram 13.091; tais valores correspondem a 12,76% e 12,01% da população total (Tabela 9). Esses valores percentuais demonstram o quanto é baixo o número de animais sem informação de pais, visto que a maioria desses animais faz parte dos primeiros anos do programa. Assim, um *pedigree* contendo ausência de informações em maior ou menor número, irá depender do rebanho em constituição genealógica/formação e, quanto maior o conhecimento do esse pedigree, mais confiáveis serão suas estimativas. Rezende et al. (2017) constataram um maior número de animais com ambos os pais desconhecidos, 25.587 animais, equivalendo a 27,93% do número total de animais, em um rebanho da raça Nelore pertencente a ABCZ na região Semiárida Nordestina.

**Tabela 9.** Parâmetros populacionais dos bovinos da raça Nelore.

Parâmetros populacionais	N
População total	108.940
Número de fundadores na população referência	13.906
Número efetivo de animais fundadores na população referência	85,92
Número de animais fundadores com um ou mais pais desconhecidos	13.906
Número equivalente de animais fundadores (um pai desconhecido)	13.091
Número de animais na população de referência	95.034
Número de ancestrais na população de referência	13.254
Número efetivo de ancestrais ( $f_a$ )	53
Número efetivo de fundadores ( $f_e$ )	66
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade	32

N: Número de animais

O número efetivo de fundadores ( $f_e = 66$ ) e de ancestrais ( $f_a = 53$ ) foram próximos (Tabela 9), sugerindo que os animais fundadores colaboraram efetivamente para a composição do rebanho. Quando os valores de  $f_e$  e  $f_a$  são iguais, pode-se afirmar que os animais contribuíram para formação da raça/variedade e atuam efetivamente no rebanho. No entanto, de acordo com Barros et al. (2011), o ideal é que o número de animais efetivos seja mais próximos do tamanho da população fundadora, o que não é observado nesse estudo. Contudo, os valores de  $f_e$  e/ou  $f_a$  podem ser considerados baixos. O baixo número efetivo pode ser pelo maior uso de poucos indivíduos, ou o fato de alguns indivíduos apresentarem um maior número de descendentes (Barbosa et al., 2013).

A razão  $f_e/f_a$  observada no presente estudo foi de 1,24, caracterizando um efeito gargalo. Esse efeito está associado ao uso de poucos animais ou famílias de touros na

reprodução, o que resultam em uma estreita base genética. O efeito gargalo leva a perda de alelos na população, conduzindo ao incremento da endogamia e, por conseguinte, reduzindo a variabilidade genética original (Barbosa et al., 2013). Barbosa et al. (2013) e Rezende et al. (2017) estimaram valores superiores para a razão (1,81 e 1,99, respectivamente) em bovinos da raça Nelore, o que vem a confirmar perdas na variabilidade genética na população base.

O número de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade foram 32 animais (Tabela 9). Essa variabilidade é reflexo dos baixos valores do número efetivo de animais fundadores e ancestrais, além do uso preferencial de certos touros, o que pode diminuir a variabilidade genética. Um baixo número de ancestrais na estimativa dos 50% da variabilidade também reflete que a formação desse rebanho tenha uma estreita base genética, e que poucos animais explicam mais de 50% da variabilidade dos genes nessa população. Dessa forma, diferentes valores são mencionados e esperados para o número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade, pois cada rebanho possui uma determinada constituição genética.

A exemplo, em animais Nelore, o número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade foi de 521, 414 e 450 animais, por Barbosa et al. (2013), Malhado et al. (2008a) e Rezende et al. (2017), respectivamente. A variabilidade genética desempenha papel importante nas características produtivas e reprodutivas. Dentre elas, a resposta à seleção, pois, em condição de intensa seleção, a variação genética reduz, provocando menor resposta no desempenho e, em longo prazo, aumenta-se a ocorrência dos efeitos indesejáveis (Faria et al., 2006). Por outro lado, em populações sob conservação, a variabilidade é importante como fonte de alelos, caso a população esteja sofrendo deriva genética, mudanças climáticas ou intensificação para um sistema de produção (Toro et al., 2011). Com isso, variabilidade em um rebanho bovino é sempre desejável, seja para elevar a produção e fertilidade, como também manter a condição adaptativa dos animais.

Para os três tipos de gerações, os incrementos da endogamia foram inferiores a 1% (Tabela 10), evidenciando que o maior conhecimento do *pedigree* promove estimativas mais acuradas da endogamia. Em bovinos da raça Nelore, Santana Jr et al. (2010) sugeriram que o coeficiente de endogamia estaria subestimado devido à falta de informação no *pedigree*. O maior conhecimento das gerações ascendentes implicará uma genealogia mais esclarecedora e, com isso, os programas de melhoramento terão estimativas dos parâmetros populacionais mais precisas (Malhado et al., 2010).

**Tabela 10.** Número médio de gerações traçadas, incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração.

Tipos de gerações	Número médio	$\Delta F(\%)$	$N_e$
Completa <sup>1</sup>	2,27	0,66	75,21
Máxima <sup>2</sup>	10,17	0,11	473,16
Equivalentes <sup>3</sup>	4,45	0,37	136,25

<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 número máximo de gerações foi estimado até a vigésima segunda geração. Os valores do coeficiente de endogamia ( $F$ ) e dos percentuais de indivíduos endogâmicos ( $End\%$ ) foram crescentes até a décima sétima geração e, após essa geração, houve uma redução nos valores (Tabela 11). O aumento nas porcentagens de  $F$  e  $End\%$  ressalta a importância de conhecer o maior número de gerações de um indivíduo, o que irá aumentar a possibilidade de um ancestral importante ser contabilizado no *pedigree*. Em contrapartida, a média de  $F$  para animais endogâmicos ( $FEnd\%$ ) diminuiu de forma considerável após a terceira geração, evidenciando duas possibilidades: a escolha cuidadosa dos reprodutores evitando os efeitos da depressão endogâmica em longo prazo, ou mesmo a falta de informações nas primeiras gerações, como também ressaltado por Sabbioni et al. (2007).

O valor do coeficiente de relação médio ( $CR$ ) apresentou valores de 0,01% a 2,91%, que variaram entre a primeira e a vigésima segunda geração (Tabela 11). Esse parâmetro pode ser usado para orientar na escolha dos touros. O  $CR$  mais alto indica que os animais são mais aparentados, assim os mais indicados teriam menores  $CR$ , evitando-se o aumento da endogamia no rebanho. Dessa forma, em algumas gerações, os reprodutores foram utilizados de maneira intensiva, contudo, a partir da décima oitava geração, o coeficiente diminuiu. A redução do  $CR$  nas gerações contribui para a diminuição da expressão de alelos deletérios indesejáveis, pois se manifestam em homozigose recessiva, principalmente quando se eleva os níveis de endogamia.

**Tabela 11.** Coeficiente de endogamia (F%), porcentagem de indivíduos endogâmicos (End%), média de F para animais endogâmicos (FEnd%), coeficiente de relação médio (CR%) e tamanho efetivo (Ne), nas gerações máximas para a raça Nelore.

Geração	Nº de animais	F (%)	End (%)	FEnd (%)	CR (%)	Ne
0	12.276	0,00	-	-	0,01	-
1	2.549	0,00	-	-	0,32	-
2	1.995	1,30	7,12	18,22	1,27	38,5
3	1.977	1,63	16,19	10,05	1,33	149,7
4	2.081	1,33	17,68	7,52	1,54	-
5	2.098	1,42	25,36	5,58	1,75	-
6	2.019	1,83	39,87	4,60	2,02	237,5
7	2135	1,69	45,95	3,67	2,32	-
8	2.985	1,36	48,54	2,80	2,59	-
9	4.075	1,15	51,24	2,25	2,65	-
10	7.237	1,25	58,75	2,13	2,84	-
11	9.248	1,38	64,93	2,13	2,71	-
12	12.860	1,61	77,79	2,06	2,86	-
13	13.731	1,83	85,12	2,15	2,88	-
14	12.111	2,01	89,22	2,26	2,78	270,7
15	10.021	2,06	91,43	2,25	2,73	1.071,0
16	5.491	2,06	94,26	2,76	2,76	-
17	1.987	2,24	95,42	2,35	2,91	272,6
18	486	1,61	94,86	1,70	2,55	-
19	226	1,38	95,58	1,44	2,47	-
20	865	0,91	87,17	1,05	2,38	-
21	388	1,41	87,73	1,71	2,49	-
22	95	1,58	82,11	1,92	2,49	-

(-) Número não estimado.

Nas gerações completas, constata-se um aumento do F e da porcentagem de indivíduos endogâmicos (End %), contudo a média de End % diminuiu de 10,05% para 4,60%, da terceira para a sexta geração (Tabela 12). O controle dos acasalamentos entre animais aparentados é de suma importância, e tem sido evidenciado em outros rebanhos, principalmente, para manter os baixos níveis de endogamia (Amaral et al., 2011).

Em animais Nelore na Bahia, Malhado et al. (2008a) encontraram um aumento no coeficiente de endogamia médio, de 0,8% para 1,57% da segunda a sétima geração, e diminuição na média de F para os animais endogâmicos, de 16,76%, nas mesmas gerações. Avaliando a mesma raça, Rezende et al. (2017) observaram que o coeficiente de endogamia médio e a porcentagem de indivíduos endogâmicos sofreram incremento gradativo até a sexta geração. O principal objetivo em controlar os níveis de endogamia nos rebanhos é evitar os prejuízos que podem causar aos índices zootécnicos dos bovinos, como a diminuindo a fertilidade (Falcão et al., 2001) e redução do ganho de peso (Queiroz

et al., 2000), o que pode levar a depressão por endogamia nas características (Swalve et al., 2003).

**Tabela 12.** Coeficiente de endogamia (F%), porcentagem de indivíduos endogâmicos (End %), média de F para animais endogâmicos (FEnd%), coeficiente de relação médio (CR%) e tamanho efetivo (Ne), nas gerações completas para a raça Nelore.

Geração	Nº de animais	F (%)	End (%)	FEnd (%)	CR (%)	Ne
0	13.906	0,00	-	-	0,09	-
1	23.457	0,20	5,30	-	1,59	249,2
2	24.151	1,60	81,92	18,22	2,52	35,6
3	21.836	2,23	95,83	10,05	3,01	78,5
4	18.609	2,56	99,81	7,52	3,25	145,7
5	6.715	2,69	99,97	5,58	3,39	382,9
6	266	2,84	100	4,60	3,51	336,5

(-) Número não estimado.

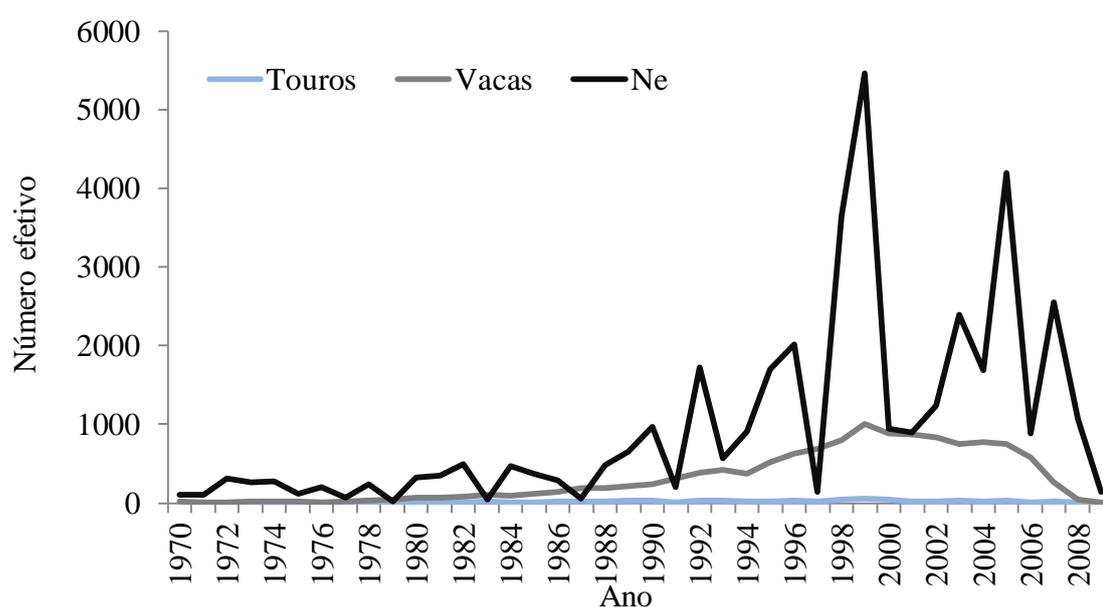
O tamanho efetivo da população (Ne) teve uma tendência crescente nas seis gerações, sendo a menor estimativa na segunda geração (Tabela 12). Com isso, o aumento no Ne à partir da quarta geração pode ser explicado pela introdução de novos animais, pelo aumento do número de animais avaliados e/ou registrados e da maior oferta de reprodutores, além da intensificação do uso da inseminação artificial. Outro fator que tende a causar mudanças no Ne é a relação dos animais machos e fêmeas (1:1), em que deve-se evitar o uso de poucos machos para um maior número de fêmeas, assim, aumentando a possibilidade de explorar acasalamentos com maior variabilidade.

O Ne avaliado entre os anos de 1970 a 2009 possui baixos valores até a década de 80 e, após esse período, o Ne do rebanho aumentou (Figura 16). O aumento do Ne pode ser explicado pela elevação no número de animais (para ambos os sexos) avaliados pelo programa PMGRN, o que resulta em aumento da variabilidade e diminuição dos acasalamentos mais aparentados. Além do maior uso de biotecnologias, como a inseminação artificial (IA), que intensificaram a taxa de concepção e parição, elevando as taxas reprodutivas. Outra vantagem da IA é possibilidade de introdução da variabilidade genética nos rebanhos, pela escolha de diferentes reprodutores, como pais da próxima geração.

Em animais Nelore, Vozzi et al. (2006) verificaram que touros como Karvadi IMP., Taj Mahal IMP. e Godhavari IMP., foram considerados touros que mais participaram da genealogia dos animais da raça Nelore, concentrando, no rebanho, alelos de animais específicos ou certas famílias. Dentre as estratégias para elevar o número de

animais efetivos e evitar o uso intensivo de alguns touros, pode-se fazer uso de sêmen de touros mais provados em uma parte do rebanho, e na outra usar touros jovens com menor acurácia e menor valor do sêmen. Assim, esse rebanho terá uma maior variabilidade genética, aliada ao menor custo econômico.

O  $N_e$ , por ser um parâmetro que possibilita avaliar a taxa de endogamia e a perda da variabilidade genética na população, demonstra importância nos programas de melhoramento para acompanhar as raças e monitorar os acasalamentos, pois as populações com  $N_e$  pequenos tendem a sofrer deriva genética, reduzindo a variação genética (Parland et al., 2007; Groeneveld et al., 2010).



**Figura 16.** Tamanho efetivo, número de touros e vacas nos anos de 1970 a 2009 em bovinos da raça Nelore.

De acordo Malhado et al. (2008), a intensidade de seleção e o tamanho efetivo são antagônicos, assim, ao praticar alta intensidade de seleção, o tamanho efetivo é reduzido. Com isso, ao rebanho que passa por seleção buscando ganhos genéticos, faz-se necessário reduzir intervalo de geração, aumentar o tamanho efetivo e controlar o uso de reprodutores avaliados, evitando acasalamentos entre animais aparentados (Amaral et al., 2011). Valores muito baixos para o  $N_e$  podem promover uma redução no valor adaptativo da população Meuwissen & Woolliam (1994), ocasionando a depressão endogâmica nas gerações futuras.

## V- CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade direta para as características de crescimento e reprodutivas demonstram variabilidade genética em Nelores das regiões Norte e Nordeste do Brasil, sendo favoráveis a ganho genético, via seleção para peso, precocidade e longevidade. No entanto, a seleção realizada pelo programa de melhoramento durante os anos avaliados demonstram pequenos ganhos genéticos, sendo que os ganhos fenotípicos têm apresentado transformações positivas, principalmente, devido a melhorias ambientais.

Através da análise multivariada, foi possível combinar as características produtivas e reprodutivas em índices que permitem identificar os melhores genótipos. Assim, o uso desses índices como critérios de seleção favorecerá no direcionamento e tomada de decisões práticas, a fim de possibilitar ganhos por seleção.

O coeficiente de endogamia dessa população está subestimado pela falta de informações nas gerações mais antigas, contudo, devido os número de ancestrais e fundadores, confirmam que houve uma base genética estreita na formação do rebanho da raça Nelore da região Norte e Nordeste.

## VI - REFERÊNCIAS

- AMARAL, R. D. S.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; FALLEIRO, V. B.; AMBROSINI, D. P. Parâmetros Populacionais do Rebanho Nelore Mocho Registrado no Nordeste Brasileiro. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 54-57, 2011.
- ARAÚJO, C. V. D.; LÔBO, R. B.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MOUSQUER, C. J.; LAUREANO, M. M. M.; BITTENCOURT, T. C. B. D. S.; ARAÚJO, S. I. Estimates of genetic parameters of growth traits of Nelore cattle in the Midwest region of Brazil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 4, p. 846-853, 2014.
- BARBOSA, A. C. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MUNIZ, L. M. S.; AMBROSINI, D. P.; CARRILLO, J. A.; MARTINS-FILHO, R. Population structure of Nelore cattle in northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 42, n. 9, p. 639-644, 2013.
- BARBOSA, A. C. B.; OLIVEIRA, I. R.; MALHADO, A. C. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. Genetic improvement of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil. **Acta Scientiarum. Animal Sciences**, v. 37, n. 4, p. 429-435, 2015.
- BARROS, E.; RIBEIRO, M.; ALMEIDA, M.; ARAÚJO, A. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de zootecnia**, v. 60, n. 231, p. 543-552, 2011.
- CHUD, T. C. S.; CAETANO, S. L.; BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; GUIDOLIN, D. G. F.; NASCIMENTO, G. B.; ROSA, J. O.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nelore beef cattle. **Livestock Science**, v. 170, p. 16-21, 2014.
- COSTA JUNIOR, J. L.; MALHADO, C. H. M.; REZENDE, M. P. G.; WENCESLAU, A. A.; CARNEIRO, P. L. S. Index proposal for Nelore bulls classification using traits groups of weight, carcass and reproductive. **Acta Veterinaria Brasilica**, v. 11, n. 1, p. 06-13, 2017.
- CUCCO, D. D. C. **Estimativa e parâmetros genéticos para características de crescimento e perímetro escrotal na raça Pardo Suíço Corte**. 2008. 105 f. Dissertação (Área de Concentração Qualidade e Produtividade Animal) -Universidade de São Paulo, 2008.
- ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; SANTANA, M. L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, v. 82, n. 5, p. 708-714, 2014.

ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; BALIEIRO, J. C. C.; MATTOS, E. C. Genetic analysis of average annual productivity of Nelore breeding cows (COWPROD). **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 1, p. 234-242, 2008.

FALCÃO, A. J. D. S.; MARTINS FILHO, R.; MAGNABOSCO, C. D. U.; BOZZI, R.; LIMA, F. D. A. M. Effects of inbreeding on reproductive and growth traits, and breeding values in a closed Brown Swiss herd. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 1, p. 83-92, 2001.

FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 126, n. 2, p. 148-153, 2009.

FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Genetic structure of the registered polled gir breed in Brazil. **Bol. ind. anim**, p. 135-141, 2006.

FARIA, L. C.; DE QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; DE ULHÔA MAGNABOSCO, C.; DE OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 10, p. 1133-1140, 2010.

FERREIRA, J. L.; LOPES, F. B.; DE ASSIS, A. S.; LÔBO, R. B. Climatic spatialization and analyses of longitudinal data of beef cattle Nelore raising Maranhão, Pará and Tocantins using univariate and multivariate approach. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 4, p. 2197-2210, 2014.

FRANCO, G. L.; FARIA, F. J. C.; D'OLIVEIRA, M. C. Interação entre nutrição e reprodução em vacas de corte. **Informe Agropecuário, Belo Horizonte**, v. 37, n. 292, p. 36-53, 2016.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to calculating posterior moments. **Bayesian Statistics**, v. 4, 1992.

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics.**: New York: SpringerVerlag, 2002. 740 p.

GONÇALVES, F. M.; PIRES, A. V.; PEREIRA, I. G.; GARCIA, D. A.; FARAH, M. M.; MEIRA, C. T.; CRUZ, V. A. R. Avaliação genética para peso corporal em um rebanho Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, 2011.

GRESSLER, M. G. M.; PEREIRA, J. C. C.; BERGMANN, J. A. G.; ANDRADE, V. J.; PAULINO, M. F.; GRESSLER, S. L. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Arq Bras Med Vet Zootec**, v. 57, n. 4, p. 533-538, 2005.

GRESSLER, S. L.; GRESSLER, M. G.; BERGMANN, J. A. Fatores ambientes e estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal na raça Nelore. **Arq. bras. med. vet. zootec**, v. 66, n. 4, p. 986-994, 2014.

GROENEVELD, L. F.; LENSTRA, J. A.; EDING, H.; TORO, M. A.; SCHERF, B.; PILLING, D.; NEGRINI, R.; FINLAY, E. K.; JIANLIN, H.; GROENEVELD, E. Genetic diversity in farm animals—a review. **Animal Genetics**, v. 41, n. s1, p. 6-31, 2010.

GROSSI, D. D. A.; BERTON, M. P.; BUZANSKAS, M. E.; CHUD, T. C. S.; GRUPIONI, N. V.; DE PAZ, C. C. P.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Genetic analysis on accumulated productivity and calving intervals in Nelore cattle. **Tropical animal health and production**, v. 48, n. 1, p. 207-210, 2016.

GUIMARÃES, N. **Parâmetros genéticos de caracteres quantitativos relacionados à produtividade de rebanhos selecionados da raça Nelore**. 2016. 83 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) -UFG, Escola de Veterinária e Zootecnia, Goiânia,GO, 2016.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 3, p. 172-176, 2005.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. Paleontological statistics software: Package for education and data analysis. **Palaeontologia Electronica**, n. 4, 2001.

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, n. 202, 2004.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, n. 3, p. 187-200, 1958.

LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo biology**, v. 8, n. 2, p. 111-123, 1989.

LIRA, T. S. D.; DE SOUSA PEREIRA, L.; LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LÔBO, R. B.; DE JESUS SANTOS, G. C. Tendências genéticas para características de crescimento

em rebanhos Nelore criados na região do Trópico Úmido do Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 23-31, 2013.

LOPES, F. B.; FERREIRA, J. L.; LOBO, R. B.; ROSA, G. J. M. Bayesian analyses of genetic parameters for growth traits in Nelore cattle raised on pasture. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 16, n. 3, 2017.

LOPES, F. B.; MAGNABOSCO, C. U.; PAULINI, F.; DA SILVA, M. C.; MIYAGI, E. S.; LÔBO, R. B. Genetic analysis of growth traits in polled Nelore cattle raised on pasture in tropical region using Bayesian approaches. **PLoS One**, v. 8, n. 9, p. e75423, 2013a.

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

MAIWASHE, A.; NEPHAWE, K. A.; THERON, H. E. Analysis of stayability in South African Angus cattle using a threshold model. **South African Journal of Animal Science**, v. 39, n. 1, p. 55-60, 2009.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R.; LADLE, R. J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 10, p. 1109-1116, 2010.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PEREIRA, D. G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1163-1169, 2008a.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305, 1992.

MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 7-8, p. 1019-1026, 1994.

MISZTAL, I. BLUPF90 family of programs. 2017. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/html/projects/programs/>>. Acesso em: [17 nov de 2017].

MOREIRA, F. S.; OLIVEIRA, M. M. N. F.; VILLELA, S. D. J.; BARBOSA, F. A.; MOURTHÉ, M. H. F.; DINIZ, F. B. Desempenho produtivo e econômico de três grupos genéticos de bovinos recriados a pasto com suplementação e terminados em confinamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 67, n. 1, p. 140-148, 2015.

MOREIRA, H. L.; BUZANSKAS, M. E.; MUNARI, D. P.; CANOVA, É. B.; LÔBO, R. B.; PAZ, C. C. P. D. Reproductive traits selection in Nelore beef cattle. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 39, n. 4, p. 355-362, 2015a.

MOREIRA, H. L.; CANOVA, É. B.; MUNARI, D. P.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; DE PAZ, C. C. P. Parâmetros genéticos para período de gestação e características de crescimento pré e pós desmame em bovinos Nelore. **Boletim de Indústria Animal**, v. 72, n. 2, p. 130-135, 2015b.

MRODE, R. A. **Linear models for the prediction of animal breeding values**. 2 ed. Wallingford: CAB Internacional, 2005. 386 p.

PARLAND, S. M.; KEARNEY, J. F.; RATH, M.; BERRY, D. P. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal of animal science**, v. 85, n. 2, p. 322-331, 2007.

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

R. CORE TEAM (2017). R: A language and environment for statistical computing .R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2017. Disponível em: < URL <https://www.R-project.org/> >.

REZENDE, M. P. G.; CONDE, E. A. S. L.; BORGES, A. C.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. ESTRUTURA POPULACIONAL DO REBANHO NELORE CRIADO NO SEMIÁRIDO DO NORDESTE BRASILEIRO. **Ciência Animal Brasileira**, v. 18, 2017. Disponível em: < <http://10.1590/1809-6891v18e-38048> >.

RIZZO, E. C. A.; NETO, F. R. A.; DIAZ, I. D. P. S.; DIAS, M. M.; COSTA, R. B.; VENTURA, H. T.; OLIVEIRA, H. N.; FALCÃO, A. J. S. Genetic association of productive and reproductive traits with stayability in Nellore cattle: analysis using Bayesian models. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 4, p. 14956-14966, 2015.

ROSO, V. M.; SCHENKEL, F. S. AMC-a computer programme to assess the degree of connectedness among contemporary groups. In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006 Instituto Prociência, p. 27-26.

SABBIONI, A.; VALENTINO, B.; FRANCESCA, T. M.; PAOLA, S. Genetic variability and population structure in the italian haflinger horse from pediGree analysis1. **Ann. Fac. Medic. Vet. di Parma**, v. 27, p. 199-210, 2007.

SANTANA JR, M. L.; ELER, J. P.; CUCCO, D. C.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. Genetic associations between hip height, body conformation scores, and pregnancy probability at 14 months in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 154, n. 1, p. 13-18, 2013.

SANTANA JR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; GROENEVELD, E.; FERRAZ, J. B. S. Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nelore cattle in Brazil. **Livestock Science**, v. 131, n. 2, p. 212-217, 2010.

SANTOS DA SILVA, M.; SHIOTSUKI, L.; LÔBO, R. N. B.; FACÓ, O. Principal component analysis for evaluating a ranking method used in the performance testing in sheep of Morada Nova breed. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 6, 2015.

SAS. Statistical Analysis System user's guide. Cary: SAS Institute. Version 9.1, 2002.

SCHMIDT, P. I.; CAMPOS, G. S.; LÔBO, R. B.; SOUZA, F. R. P.; BRAUNER, C. C.; BOLIGON, A. A. Genetic analysis of age at first calving, accumulated productivity, stayability and mature weight of Nelore females. **Theriogenology**, 2017.

SENA, J. D. S. D. S.; DE SOUSA MATOS, A.; RIGHETTI, C.; MARCONDES, L. A. F. B.; LÔBO, R. B. Parâmetros genéticos, tendências e resposta à seleção de características produtivas da raça Nelore na Amazônia Legal. 2013.

SILVA, J. A. I. V.; FORMIGONI, I. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning weight in Nelore cattle. **Livestock Science**, v. 99, n. 1, p. 51-59, 2006.

SMITH, B. J. Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC. **R package version**, v. 1, n. 5, 2005.

SWALVE, H. H.; ROSNER, F.; WEMHEUER, W. Inbreeding in the German Holstein cow population. In: Proc. 54th Annual Meeting of Eur. Assoc. Anim. Prod., Rome, Italy, 2003, p. 17.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, H. N.; ROSA, G. J. M.; SILVA, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S.; PEREIRA, E. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of animal science**, v. 85, n. 7, p. 1780-1786, 2007.

VAYEGO, S. A.; DIONELLO, N. J. L.; FIGUEIREDO, E. A. P. D. Estimates of genetic parameters and trends for performance traits in paternal broiler lineages under selection. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. 7, p. 1230-1235, 2008.

VOZZI, P. A.; MARCONDES, C. R.; MAGNABOSCO, C. D. U.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, n. 3, p. 482-485, 2006.