



**HISTÓRICO E MELHORAMENTO DAS RAÇAS
CHAROLÊS E LIMOUSIN NA ITÁLIA**

MARCOS PAULO GONÇALVES DE REZENDE

2019



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

**HISTÓRICO E MELHORAMENTO DAS RAÇAS
CHAROLÊS E LIMOUSIN NA ITÁLIA**

Autor: Marcos Paulo Gonçalves de Rezende
Orientador: Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Fevereiro – 2019

MARCOS PAULO GONÇALVES DE REZENDE

**HISTÓRICO E MELHORAMENTO DAS RAÇAS CHAROLÊS E
LIMOUSIN NA ITÁLIA**

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

Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

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

ITAPETINGA

BAHIA – BRASIL

Fevereiro - 2019

636.21 Rezende, Marcos Paulo Gonçalves de.
R357h Histórico e melhoramento das raças Charolês e Limousin na Itália. / Marcos Paulo Gonçalves de Rezende. – Itapetinga-BA: UESB, 2019.

77f.

Tese apresentada como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Zootecnia, pelo 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. Raças Charolês – Histórico – Melhoramento genético. 2. Raças Limousin – Histórico – Melhoramento genético. 3. Bovinos – História – Itália. 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. Raças Charolês – Histórico – Melhoramento genético
2. Raças Limousin – Histórico – Melhoramento genético
3. Bovinos – História – Itália

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: "Histórico e Melhoramento das raças Charolês e Limousin na Itália"

Autor (a): Marcos Paulo Gonçalves de Rezende

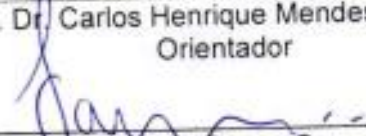
Orientador (a): Carlos Henrique Mendes Malhado

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

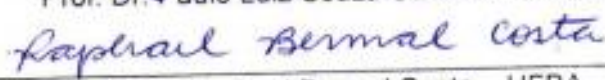
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:



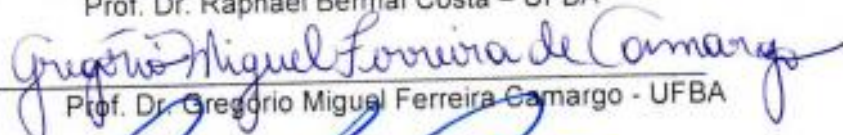
Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado – UESB
Orientador



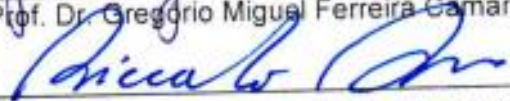
Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB



Prof. Dr. Raphael Bermal Costa – UFBA



Prof. Dr. Gregório Miguel Ferreira Camargo - UFBA



Prof. Dr. Ricardo Bozzi – UNIFI/Itália

Data de realização: 18 de fevereiro de 2019.

Eu dedico esta tese em especial ao meu pai Lúcio (*in memoriam*), minha mãe Amélia e minha filha Yasmin.

DEDICAÇÃO



AGRADECIMENTOS

Inicialmente, gostaria de agradecer a Deus e a minha mãe Amélia Gonçalves de Rezende, aos meus irmãos Adriano Gonçalves de Rezende, a Andressa Gonçalves de Rezende e a Viviane Gonçalves de Rezende. Agradeço a Jaqueline Silva Lima pelo maior presente que ela me deu (filha Yasmin Silva de Rezende) e pela sua compreensão e dedicação. Meus orientadores e grandes amigos Ph.D. Carlos Henrique Mendes Malhado e Ph.D. Paulo Luiz Souza Carneiro que me deu todas as condições físicas, psicológicas e metodológicas para que eu pudesse fazer o doutorado.

Meus professores co-orientadores e grandes amigos estrangeiros Ph.D. Riccardo Bozzi e Ph.D. Stefano Biffani, que me recebeu de braços abertos na Itália, contribuindo muito para o meu desenvolvimento. Agradeço a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), Universidade de Firenze (UNIFI) e Associazione Nazionale Allevatori delle Razze Bovino Charolaise e Limousine (ANACLI).

Durante essa trajetória, tive a oportunidade de conhecer e trabalhar com várias pessoas, principalmente Ph.D. Julio Cesar de Souza, Mestre Israel Luz Cardoso, e Mestre Nicacia Monteiro de Oliveira, que me ajudaram em meus primeiros passos na Universidade. Logo depois, Doutor Urbano Gomes Pinto Abreu, Ph.D. Sandra Aparecida dos Santos, Ph.D. André Jullians Ferraz, o doutor Marcelo Motta e o mestre Leonardo Sitorsky também acreditaram no meu trabalho.

Relato também outras pessoas que contribuíram muito nessa jornada, como: Mestre Michaela Scharnreithner, Geovane Gonçalves Ramires, Guilherme Kinjo, André Gaban, Leandro Gomes, Matheus Vidal, Gabriel Chaves de Figueiredo, Joanderson Oliveira, Diego da Hora Souto, Marcelo Cervini, Iomar Ramos, André Campelo, Jarbas Corrêa, Bárbara Machado, Fernando Barreto, Alexandre Feistauer, Bruna Gardenal Fino, Dicer Ferreira Luz, Rosana Silva Moreira, Bruno Kleyton Rezende Ferreira, Marisa Silva Bastos e Renato Rezende.

Meus amigos que estão presentes na minha vida, especialmente Tiago Macedo dos Santos, Tcharlly dos Santos, Wesley Maeshiro, Grasielle Alves, Fabiane Cardoso,

Geirlane Pereira de Cerqueira e Luciano Frost. Meu primo Rafael de Oliveira e minhas tias Madalena Oliveira, Marli Oliveira e Sônia Maciel de Rezende pelo apoio.

BIOGRAFIA

Marcos Paulo Gonçalves de Rezende, filho de Maria Amélia Gonçalves de Rezende e Lindomar Lúcio Maciel de Rezende, nasceu em 11 de janeiro de 1988 em Campo Grande (MS). Em 2009 ingressou na Universidade Federal do Mato Grosso do Sul (Biologia) e no ano seguinte na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (Zootecnia). Em 2014, iniciou mestrado em Zootecnia na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, desenvolvendo trabalhos na área de morfofuncionalidade animal com foco em equídeos. Em 2015 iniciou Doutorado em Zootecnia na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, desenvolvendo pesquisas em Genética e Melhoramento Animal em parceria com a Universidade de Firenze (Itália). Especialista em programação e análise de dados, morfofuncionalidade, biomecânica, fisiologia e melhoramento genético animal. Experiência na criação sustentável de bovinos, equídeos, búfalos e ovinos. Trabalha com linguagens de programação R, HARBOUR e SAS. Experiência em manipulação de dados usando SAS, FOXPROX e R, e análises univariados/multivariados e construções de gráficos usando Software PAST, GENES, SAS e R. Competência técnica para avaliações genéticas com uso de Inferência Bayesiana (GIBBS / pacotes de Misztal); estimação de single e multiple-trait models (componentes de variância e cálculos de DEPs) usando BLUP, PESTF90, REMLF90, BLUPF90, AIREMLF90, VCE6 e MTDFREML; avaliação de IGA usando Normas de Reação (INTERGEN); conectividade de rebanhos (AMCW1); estrutura genética populacional (ENDOG e PEDIG); cálculo do peso econômico e/ou bioeconômico (índices de seleção) (ECOWEIGHT). Coordenador de projeto que avaliou equídeos de diversas raças no Mato Grosso do Sul (2009-2017). Experiência como Pesquisador: Projeto envolvendo a Raça Bovina Pantaneira (ABCBP) junto ao NUBOPAN, UEMS e UFMS (2010-2012/bolsa-CNPQ), Colaborador na EMBRAPA (2013-2018), Colaborador no Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos no Norte e Nordeste do Brasil (2015-2017/bolsa-CAPES), Geneticista na Associazione Nazionale Allevatori Delle Razze Bovine Charolais e Limousine em parceria com Scuola di Agraria Università degli Studi di Firenze na Itália e UESB (2017-2018/bolsista-CAPES). Trabalha como geneticista animal na ANABORAPI (Carrù, CN) na Itália (ATUAL).

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS.....	xiv
LISTA DE FIGURAS.....	xvi
RESUMO.....	xviii
ABSTRACT.....	xx
I – REFERÊNCIAL TEÓRICO	
1.1 INTRODUÇÃO.....	1
1.2 RAÇA LIMOUSIN.....	2
1.3 RAÇA CHAROLÊS.....	5
1.4 AVALIAÇÃO DA EFICIÊNCIA PRODUTIVA, REPRODUTIVA E ALIMENTAR.....	7
1.5 AVALIAÇÃO GENÉTICA APLICADA AO MELHORAMENTO BOVINO: MÉTODOS DE AVALIAÇÃO.....	9
1.6 AVALIAÇÃO GENÉTICA APLICADA À VARIABILIDADE E ESTRUTURA DA POPULAÇÃO BOVINA.....	11
1.7 REFERÊNCIA.....	12
II- DIVERSIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
2.1 RESUMO.....	18
2.2 ABSTRACT.....	19
2.3 INTRODUÇÃO.....	20
2.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	22
2.5 RESULTADOS.....	23
2.6 DISCUSSÃO.....	30
2.7 CONCLUSÃO.....	34
2.8 REFERÊNCIAS.....	34
III – INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE VIA MODELOS DE NORMAS DE	

RAÇÃO PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA

3.1 RESUMO.....	38
3.2 ABSTRACT.....	38
3.3 INTRODUÇÃO.....	39
3.4 MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3.5 RESULTADOS.....	43
3.6 DISCUSSÃO.....	49
3.7 CONCLUSÃO.....	52
3.8 REFERÊNCIAS.....	52
IV – HERDABILIDADE E CORRELAÇÃO GENÉTICA PARA PESOS E EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
4.1 RESUMO.....	57
4.2 ABSTRACT.....	58
4.3 INTRODUÇÃO.....	58
4.4 MATERIAL E METODOS.....	61
4.5 RESULTADOS.....	62
4.6 DISCUSSÃO.....	62
4.7 CONCLUSÃO.....	69
4.8 REFERÊNCIAS.....	69
V – LINK PARA AS NORMAS DAS REVISTAS.....	73

LISTA DE TABELAS

	Página
DIVERSIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em bovinos Limousin e Charolais criados na Itália.....	23
Tabela 2. Classificação dos rebanhos registrados de bovinos Limousin e Charolais criados na Itália, de acordo com o uso e a origem dos touros.....	27
Tabela 3. Parâmetros populacionais de bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.....	28
Tabela 4. Número médio de gerações rastreadas (ANTG), aumento da endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração em bovinos Charolês e Limousin.....	29
Tabela 5. Coeficiente médio de endogamia (F%), percentual de indivíduos consanguíneos (Inb%), média de F para endogamia (FInb%), coeficiente médio de razão (AR%) e tamanho efetivo (N_e).....	30
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE VIA MODELOS DE NORMAS DE RAÇÃO PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
Tabela 1. Teste Geweke's (Z) de convergência para os componentes de variância nos diferentes modelos.....	43
Tabela 2. Critério de informação da deviance (DIC), deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a deviance baseada nos fatores de Bayes (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e os modelos hierárquicos de normas de ração com variância residual homogênea e heterogênea com um e dois passos nas raças Charolês e Limousin.....	44
HERDABILIDADE E CORRELAÇÃO GENÉTICA PARA PESOS E EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	

Tabela 1. Análise descritivo.....	61
Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos usando máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana para pesos e eficiência alimentar de animais Limousin e Charolês criados na Itália.....	64
Tabela 3. Correlação genética para pesos e eficiência alimentar de animais Limousin (diagonal superior) e Charolês (diagonal inferior) criados na Itália.	66

LISTA DE FIGURAS

	Página
REFERÊNCIAL TEÓRICO	
Figura 1. Bovinos Limousin (A) e Charolês (B).	1
Figura 2. Animais da raça Limousin.....	3
Figura 3. Animais Charolês.....	5
Figura 4. Herdabilidade variando de acordo com o gradiente ambiental.....	10
Figura 5. Variação dos genótipos ao longo do gradiente ambiental.....	10
DIVERSIDADE E TENDÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
Figura 1. Tendências fenotípicas para idade ao primeiro parto (A) e intervalos entre partos (B) em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.	24
Figura 2. Tendências genéticas para idade no primeiro parto (A) e intervalo de parto (B) em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.....	25
Figura 3. Número de reprodutores, número médio de bezerros por reprodutores e tamanho efetivo, em intervalos de 6 anos, de 1960 a 2013 para bovinos Charolês (A) e Limousin (B) criado na Itália. Ne: tamanho efetivo.....	26
Figura 4. Porcentagem de ancestrais conhecidos nas primeiras dez gerações no rebanho de Limousin e Charolês.....	28
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE VIA MODELOS DE NORMAS DE RAÇÃO PARA IDADE AO PRIMEIRO PARTO EM BOVINOS LIMOUSIN E CHAROLÊS CRIADOS NA ITÁLIA	
Figura 1. Herdabilidades para idade ao primeiro parto nos MA e MHNRHO1P para raças Charolês (A) e Limousin (B).....	45
Figura 2. Normas de reação ao longo do gradiente ambiental para idade ao primeiro parto obtido para os 10 touros da raça Charolês (A) e Limsousine (B) com maior número de filhas na Itália.....	46

Figura 3. Correlações de Spearman entre as classificações dos touros da raça Charolês (A) e Limousin (B) para idade ao primeiro parto obtidas pelo MA e MHNRHO1P para os diferentes níveis ambientais na Itália.....	47
Figura 4. Inclinação das normas de reação com a porcentagem de touros da raça Charolês (A) e Limousin (B) avaliados com genótipos extremamente robustos (ER), robustos (R), plásticos (P) e extremamente plásticos (EP) para idade ao primeiro parto na Itália.....	48

RESUMO

REZENDE, Marcos Paulo Gonçalves de Rezende. **Histórico e Melhoramento das Raças Charolês e Limousin na Itália**. Itapetinga, BA: UESB, 2019. 77p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).*

As raças Limousin e Charolês estão assumindo uma importância crescente dia a dia em termos de animais criados na Itália. As duas raças estão envolvidas no projeto de desenvolvimento rural nacional italiano para o melhoramento genético de populações de bovinos criados na Itália (I-BEEF) e, neste contexto, índices genéticos serão desenvolvidos seguindo uma abordagem genômica tanto para características clássicas como crescimento, morfologia e parâmetros reprodutivos, e para características inovadoras como resistência ao calor, temperamento e longevidade funcional. Para ativar e tornar funcional um programa seletivo desse tipo, no entanto, é essencial conhecer em detalhes os parâmetros das populações estudadas, com particular atenção à estrutura populacional e endogamia. Os estudos desses trabalhos devem, portanto, ser considerados preparatórios e indispensáveis para a posterior implementação da seleção genômica nas raças Limousin e Charolês. Deve-se considerar também que os genótipos possuem respostas diferenciadas em função da variação das condições ambientais e isso pode causar uma alteração na ordenação dos genótipos no gradiente ambiental. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o progresso genético para características reprodutivas (intervalos entre partos - IP e idade ao primeiro parto - IPP), bem como as origens e diversidade genética; estudar a interação genótipo x ambiente (IGA) para o IPP; estimar parâmetros genéticos e correlações nas idades de 210 e 365 dias para pesos (P210 e P365) e eficiência alimentar (EA210 e EA365) usando Inferência Bayesiana e REML. Para o estudo do pedigree foi utilizada informações de 1960 a 2017. Já para os demais estudos, foram utilizados dados de 1999 a 2017. A herdabilidade para IPP foi moderada, enquanto para IP foi baixa, com valores de 0,24 e 0,03 para Limousin e 0,32 e 0,02 para Charolês, respectivamente. Tendências genéticas aumentaram desde o início da atividade selecionada para IPP. No entanto, esses ganhos foram baixos, em comparação com a tendência fenotípica, o que indica que os efeitos ambientais estão interferindo na expressão gênica. Para o IP, melhorias reduzidas são esperadas através da seleção e, ao longo dos anos, não foram verificados ganhos significativos de origem genética. A completude do pedigree é moderada em ambas as raças. O efeito gargalo estava presente em ambas as raças. Todos os modelos (normas de reação) convergiram para 5% para o Charolês, enquanto apenas os modelos AM, MHNHRHO2P e MHNRHOP1 convergiram para Limousin. Em ambas as raças, o modelo MHNRHOP1 apresentou o melhor ajuste. Em ambientes favoráveis (menor IPP) houve menor variação fenotípica. Neste ambiente, a expressão de IPP dos animais é próxima e isso pode ter levado as estimativas mais baixas de σ^2 e, conseqüentemente, menor h^2 . Na Charolês a h^2 para o modelo animal foi de 0,13, enquanto para MHNRHOP1 o valor variou ao longo do

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

gradiente ambiental de 0,06 a 0,13, para ambientes IPP baixos e altos, respectivamente. Na Limousin, um menor valor de h^2 foi observado no modelo animal (0,06), com MHNRRHOP1 variando de 0 a 0,15. Em ambas as raças, os touros com maior mérito genético para um ambiente não são recomendados para o outro. Assim, fortes associações ambientais fornecem evidências de que os valores dos parâmetros genéticos dependem do ambiente em que os animais são criados, caracterizando a existência do IGA. Embora a maioria dos touros sejam robustos nas raças, ainda há touros que reagem ao ambiente e isso pode levar à escolha errada dos criadores. Considerando o peso e a eficiência alimentar, foram encontradas estimativas de herdabilidade média para todas as características em ambas as raças. Seleção utilizando EA aos 365 dias pode afetar positivamente o tamanho adulto dos animais nesta idade. Na EA existe variabilidade genética suficiente para alcançar ganhos genéticos satisfatórios e não requer medições do consumo de ração, facilitando avaliações em grandes rebanhos, onde o consumo individual é difícil de medir. Informações sobre o peso dos animais em idades mais jovens podem ser usadas na seleção por causa da correlação genética e ganhos genéticos por seleção são possíveis. O uso de modelos de máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana têm resultados semelhantes.

PALAVRAS-CHAVE: endogamia, variabilidade genética, correlação genética, sensibilidade ambiental, eficiência alimentar

ABSTRACT

REZENDE, Marcos Paulo Gonçalves de Rezende. **History and Improvement of the Charolais and Limousine Breeds in Italy**. Itapetinga, BA: UESB, 2019. 77p. Thesis. (Doctorate degree in Animal Science, Area of Concentration in Production of Ruminants).*

The Italian Limousine and Charolais cattle breeds are assuming increasing importance day by day in terms of raised animals; the Limousine breed is today the second beef breed in Italy after the Piedmontese. The two breeds are also involved in the Italian national rural development project for the genetic improvement of cattle populations raised in Italy (I-BEEF) and, in this context, genetic indexes will be developed following a genomic approach both for classic traits such as growth, morphology and reproductive parameters, and for innovative traits such as heat resistance, temperament and functional longevity. To activate and make functional a selective program of this type, however, it is essential to know in detail the parameters of the populations studied with particular regard to the population structure and inbreeding. The studies of these works are therefore to be considered preparatory and indispensable for the subsequent implementation of genomic selection in Italian limousine and Charolais cattle breeds. It should also be considered that the genotypes have different responses depending on the variation of the environmental conditions and this may cause a change in the ordering of the genotypes in the environmental gradient. Thus, the objective of this study was to evaluate the genetic progress for reproductive traits (intervals between births - CI and age at first calving - AFC), as well as genetic origins and diversity; to study genotype x environment interaction (GEI) for AFC; to estimate genetic parameters and correlations at ages of 210 and 365 days for weights (W210 and W365) and feed efficiency (FE210 and FE365) at Limousin and Charolais, raised in Italy. For the pedigree study, information was used from 1960 to 2017. For the other studies, data were used from 1999 to 2017. The heritability for AFC was moderate, while for CI it was low, with values of 0.24 and 0.03 for Limousine and 0.32 and 0.02 for Charolais, respectively. Genetic trends have increased since the beginning of the activity selected for AFC. However, these gains were low compared to the phenotypic trend, indicating that environmental effects are interfering with gene expression. For CI, reduced improvements are expected through the selection and, over the years, no significant gains of genetic origin have been verified. Pedigree completeness is moderate in both breeds. The bottleneck effect was present in both breeds. All models (reaction standards) converged to 5% for the Charolais, while only the AM, MHNRRHO2P, and MHNRRHOP1 models converged on Limousin. In both races, the MHNRRHOP1 model presented the best fit. In favorable environments (lower AFC) there was lower phenotype variation. Thus, in this environment, the AFC expression of the animals is close and this may have led to lower estimates of σ^2 and,

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

consequently, lower h^2 . In Charolais, the h^2 for the animal model was 0.13, while for MHNRRHOP1 the value varied throughout the environmental gradient from 0.06 to 0.13, for low and high AFC environments, respectively. In the Limousine, a lower h^2 value was observed in the animal model (0.06), with MHNRRHOP1 ranging from 0 to 0.15. In both breeds, bulls with the highest genetic merit for one environment are not recommended for the other. Thus, strong environmental associations provide evidence that the values of the genetic parameters depend on the environment in which the animals are created, characterizing the existence of the GEI. Although most bulls are robust in breeds, there are still bulls that react to the environment and this can lead to the wrong choice of breeders. Considering the weight and feed efficiency, average heritability estimates were found for all traits in both breeds. Selection using food efficiency at 365 days can positively affect the adult size of the animals at this age. In food efficiency there is sufficient genetic variability to achieve satisfactory genetic gains and does not require measurements of feed intake, facilitating evaluations in large herds where individual consumption is difficult to measure. Information on the weight of animals at younger ages can be used in selection because of genetic correlation and genetic gain gains by selection are possible. The use of restricted maximum likelihood models and Bayesian inference have similar results.

KEY WORDS: inbreeding, genetic variability, genetic correlation, environmental sensitivity, feed efficiency

I – REFERÊNCIAL TEÓRICO

1.1 Introdução

A carne bovina é um dos tipos de carne mais consumidas e considerada alimento de alto valor biológico. É uma excelente fonte de proteína, ferro, zinco, tiamina, niacina e vitamina B12, e com baixo valor calórico (Dibiasi, 2006). Diante do exposto, a perspectiva para o setor de carne bovina do mundo é positivo. Todavia, para se tornar competitivo no mercado, o produtor precisa de novas tecnologias, melhorias nos índices zootécnicos, redução dos custos unitários, aumento da qualidade do produto, bem-estar dos animais e respeito pelo ambiente (sustentabilidade).

Uma das ferramentas para otimizar o desempenho zootécnico na pecuária bovina é a técnica de melhoramento animal. Nela se busca selecionar indivíduos que contém material genético com índices produtivos superiores a média do rebanho; posteriormente, prioriza-se o acasalamento entre eles. O intuito é de aumentar a média dos valores genéticos para um certo caráter desejado ao longo das gerações. No entanto, ainda existem oscilações sobre quais são os critérios mais efetivos a serem adotados tanto na seleção quanto na reprodução (Facó et al., 2007).

As raças Limousin (Figura 1-A) e Charolês (Figura 1-B) foram exportadas em todo o mundo para fins de produção em sistemas puros ou mestiços (Bouquet et al., 2011). Nos últimos 150 anos, ambas as raças foram selecionadas para produção de carne, exibindo alto rendimento de carcaça, desempenho muscular, boa taxa de conversão alimentar, extrema facilidade de parto (Giorgetti et al., 1992), desempenho para abate e rendimento variando entre 62 e 64% em peso vivo (ANACLI). Todas estas características fazem delas as principais raças bovinas francesas.



Figura 1. Bovinos Limousin (esquerda) e Charolês (direita). Fonte: Anacli.

<http://www.anacli.it/>

As duas raças também estão envolvidas no projeto de desenvolvimento rural nacional italiano para o melhoramento genético de populações de bovinos criados na Itália (I-BEEF) e, neste contexto, índices genéticos serão desenvolvidos seguindo uma abordagem genômica tanto para características clássicas como crescimento, morfologia e parâmetros reprodutivos, e para características inovadoras como resistência ao calor, temperamento e longevidade funcional.

Todavia, para ativar e tornar funcional um programa seletivo desse tipo, é essencial conhecer em detalhes os parâmetros das populações estudadas, com particular atenção à estrutura populacional e endogamia. Deve-se destacar que os livros genealógico italiano da Limusin e Charolais estão fechados, e a única maneira do fluxo genético acontecer, depende do uso de animais estrangeiros de elite (principalmente franceses) previamente aceitos pelo comitê de direção da associação de criadores.

1.2 Raça Limousin

A Limousin é uma raça de origens antigas, pertencente ao grupo dos "braquicere europea" da raça vermelha (Figura 2). Nos últimos 150 anos, eles foram efetivamente selecionados para produção de carne (Giorgetti et al., 1988). De acordo com a Associazione nazionale degli allevatori delle razze Charolaise and Limousine (ANACLI), a raça Limousin foi formada no sudoeste da França, na região basca, e seu nome vem do antigo provincial de Limoges. Tem uma cobertura de cor brilhante e um tamanho médio.

Touros e vacas atingem a idade adulta com um peso que varia, respectivamente, de 1000 a 1400 quilos e de 650 a 950 quilos. Esta raça se destaca pela rusticidade e qualidades maternas, bem como pela qualidade da carne magra. Apresenta excelente rendimento de carcaça, variando de 62 a 64% do peso vivo, baixas taxas de problema de parto (99% partes fáceis), vida longa e fertilidade notável, o que garante aos criadores grandes possibilidades de sucesso em média 93 bezerras para cada 100 vacas.



Figura 2. Animais da raça Limousin. Fonte: Zootecnia and Veterinary.

<https://zoovetespasion.com/ganaderia/razas-bovina/raza-de-ganado-limousin>.

Um dos pontos fortes da raça, de particular interesse para o criador, é que essas performances são mantidas praticamente inalteradas ao longo de uma ampla faixa etária e mesmo em sistemas de criação diversos (intensivo a semi-intensivo ou mesmo semi-extensivo). Esta grande versatilidade nos sistemas de criação, que afecta não só a criação, mas também os produtores de carne "directos" (vitelloni), pode encontrar uma explicação da rusticidade típica da raça, perfeitamente adaptada durante séculos aos ambientes frequentemente difíceis da Europa continental.

Além da versatilidade dos sistemas de melhoramento, vale destacar mais dois pontos fortes: rendimento para o abate e precocidade para a maturidade comercial. O primeiro, universalmente reconhecido, coloca a raça no topo entre os tipos genéticos da Europa continental, ao lado de Charolês; este último também torna os sistemas de produção orgânica semi-extensivos facilmente viáveis. Em sistemas extensivos, às vezes drasticamente mais "rústicos" que sistemas intensivos, muitas raças especializadas provavelmente tem problemas de adaptação o que pode causar um declínio na produtividade e nas características nutricionais da carne (Lúcifer e Giorgetti, 1988; Giorgetti e Poli, 1991). No entanto, este cenário não é percebido na Limousin, pois suas habilidades permitem que ela seja cultivada em pastejo por

longos períodos de tempo, sem que isso cause uma diminuição em seu crescimento, com efeitos benéficos no sabor da carne.

Este sabor diferenciado não é apenas pelo fato da pastagem leva uma diminuição global no teor de gordura da carne, mas também a um aumento na participação de ácidos graxos insaturados e poliinsaturados e a uma diminuição nos ácidos graxos saturados, beneficiando as características da dieta. Numerosos experimentos realizados com diferentes raças de bovinos, incluindo a Limusin, mostraram que a pastagem, em comparação com uma alimentação intensiva "estável" baseada em forragem preservada e concentrada, determina um aumento no teor de gordura dos ácidos da série 3 e diminuição na razão -6/-3, fatores que podem prevenir o aparecimento de doenças como hipertensão, diabetes, depressão, hipertrigliceridemia, artrite reumatóide, doenças cardiovasculares e arritmias (Miller, 1986).

Além disso, a finura particular da textura da carne não pode escapar do consumidor. Deve-se notar que, muitas vezes em bovinos, especialmente em machos, com uma textura fina é acompanhada por uma maior dureza da carne para a presença de maiores quantidades de tecido conjuntivo (Lúcifer e Giorgetti, 1987). Na Limusin é diferente: a carne é sempre muito sensível, provavelmente por causa de uma especial evolução do colágeno, talvez (estaria sujeito a ser investigado) reticulações ruins, que são as principais responsáveis pela dureza da carne.

Ainda mais óbvio, mesmo para o consumidor menos atento, é, em última análise, a quantidade muito modesta de perdas de panificação. Este é um assunto de particular interesse, porque no momento do cozimento, muitas vezes se queixa de uma redução excessiva de volume e peso, especialmente quando se trata de porções (fatias) que requerem cozimento rápido, fritura ou grelhar (Iacurto et al., 2003). O que no jargão técnico é chamado de "perda de cozimento" que, se for limitado, deve ser considerado perfeitamente normal, fisiológico, depende essencialmente do teor de gordura e, acima de tudo, da água; na verdade, não se deve esquecer que cerca de 75% do peso da carne é dado pela água e que mais carne é mais magra e contém mais água.

A carne da Limousin está entre as mais preciosas considerando as raças de bovino, que perdem menos peso durante o cozimento. As causas desse comportamento extremamente positivo e atraente para os consumidores nunca foram totalmente esclarecidas, e, como aquelas relacionadas à ternura, se beneficiariam de investigações especiais sobre as peculiaridades da estrutura histológica, a relação entre os componentes nitrogenados dessa raça, estroma, azoto miofibrilar e sarcoplasmático) e, como habitualmente, a quantidade e qualidade de colagénio.

1.3 Raça Charolês

A Charolês (Figura 3) é originária da região de Charolles, mas precisamente originária da Borgonha, particularmente das áreas de Charolles e Nievres (Briggs e Briggs, 1980). Do ponto de vista numérico é a raça mais importante da carne francesa. Tem uma pele creme branca e um tamanho médio-grande. Touros e vacas atingem a idade adulta um peso que varia, respectivamente, de 1100 a 1250 libras e 800 a 900 libras.

A raça sempre foi apreciada por sua grande rusticidade: graças à sua capacidade de mobilizar reservas acumuladas no corpo. Os exemplares Charolês são capazes de atingir incrementos médios diários de 1250 gramas (touros) e também são famosos por sua grande docilidade, uma característica que é muito apreciada quando se trata de gerenciar uma fazenda extensiva. As vacas dão à luz facilmente (92% partes fáceis) e têm qualidades maternais marcadas.

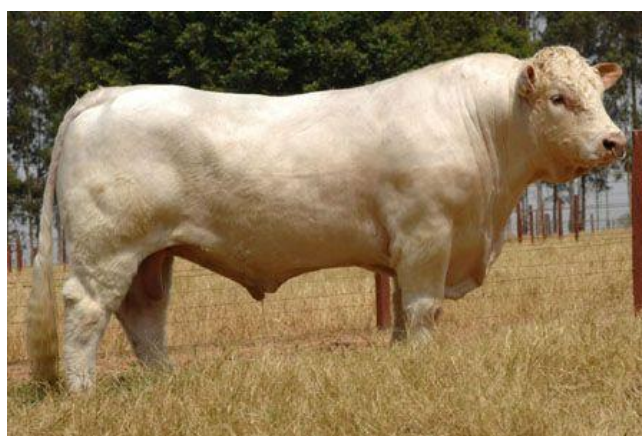


Figura 3. Animais Charolês. Fonte: Pinterest and Summit farms.

<https://www.pinterest.cl/pin/489625790708746941>

<http://www.summitcharolais.com/donors.php>.

A Charolês se espalhou por toda a França, com grupos importantes tanto em países temperados (incluindo a Itália) quanto em áreas de clima frio e até mesmo em países tropicais e subtropicais. No passado, como a grande maioria dos tipos genéticos europeus, era uma raça de duplo propósito (trabalho e carne), mas desde o final do século dezanove um processo de seleção custo-efetivo foi iniciado para a produção de carne.

Do ponto de vista morfológico, a Charolês é inconfundível: macrossômica (os machos adultos ultrapassam 1.200 kg e as fêmeas pesam 700-900 kg), apresenta formas harmônicas, grande desenvolvimento muscular, esqueleto leve, pele fina e tronco cilíndrico com posterior impressionante, todas características que descrevem um excelente produtor de carne; o pescoço e o tórax são musculosos e “cheios” e capazes de fornecer, ao mercado, cortes de primeira qualidade, também adequados para cozimento rápido.

A cabeça é bastante curta, com testa ampla e boca larga, que parece ser uma expressão da grande capacidade de ingestão da raça. O cabelo é branco-creme, cor resultante da associação entre pêlos brancos e pele despigmentada, evidenciada pela cor rosada do nariz e pela cor amarelada da base dos chifres. Uma das principais qualidades da raça são as excelentes qualidades maternas: partições gemelares são frequentes e as vacas não apresentam problemas de amamentação; a produção de leite, inteiramente destinada à carne de vitela, permite grande crescimento até o desmame, 6-7 meses, o que muitas vezes ocorre no pasto.

O sistema clássico de melhoramento, de acordo com a linha de criação de vacas, aumenta uma segunda característica valiosa da raça: a de ser uma excelente pastejadora. De fato, o Charolês tem uma capacidade de ingestão que, para uma raça de carne, é particularmente elevada. Isso torna a pecuária mais fácil com todos os benefícios econômicos e de saúde que isso acarreta, e os mesmos bezerros e touros podem ser criados durante grande parte de sua vida sobre sistemas extensivos ou semi-extensivos.

Caracterizada por um grande desenvolvimento muscular (alta capacidade sarcofóica), apresenta aumentos médios diários bem acima do kg, que, em períodos de alimentação intensiva, atinge e excede 1,5 kg. Os testes comparativos entre Charolês, Chianina e Limousin sob condições experimentais (Giorgetti et al., 1991) mostraram, do desmame ao peso de abate de 650 kg, um aumento diário médio semelhante ao da Chianina (1,34 x 1,31 kg) e tendiam a ser maior que a da Limousin (1,34 versus 1,13 kg), com uma taxa de conversão de matéria seca de apenas 5,91 contra 6,26 e 6,61 para a Limousin e Chianina; da mesma forma, a taxa de conversão da U.F.C. foi o mais favorável (apenas 5,67 contra 6,01 e 6,34 respectivamente para Limousin e Chianina).

O rendimento no abate é geralmente superior a 62%. A pele afeta em menor grau o peso vivo em comparação com as outras duas raças e, assim como a Limousin os vitellonis,

mostram pele mais fina que a de Chianini. Na colagem comercial, o viteloni Charolais tem uma incidência no quarto traseiro, separada com a "pistola de corte" clássica, marcadamente maior do que com o mesmo peso para a Chianini e igual ou ligeiramente maior que a da Limousin (Giorgetti et al., 1991). O escore de carcaça de acordo com a grade EUROP é semelhante ao da Limousin, embora com certa tendência, não significativa, a superioridade para Charolês é claramente melhor que a de Chianina (Giorgetti et al., 1991). O rendimento da carne é favorecido por uma presença óssea relativamente baixa: o esqueleto, embora robusto, é bastante fino e leve.

A força do esqueleto é um legado precioso do seu passado da classe trabalhadora e é particularmente apreciada pelos criadores em todos os continentes que usam a Charolês como uma raça reprodutora em raças leiteiras e raças rústicas; na Itália é evidenciada pela escolha de criadores de Maremmana que frequentemente usam touros Charolês em reprodução extensiva ao longo do ano em ambientes que às vezes são hostis do ponto de vista climático e pedológico. As carnes são saborosas e corretamente infiltradas com gordura marmorizada que lhes confere uma suculência particular; Em geral, é a carne que, organolepticamente, é muito similar àquelas produzidas pela Limousin (Wulf et al., 1996). Uma cor que tende a ser mais clara que a de outras raças, mesmo sob reprodução semi-intensiva, aumenta o nível de satisfação do consumidor.

1.4 Avaliação da eficiência produtiva, reprodutiva e alimentar

O crescimento, ou seja, o ganho de peso e peso, são critérios de seleção na maioria dos programas de melhoramento para bovinos de corte (Pedrosa et al., 2014), pois possuem herdabilidades moderadas e, conseqüentemente, ganhos genéticos por geração (Rezende et al., 2014). Entre as características reprodutivas, destacam-se a idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos, uma vez que as taxas de natalidade, precocidade e longevidade produtiva das vacas estão relacionadas (Grupioni et al., 2015), possuindo também, correlações genéticas favoráveis com características físicas e morfológicas do sêmen (Dias et al., 2008).

Segundo Berry et al. (2004), a eficiência reprodutiva das fêmeas é um fator relevante na viabilidade econômica do sistema de produção animal, principalmente devido ao custo de manutenção das vacas no rebanho (Malhado et al., 2013). As fêmeas que parem precocemente e regularmente na vida tendem a produzir um maior número de bezerros em menor tempo (Aby et al., 2012). Isso aumenta a vida reprodutiva das fêmeas (Short et al., 1994), otimizando o investimento. A precocidade sexual é recomendada em programas de melhoramento genético, pois agregam ao sistema de produção um aumento na taxa de

transferência de melhoramento genético, reduzindo o intervalo de geração, diluindo os custos de novilhas de criação, aumentando consideravelmente a receita da fazenda (Dibiasi, 2006).

É fundamental encontrar animais que possuem um elevado crescimento do corpo sem aumentar o custo de manutenção da energia (Archer et al., 1999). Estes animais além de favorecer o baixo custo orçamentario na produção, são também ambientalmente sustentável, pois contribuíram com a diminuição da emissão de mais dióxido de carbono e metano (Schaefer et al., 2014), e pela sua melhor eficiência, é melhor aproveitado areas de pastagem, o que faz com não haja necessidade de utilizar áreas atualmente ocupadas com vegetação nativa ou destinadas à produção de grãos.

O custo energético dos alimentos para manter os bovinos, especialmente as fêmeas, está entre 70% e 75% (Ferrel e Jenkins, 1985). McWhir e Wilton (1987) indicaram que a eficiência alimentar pode ser responsável por até 50% da variação na margem bruta dos sistemas de produção de gado de corte. A eficiência metabólica tornou-se um atributo importante na pecuária, à medida que aumenta a competição por recursos limitados. Deve-se destacar que a variação na eficiência de crescimento inerente ou normal entre os animais dentro de uma espécie pode ser grande, pelo menos em parte devido à variação genética na eficiência de conversão alimentar.

O maior obstáculo para a adoção de eficiência alimentar comercialmente e em processos de seleção genética, é a dificuldade em medir a ingestão individual de um grande número de animais. Entre as propostas que surgiram ao longo dos anos para identificar animais com alta eficiência de crescimento em relação ao tamanho corporal, cita-se o índice de Kleiber (Kleiber, 1936). Para avaliar este índice, a medição do consumo individual não é necessária. Este índice inclui o peso metabólico ($P^{0,75}$) e o ganho médio diário de peso vivo (Kleiber, 1936; Arthur et al., 2001). Assim, o índice de Kleiber pode ser um bom indicador de eficiência alimentar, uma vez que o ganho de peso diário aumenta em detrimento do ganho de peso metabólico.

Embora existam vários índices para estimar a eficiência alimentar, a grande maioria precisa medir o consumo individual de animais (Arthur et al., 2004, Robins e Oddy 2004). Nesse sentido, o Índice de Kleiber, por não requerer medição individual de consumo, tem sido muito utilizado. Para este índice, um valor alto indica uma maior diluição dos requisitos de manutenção. Conseqüentemente, um maior crescimento corporal é obtido sem aumentar o custo de manutenção de energia (Figueiredo et al., 2018).

1.5 Avaliação genética aplicada ao melhoramento bovino: métodos de avaliação

O desempenho produtivo e reprodutivo em bovinos de corte é influenciado por fatores ambientais (Ambrosini et al., 2016), e isso pode ser determinante na rentabilidade da produção (Laureano et al., 2011). O conhecimento da quantidade de variação genética aditiva e a herdabilidade das características é essencial para compreender como as características individuais mudam de uma geração para outra em resposta à seleção (Falconer e Mackay, 1996). Assim, é necessário estimar parâmetros genéticos para conhecer as herdabilidades e correlações genéticas entre características de interesse econômico (Vergara et al., 2012).

Deve ser dada atenção à seleção que ocorre na razão de uma dada característica, uma vez que os componentes dessa característica, bem como a correlação entre eles, podem ser negligenciados, e a decisão das características a serem selecionadas pode ser influenciada por caracteres não relacionados a objetivos, e isso gera respostas correlacionadas indesejáveis ao processo de seleção (Carvalho e Cavalcanti, 2008). A avaliação genética pode ser influenciada pela precisão com que os parâmetros genéticos e ambientais utilizados são estimados, o que pode ser afetado por diversos fatores (Araújo et al., 2011).

Usando respostas geneticamente correlacionadas, seria possível verificar como características individuais são transferidas de uma geração para outra (Price e Langen, 1992). Isto permite produzir um animal com um bio-tipo funcional em um período de tempo mais curto; ou no caso em que um caractere é difícil de avaliar, uma correlação pode ser usada como um fenótipo medido. É fundamental identificar o material genético específico de cada sistema de produção (Ambrosini et al., 2016).

A presença da interação genótipo x ambiente (GxA) é caracterizada pela resposta diferenciada dos genótipos às variações das condições ambientais, o que pode causar alteração da ordem de desempenho dos genótipos no gradiente ambiental. Supõe-se que a diferença entre as magnitudes das herdabilidades estimadas nos diferentes ambientes e que as correlações genéticas de baixa magnitude nos ambientes, para a mesma característica, sejam indicativos da interação GxA. Atualmente, as funções de co-variância obtidas através de modelos de regressão aleatória estão sendo usadas para estudar a norma de reação (MNR) (Figura 4) (Ambrosini et al., 2016).

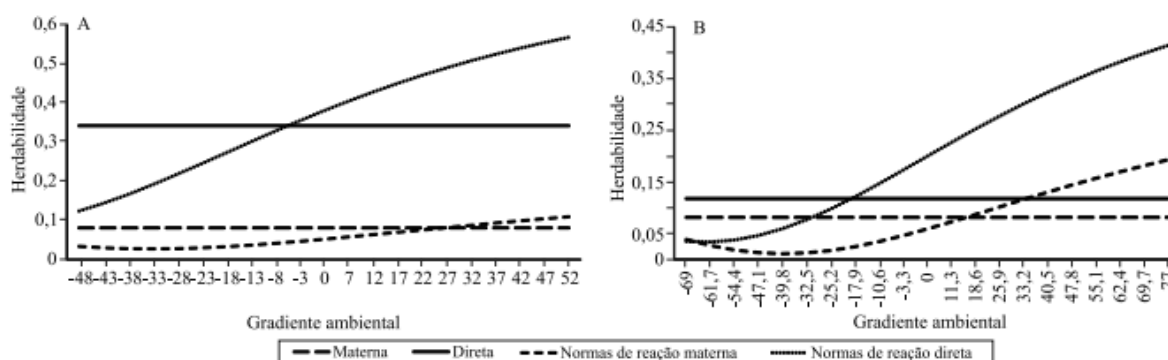


Figura 4. Herdabilidade variando de acordo com o gradiente ambiental. Fonte: Ambrosini et al. 2016.

O uso de MNRs na escolha de animais superiores pode impor uma mudança de paradigma nas estratégias de seleção, uma vez que para cada ambiente um valor genético diferente pode ser obtido para o candidato a seleção (Mattar et al., 2011). O MNR permite descrever a variação gradual e contínua dos genótipos, em características economicamente importantes, juntamente com um gradiente ambiental (Figura 5). Portanto, eleva a produtividade do rebanho priorizando o acasalamento de indivíduos geneticamente superiores (Bologn et al., 2008).

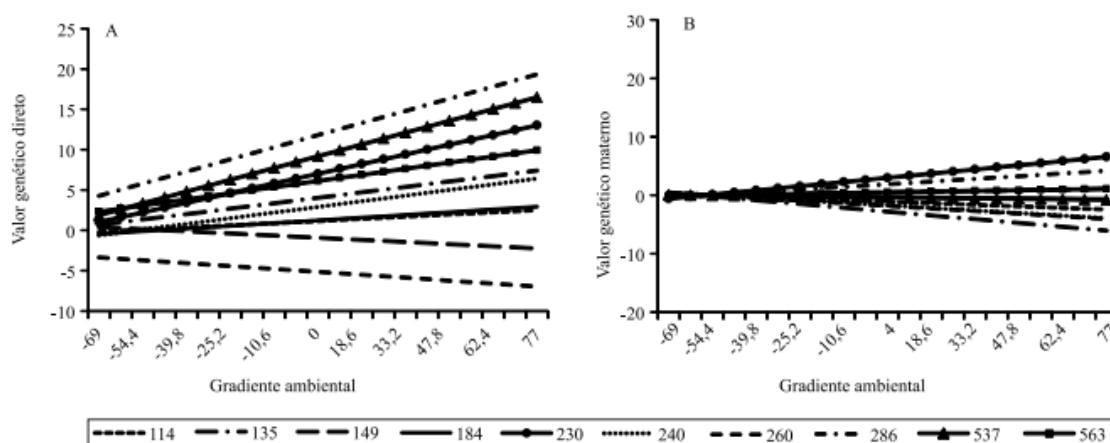


Figura 5. Variação dos genótipos ao longo do gradiente ambiental. *As linhas dentro dos gráficos são os touros. Fonte: Ambrosini et al., 2016.

Para estimativas de parâmetros genéticos, os métodos bayesianos têm sido usados em grande escala. Isso se dá pelo benefício de suas suposições mais amplas do que abordagens clássicas e sua flexibilidade na resolução de uma ampla gama de problemas biológicos (Hallander et al., 2010; Ben Zaabza et al., 2016), e pode ser aplicado em conjuntos de dados pequenos e grandes. Nesta técnica, as distribuições de probabilidade anteriores (priori) são

combinadas com as informações dos dados, para obter uma distribuição posterior a partir da qual as inferências são feitas usando técnicas de estimativa de probabilidade padrão (Robert, 2006).

1.6 Avaliação genética aplicada à variabilidade e estrutura da população bovina

Por outro lado, é necessário conhecer a estrutura da população e a variabilidade intra-populacional através do pedigree. Através desta informação, pode-se orientar os programas de seleção de forma mais eficaz, com uma gestão de estratégias de acasalamento (Carneiro et al., 2007). Segundo Pedrosa et al. (2010), o isolamento de uma população, especialmente aqueles submetidos a um programa de seleção constante, é considerado uma das principais causas de aumento da endogamia. Oliveira et al. (2011) reforçam que, nessas populações, teoricamente, não há introdução de animais de outros rebanhos, e aqueles considerados inadequados para a reprodução são descartados, o que leva a uma redução na variabilidade genética, uma vez que há uma redução no número de animais reprodutores; o que favorece a fixação de alguns alelos.

Esse fato leva a um processo prejudicial ao progresso genético, pois impossibilita a identificação de animais superiores portadores de outros alelos (Oliveira et al., 2011). O objetivo principal, ao definir a estrutura dessas populações teoricamente isoladas, é estimar os parâmetros que as caracterizam, como endogamia, tamanho efetivo populacional e intervalo de geração, para que o desenvolvimento de estratégias de manejo adequado possa ser direcionado de recursos genéticos para a preservação e uso da diversidade máxima (Malhado et al., 2009). Essas informações fornecem uma base efetiva para o manejo adequado dos recursos genéticos, aproveitando a máxima diversidade nos programas de seleção e/ou conservação (Gutierrez et al., 2003), estratégias de melhoramento (Carneiro et al., 2007), evolução e/ou história das gerações (Valera et al., 2005).

Vários autores (Carneiro et al., 2007) recomendaram evitar acasalamento entre indivíduos aparentados, com o objetivo de manter baixas as taxas de endogamia. Entretanto, deve-se ressaltar que, apesar de ser um processo prejudicial, tanto para a expressão das características de interesse econômico quanto para o ganho genético nos programas de seleção, a endogamia é utilizada por alguns produtores para aumentar a homogeneidade nas linhagens. Isso partindo da hipótese da capacidade de um indivíduo de produzir descendentes semelhantes a ele, uma vez que quando aumenta a quantidade de indivíduos endogâmicos, têm-se uma menor variação de gametas e, assim, a progênie tende a ser mais uniforme (Oliveira et al., 2002).

Um estudo de nível europeu avaliou recentemente o pedigree das populações Limousin e Charolês em diferentes países (Bouquet et al., 2011). No entanto, a população italiana não foi incluída, sugerindo a necessidade de novas investigações. Acredita-se que os rebanhos se tornam geneticamente diferenciados ao longo do tempo, uma vez que as populações não têm a mesma história demográfica e são isolados por fluxos gênicos limitados.

1.7 Referências

ABY, B.A.; AASS, L.; SEHESTEDB, E.; VANGEN, O. Effects of changes in external production conditions on economic values of traits in Continental and British beef cattle breeds. *Livestock Science*, v.150, p.80–93, 2012.

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 (Online)*, v.51, p.177-186, 2016.

ANACLI. <http://www.anacli.it/WEBSITE/index.php?&pagid=2455&sessione=>

ARAÚJO, C.V.; BTTENCOURT, T.C.B.S.C.; ARAÚJO, S.I.; LÔBO, R.B.; BEZERRA, L.A.F. Estudo da heterogeneidade de variâncias na avaliação genética de bovinos de corte da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.40, n.9, p.1902-1908, 2011.

ARCHER, J.A.; RICHARDSON, E.C.; HERD, R.M.; ARTHUR, P. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. *Australian Journal of Agricultural Science*, v.50, p.147–161, 1999.

ARTHUR, P.F.; ARCHER, J.A.; JOHNSTON, D.J.; HERD, R.M.; RICHARDSON, E.C.; PARNELL, P.F. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. *Journal of animal science*, v.79, n.11, p.2805–2811, 2001.

ARTHUR, P.F.; ARCHER, J.A.; HERD, R.M. Feed intake and efficiency in beef cattle: overview of recent Australian research and challenges for the future. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, v. 44, n. 5, p. 361–369, 2004.

BEN ZAABZA, H.; BEN GARA, A.; HAMMAMI, H.; FERCHICHI, M.A.; REKIK, B. Estimation of variance components of milk, fat, and protein yields of Tunisian Holstein dairy cattle using Bayesian and REML methods. *Archives Animal Breeding*, v.59, p. 243-248, 2016.

BERRY, D.P.; WALL, E.; PRYCE, J.E. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal*, v.8, p.105–121, 2014.

BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N.R. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.4, p.596-601, 2008.

BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOE, D.; FORABOSCO, F.; FOGH, A.; PABIOU, T.; MOORE, K.; ERIKSSON, J.A.; RENAND, G.; PHOCAS, F. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *Journal of Animal Science*, v.89, p.1719–1730, 2011.

BRIGGS, H.M.; BRIGGS D.M. “Modern Breeds of Livestock”, Fourth Edition, Macmillan Publishing Co. 1980.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F.; CARNEIRO, A.P.S.; CUNHA, E.E. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.36, n.2, p. 369-375, 2007.

CARVALHEIRO, R.; CAVALCANTI, J.R. O biótipo dos animais do seu rebanho está de acordo com o seu objetivo de seleção In: *Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal*, São Carlos. Anais. São Carlos: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2008.

DIAS, J.C.; ANDRADE, V.J.; MARTINS, J.A.M.; EMERICK, L.L.; VALE FILHO, V.R. Genetic and phenotypic correlations among reproductive and productive traits of Nelore bulls.

Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.43, p.53-59, 2008.

DIBIASI, N.F. Estudo do crescimento, avaliação visual, medidas por ultra-sonografia e precocidade sexual em touros jovens pertencentes a vinte e uma raça com aptidão para corte. 2006. Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Campus de Jaboticabal.

FACÓ, O. Heterogeneidade de (co)variância para a produção de leite nos grupos genéticos formadores da raça Girolando. Revista Ciência Agronômica. v.38, n.3, p.304-309, 2007.

FERREL, C.L.; JENKINS, TG. 1985. Cow type and nutritional environment: nutritional aspects. Journal of Animal Science. v.61, p.725-741, 1985.

FIGUEIREDO, G.C.; REZENDE, M.P.G.; FIGUEIREDO, M.; BOZZI, R.; CARNEIRO, P. L.S.; SOUSA JUNIOR, A.; MALHADO, C.H.M. Morphofunctional characteristics of Dorper sheep crossed with Brazilian native breeds. Small Ruminant Research, v.11, p.1-10, 2018.

GIORGETTI, A.; LUCIFERO, M.; ACCIAIOLI, A.; SARGENTINI, C.; MARTINI, A. Caratteristiche produttive di vitelloni Chianini, Charolais e Limousins. 2. Rilievi alla sezionatura commerciale. Zootecnica e Nutrizione Animal, v.18, p.84-85, 1992.

GIORGETTI, A.; LUCIFERO, M.; SARGENTINI, C.; MARTINI, A.; ACCIAIOLI, A. Caratteristiche produttive di vitelloni Chianini, Charolais e Limousins. 1. Rilievi in vita e alla macellazione. Zootecnica e Nutrizione Animale, v.17, 89-98, 1991.

GIORGETTI, A.; LUCIFERO, M.; FRANCI, O.; POLI, B.M.; ACCIAIOLIM A.; LA ROCCA, M. Risultati di una prova comparativa tra vitelloni appartenenti alle razze Chianina e Limousine e loro meticci, Zootecnica e Nutrizione Animale, v.15, p.417, 1988.

GIORGETTI, A.; POLI, B.M. Alimentazione animale e qualità della carne. Lettura tenuta all'Accademia dei Georgofili il 16/11/1990, Quaderni dell'Accademia, v.5, p.45-90, 1991.

GRUPIONI, N.V.; GUIDOLIN, D.G.F.; VENTURINI, G.C.; LOBO, R.B.; MUNARI, D.P. Parâmetros genéticos e tendências genéticas para características reprodutivas e de crescimento

testicular em bovinos Guzerá. *Revista Caatinga*, v.28, p.152-160, 2015.

GUTIERREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DIAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CANON, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetic Seletion Evolution*, v.35, p.43–63, 2003.

HALLANDER, J.; WALDMANN, P.; CHUNKAO, W.; SILLANPAA, M.J. Bayesian inference of genetic parameters based on conditional decompositions of multivariate normal distributions. *Genetics*, v.185, p.645-654, 2010.

IACURTO M.; GIGLI S.; GIORGETTI A. La qualità della carne: aspetti organolettici e dietetici. *Taurus*, 15, 1/2003,10-13. 2003.

KLEIBER, M. Problems involved in breeding for efficiency of food utilization. *American Society Animal Production*, v. 29, p. 247–258, 1936.

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia*, v.63, p.143-152, 2011.

LUCIFERO, M.; GIORGETTI, A. L'influenza dei fattori endogeni ed esogeni all'animale sulla produzione della carne di qualità con particolare riferimento alla specie bovina, Progetto strategico del CNR: nuovi orientamenti di consumi e delle produzioni alimentari. 1998.

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, p.28–33, 2013.

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

MATTAR, M.; SILVA, L.O.C.; ALENCAR, M.M.; CARDOSO, F.F. Genotype ×

environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis. *Journal Animal Science*, v.89, n.8, p.2349-55, 2011.

MILLER, G. J. "Lipids in Wild Ruminant Animals and Steers", *Journal of Food Quality*, v.9, p.331-343, 1986.

OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JUNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B.; OLIVEIRA, E.C.M.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, v.46, n.6, p.639-647, 2011.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina: Cerrados, 2002. 54p.

PEDROSA, V.B.; SANTANA JUNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Ruminant Research*, v.93, p.135-139, 2010.

PEDROSA, V.B.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; PINTO, L.F.B. Utilization of single-trait and multi-trait models applied to genetic parameter estimation in Nelore Cattle. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinaria e Zootecnia*, v.66, p.1802-1812, 2014.

REZENDE, M.P.G.; SILVEIRA, M.V.; SILVA, R.M.; SILVA, L.O.C.; GONDO, A.; RAMIRES, G.G.; SOUZA, J.C. Pre and post weaning weight gain in Nelore cattle raised in the Pantanal, Mato Grosso do Sul, Brazil. *Ciência Animal*, v.24, p.20-27, 2014.

ROBINSON, D.L.; ODDY, V.H. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. *Livestock Production Science*, v. 90, n. 2, p. 255–270, 2004

ROBERT, C.P. *Le choix bayésien Principes et pratique*. 1st ed. Paris: Springer-Verlag France. p. 638. 2006.

SCHAEFER, A. 2014. Disponível em: <https://patentimages.storage.googleapis.com/7b/c3/99/395c5a32a4cd9f/US9961883.pdf>.

Acesso em 18 de fevereiro de 2019.

SHORT, R.E.; STAIGMILLER, R.B.; BELLOWS, R.A.; GREER, R.C. Breeding heifers at one year of age: biological and economic considerations. In: Fields, M.J., Sand, R.S. (Eds.), Factors Affecting Calf Crop, CRC Press, London, p. 55–68, 1994.

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

WULF D.M., TATUM J.D., GREEN R.D., MORGAN J.B., GOLDEN B.L., SMITH G.C. Genetic influences on beef longissimus palatability in charolais- and limousin-sired steers and heifers. Journal of Animal Science, v. 74, p.2394-2405,1996.

Revisão na norma da Revista Portuguesa de Medicina Veterinária.

Diversidade e tendência genética para características reprodutivas de bovinos Limousin e Charolês criados na Itália

RESUMO

As raças de bovino Limousin e Charolê estão assumindo uma importância crescente em termos de animais criados na Itália. As duas raças estão envolvidas no projeto de desenvolvimento rural nacional italiano para o melhoramento genético de populações de bovinos criados na Itália (I-BEEF) e, neste contexto, índices genéticos serão desenvolvidos seguindo uma abordagem genômica. Para ativar e tornar funcional um programa seletivo deste tipo, é essencial conhecer detalhadamente os parâmetros das populações estudadas, em particular, a estrutura populacional e endogamia. Este estudo deve ser considerado preparatório e indispensável para a posterior implementação da seleção genômica em ambas as raças. Não existem estudos que investiguem a relação entre os parâmetros da estrutura populacional e a tendência genética para características reprodutivas de ambas as raças na Itália. Assim, foi avaliado a tendência genética para características reprodutivas (intervalos de partos - IP e idade ao primeiro parto - IPP), bem como a diversidade genética de Limousin e Charolais, utilizando dados da Associação Italiana de Criadores de bovinos Charolês e Limousin (informação de animais nascidos de 1960 a 2017). A herdabilidade para IPP foi moderada, enquanto para IP foi baixa, com valores de 0,24 e 0,03 para Limousin e 0,32 e 0,02 para Charolês, respectivamente. As tendências genéticas aumentaram entre os anos avaliados para a IPP. Esses ganhos foram baixos, em comparação com a tendência fenotípica, isso ocorre devido a não existência de uma avaliação oficial para características reprodutivas. Para IP, melhorias reduzidas através de seleção são esperadas e, ao longo dos anos, nenhum ganho significativo de origem genética foi verificado. A completude do pedigree é moderada em ambas as raças. Todos os rebanhos de ambas as raças utilizam touros externos, não tendo classificação como núcleo ou isolados. “Efeito gargalo” estava presente em ambas as raças. Os valores da relação média também aumentaram ao longo das gerações, evidenciando que alguns animais foram utilizados intensamente. Uma redução do intervalo de geração de ambas as raças deve ser alcançada. Verificou-se que o aumento das gerações conhecidas permite estimativas mais precisas sobre a estrutura populacional. A maior variabilidade genética observada em Charolais em relação à Limousin pode ser explicada pela estrutura pedigree das raças; onde o intercâmbio e/ou comércio de animais de outros países ainda tem grande influência na Charolês, enquanto que a Limousin, já possui uma grande distribuição de rebanhos na Itália. Em ambas as raças, o valor médio das gerações completas traçadas indica que apenas um pequeno número de ancestrais é conhecido.

PALAVRAS-CHAVE: endogamia, intervalo de geração, genealogia, tendência genética, variabilidade genética

ABSTRACT

The Limousine and Charolais cattle breeds are assuming increasing importance in terms of raised animals in Italy. The two breeds are involved in the Italian national rural development project for the genetic improvement of cattle populations raised in Italy (I-BEEF) and, in this context, genetic indexes will be developed following a genomic approach. To activate and make functional a selective program of this type, it's essential to know in detail the parameters of the populations studied, in particular, the population structure and inbreeding. This study is to be considered preparatory and indispensable for the subsequent implementation of genomic selection in both breeds. There are no studies that have investigated the relationship between population structure parameters and genetic trend for reproductive traits of both breeds in Italy. Thus, was to evaluate the genetic trend for reproductive traits (calving intervals–CI, and age at first calving-AFC), as well as the genetic diversity of Italian Limousine and Charolais, using data from the Italian Association of Charolais and Limousine Cattle Breeders (information from animals born 1960 to 2017). The heritability for AFC was moderate, while for CI it was low, with values of 0.24 and 0.03 for Limousine and 0.32 and 0.02 for Charolais, respectively. Genetic trends increased between the evaluated years for AFC. These gains were low, compared to the phenotypic trend, also because there is no official evaluation for reproductive characteristics. For CI, reduced improvements through selection are expected and, across years, no significant gains of genetic origin have been verified. Pedigree completeness is moderate in both breeds. All the herds of both breeds use external bulls, not having classification as nucleus or isolated. “Bottleneck effect” was present in both breeds. The values of the average relationship were also increasing throughout the generations, evidence that some animals have been used intensely. A reduction of the generation interval of both breeds should be achieved. It was verified that the increase of known generations allows more accurate estimations on the population structure. The largest genetic variability observed in Charolais in relation to Limousine can be explained by the pedigree structure of the breeds; the exchange and/or trade of animals from other countries of Charolais still has great influence, while Limousine already has a large distribution of herds in Italy. In both breeds, the average value of complete generations traced indicates that only a small number of ancestors is known.

KEYWORDS: inbreeding, generation interval, pedigree, genetic trend, genetic variability

Introdução

As raças Limousin e Charolais foram exportadas mundialmente para fins de produção em sistemas puros ou mestiços (Bouquet et al., 2011). Características como perfil robusto, alto crescimento de carcaça, desempenho muscular, boa taxa de conversão alimentar e extrema facilidade de parto (Giorgetti et al., 1992) fazem delas as principais raças bovinas francesas. As raças de gado Limousin e Charolais estão assumindo cada vez mais importância dia a dia em termos de animais criados na Itália; a raça Limousin é hoje a segunda raça de carne bovina na Itália depois dos piemonteses.

As duas raças também estão envolvidas no projeto de desenvolvimento rural nacional italiano para o melhoramento genético de populações de bovinos criados na Itália (I-BEEF) e, neste contexto, índices genéticos serão desenvolvidos seguindo uma abordagem genômica tanto para características clássicas como crescimento, morfologia e parâmetros reprodutivos, e para características inovadoras como resistência ao calor, temperamento e longevidade funcional. Todavia, para ativar e tornar funcional um programa seletivo desse tipo, é essencial conhecer em detalhes os parâmetros das populações estudadas, com particular atenção à estrutura populacional e endogamia.

Na Itália, as fêmeas Limousin e Charolês matriculadas no livro genealógico somam 263.987 e 83.944, respectivamente (ANACLI, 2017); e até onde sabemos, na Itália, não existem estudos que investiguem a possível relação entre os parâmetros da estrutura populacional e a tendência genética para características reprodutivas de ambas as raças. A eficiência reprodutiva das fêmeas é um fator relevante na viabilidade econômica do sistema de produção de bovino (Berry et al., 2014), principalmente devido ao custo de manutenção das vacas no rebanho (Malhado et al., 2013).

Entre as características reprodutivas, a idade no primeiro parto (IPP) e o intervalo entre partos (IP) desempenham um papel importante no sistema de produção de bovino de corte (Berry et al., 2014). As fêmeas que parem cedo e regularmente durante sua vida, tendem a produzir uma quantidade maior de bezerros em um tempo menor (Aby et al., 2012), aumentando a vida reprodutiva das fêmeas (Short et al., 1994) e otimizando o retorno sobre o investimento. De fato, é importante avaliar os parâmetros genéticos dessas características para maximizar a resposta à seleção. Isso pode ser obtido estimando-se os parâmetros e tendência genética e fenotípica, o que permite quantificar quanto do ganho anual observado de rebanho é devido à genética, bem como verificar possíveis efeitos ambientais (Vergara et al., 2009).

A produtividade de um rebanho é elevada quando se prioriza o acasalamento de indivíduos geneticamente superiores (Boligon et al., 2008). Em contraste, este processo faz com que a maioria das raças seja considerada como populações de tamanho limitado em relação a uma contribuição desigual de um número limitado de animais reprodutores para a próxima geração. Esta situação de uma população, especialmente se submetida a um programa de seleção constante, é considerada uma das principais causas de endogamia (Pedrosa et al., 2010). Nestas populações, teoricamente, não há introdução de animais de outros rebanhos, e aqueles considerados inadequados para a reprodução são descartados, reduzindo o número de reprodutores e a variabilidade genética. Nesse cenário, alguns alelos serão favorecidos.

Os livros geneológico italiano da Limusin e Charolais estão fechados, e a única maneira do fluxo genético acontecer, depende do uso de animais estrangeiros de elite (principalmente franceses) previamente aceitos pelo comitê de direção da associação de criadores. A importação de animais de elite tem um efeito muito positivo sobre o melhoramento genético do país importador (ou seja, a Itália), mas, ao mesmo tempo, pode aumentar a possibilidade de endogamia, porque a maioria dos animais de elite está estritamente relacionado.

O conhecimento da estrutura e variabilidade intra-populacional usando dados de pedigree permite estimar alguns parâmetros, como a endogamia, o tamanho efetivo da população e os intervalos de geração. Essas informações fornecem uma base efetiva para o manejo adequado dos recursos genéticos, aproveitando a máxima diversidade nos programas de seleção e/ou conservação (Gutierrez et al., 2003), estratégias de melhoramento (Carneiro et al., 2007), evolução e/ou história das gerações (Valera et al., 2005). Um estudo a nível europeu avaliou recentemente o pedigree das populações Limousin e Charolês em diferentes países (Bouquet et al., 2011).

No entanto, a população italiana não foi incluída, sugerindo a necessidade de mais investigações. Acredita-se que os rebanhos se tornem geneticamente diferenciados ao longo do tempo, uma vez que as populações não apresentam o mesmo histórico demográfico e são isoladas por fluxos gênicos limitados. Os estudos desses trabalhos devem, portanto, ser considerados preparatórios e indispensáveis para a posterior implementação da seleção genômica nas raças Limousin e Charolês criadas na Itália.

O objetivo do presente estudo foi: a) investigar a estrutura populacional do gado Limousin e Charolês criado na Itália, b) estimar componentes de variância e tendências genéticas para características reprodutivas.

Material e métodos

Dados

Os dados são provenientes da Associação Italiana de Criadores de bovinos Charolês e Limousin (ANACLI), e se referem a 321.286 e 96.480 animais Limousin e Charolês nascidos entre 1960 e 2017. Para estudar a estrutura populacional, utilizou-se informação de pedigree. Os parâmetros e as tendências genéticas foram calculados usando informações de animais nascidos entre 1999 e 2017. O número total de registros disponíveis foi de 48.105 e 18.500 fêmeas Limousin e 9.228 e 4.330 Charolês para intervalos entre partos e idade ao primeiro parto, respectivamente.

Estimativa de Componentes de Variância e Tendências Genéticas

Os componentes de variância obtidos pelo REML via método \hat{A} foram usados para prever os valores genéticos de todos os animais pelo pacote BLUPF90 de Misztal (1999). Para a IPP, o modelo continha os efeitos aleatórios diretos aditivos e residuais, mais os efeitos fixos de rebanho, sexo, mês e ano de nascimento do animal, tipo de parto (solteiro ou gêmeo) e endogamia como co-variável uma vez que cada animal continha seu respectivo valor. Para o IP, o modelo continha os efeitos aleatórios aditivos diretos, permanentes e residuais, bem como os efeitos fixos do rebanho, sexo do bezerro, mês e ano de nascimento do parto anterior, tipo de parto, ordem de parição e endogamia como como-variável. A endogamia foi calculada usando o software PEDIG (Boichard, 2002).

Os valores genéticos e fenotípicos foram separados por ano de nascimento dos animais de modo que as médias anuais foram calculadas. As tendências genéticas e fenotípicas foram obtidas pela regressão das médias anuais dos valores genéticos previstos em relação ao ano de nascimento dos animais, sendo ponderados por frequência (SAS, 2017).

Análise Pedigree

A estimação de parâmetros e a análise de pedigree, com base nas probabilidades de origem gênica, foram calculadas com o software ENDOG 4.8 (Gutierrez e Goyache, 2005). O índice de completude de pedigree foi calculado conforme proposto por MacCluer et al. (1983). O número de gerações completas traçadas, o número máximo de gerações traçadas e o número equivalente de gerações completas foram calculados como proposto por Maignel et

al. (1996). Para calcular o coeficiente de endogamia, foi utilizado o algoritmo proposto por Meuwissen & Luo (1992). As alterações na endogamia foram calculadas conforme descrito por Gutierrez et al. (2009).

O coeficiente individual de endogamia e geração equivalente para o indivíduo foi calculado conforme proposto por Boichard et al. (1997). A expressão relacionando endogamia na geração t com taxa de endogamia foi calculada como proposto por Gutierrez et al. (2009). O coeficiente médio de parentesco de cada indivíduo foi calculado conforme proposto por Gutierrez e Goyache (2005). O intervalo de geração foi calculado conforme proposto por James (1977). O tamanho efetivo foi calculado conforme proposto por Hill (1979). O número efetivo de fundadores e ancestrais foi calculado conforme proposto por Boichard et al. (1997).

Resultados

Estimativa de Componentes de Variância e Tendências Genéticas

As médias e desvios padrão em dias para IPP e IP foram $1191,19 \pm 307,10$ e $438,09 \pm 18,50$ na Charolês e $1099,26 \pm 232,15$ e $425,18 \pm 14,42$ na Limousin. As estimativas dos componentes de variância apresentaram valores semelhantes entre as raças (Tabela 1), com herdabilidades moderadas para IPP e baixas para o IP.

Tabela 1. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.

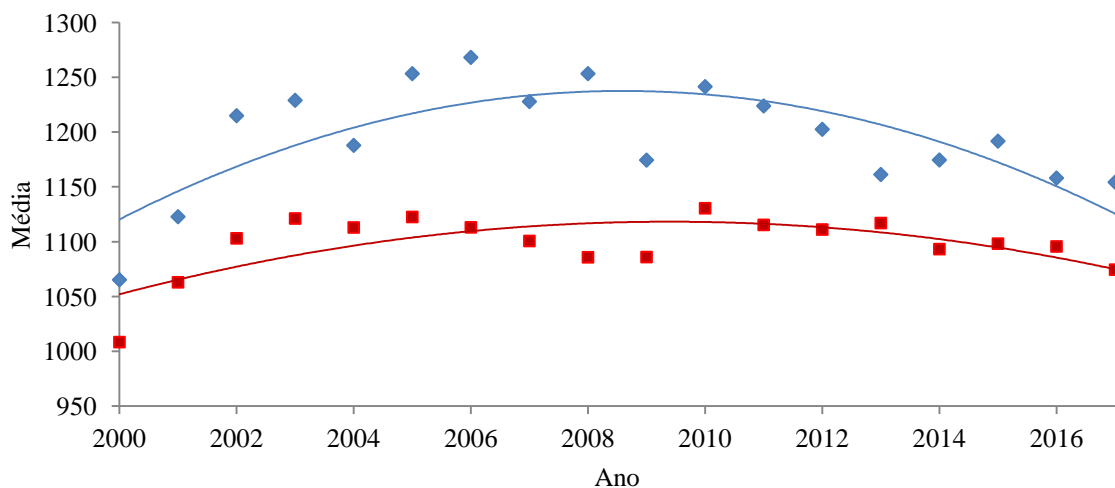
	Charolês			Limousin				
	Idade ao Primeiro Parto							
Média	σ^2_a	σ^2_r	h^2	σ^2_a	σ^2_r	h^2		
	21470	45290	0.32	10730	33200	0.24		
	Intervalo entre parto							
Média	σ^2_a	σ^2_{ep}	σ^2_r	h^2	σ^2_a	σ^2_{ep}	σ^2_r	h^2
	304.60	142.20	11920.0	0.02	268.10	256.8	9233.00	0.03

σ^2_a : componente de variância genética aditiva; σ^2_{ep} : componente de variância de ambiente permanente; σ^2_r : variância residual; h^2 herdabilidade.

A tendência fenotípica para IPP foi significativa ($P < 0,001$) em ambas as raças. Foi possível observar uma redução nos últimos anos para IPP e ambas as raças (Figura 1-A),

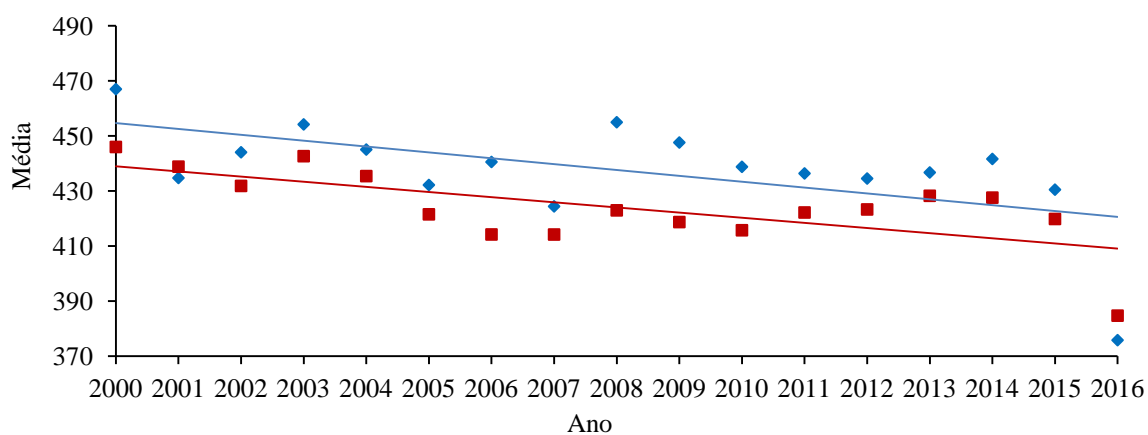
com grandes variações entre os anos, o que não permitiu um alto coeficiente de determinação (R^2). A função mais adequada foi a quadrática, pois nota-se que até o ano de 2006 os eventos causaram piora nos valores fenotípicos, posteriormente, ajustes permitiram ganhos fenotípicos novamente. A tendência fenotípica para IP (Figura 1-B) também foi significativa, com uma redução média de 1,9 dias por ano em ambas as raças, no entanto, em termos absolutos, representou uma diferença de 31,2 e 30,90 dias a menos para Charolês e Limousin, respectivamente.

A



◆ Charolais ($y = -1.5871x^2 + 6375.7x - 6E+06$ / $R^2 = 0.57$) ■ Limousine ($y = -0.7507x^2 + 3016.7x - 3E+06$ / $R^2 = 0.49$)

B

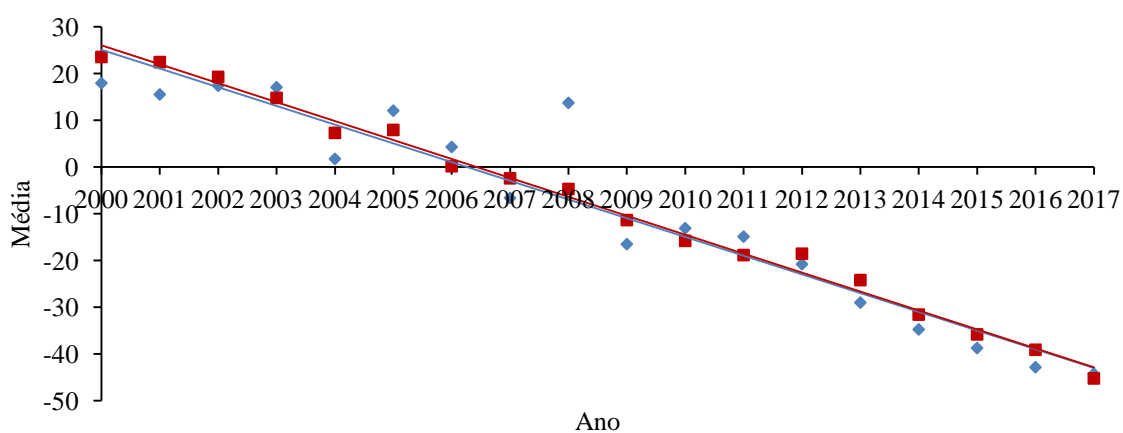


◆ Charolais ($y = -1.9489x + 4350.5$ / $R^2 = 0.31$) ■ Limousine ($y = -1.9322x + 4304.1$ / $R^2 = 0.51$)

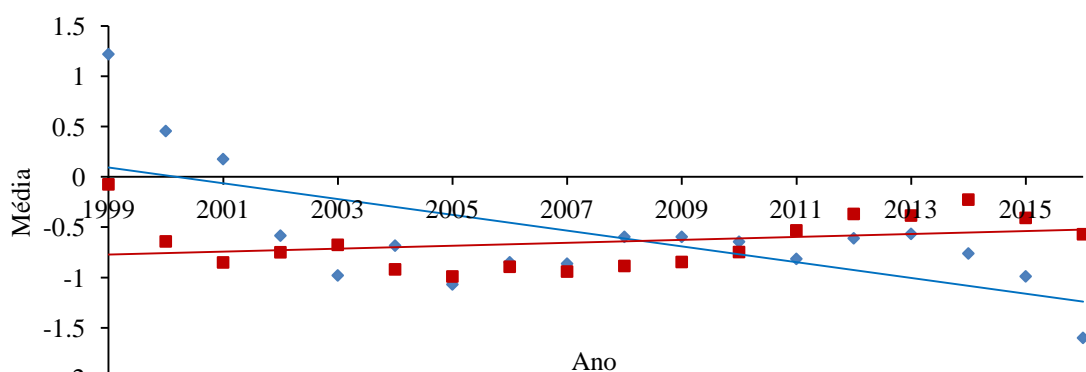
Figura 1. Tendências fenotípicas para idade ao primeiro parto (A) e intervalos entre partos (B) em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.

A tendência genética para IPP foi significativa ($P < 0,001$) e levou a uma redução de 3,64 dias/ano para Charolês e 4,70 dias/ano para Limousin (Figura 2-A). Em ambas as raças, melhorias foram observadas na tendência genética a partir do ano de 2009. Esta melhora da IPP representou uma diminuição total de 61,90 e 79,90 dias para Charolês e Limousin, respectivamente. As tendências genéticas de IP (Figura 2-B), para ambas as raças, foram significativas ($P < 0,001$), mas com grandes variações ao longo dos anos, confirmadas pela magnitude moderada (Charolês) e baixa (Limousin) do R^2 . Em geral, a redução do IP foi baixa, 1,40 e 0,50 dias ao longo do período estudado para Charolês e Limousin, respectivamente.

A



◆ Charolais ($y = -3.64331 * x + 7308.47 / R^2 = 0.90$) ■ Limousine ($y = -4.7022 * x + 9432.16 / R^2 = 0.81$)



◆ Charolais ($y = -0.0825x + 165.16 / R^2 = 0.50$) ■ Limousine ($y = 0.0271x - 55.191 / R^2 = 0.20$)

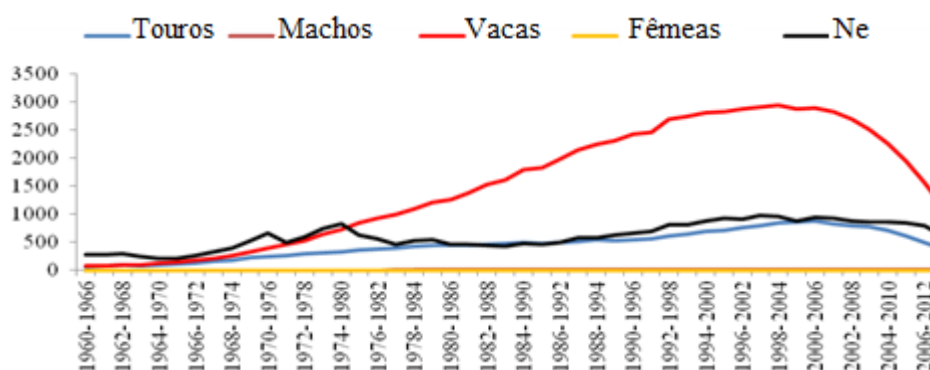
B

Figura 2. Tendências genéticas para idade no primeiro parto (A) e intervalo de parto (B) em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.

Análise Pedigree

Estimativas dos intervalos de geração para Limousin foram $7,26 \pm 10,13$ (touro-filho), $6,22 \pm 6,90$ (pai-filha), $9,11 \pm 12,51$ (mãe-filho) e $7,52 \pm 8,05$ (mãe-filha), resultando no intervalo médio de geração de $7,05 \pm 8,14$ anos. Intervalos de geração para a Charolês foram: $6,30 \pm 7,29$ (touro-filho), $5,44 \pm 4,73$ (pai-filha), $7,57 \pm 8,57$ (mãe-filho) e $7,81 \pm 8,18$ (mãe-filha) com uma média de $6,70 \pm 7,01$ anos. Na Charolês, o número de touros e vacas teve uma tendência de aumento linear (baixa variação) (Figura 3-A) de 1977 a 2007, havendo um aumento no tamanho efetivo. A Charolês mostrou aumento acentuado no tamanho efetivo a partir de 1991 atingindo o valor máximo (1000,31) no último período (2005 a 2011), seguido por um declínio. A Limousin apresentou comportamento semelhante e, no período de 1997 a 2007, o número de touros, vacas e tamanho efetivo aumentou acentuadamente (Figura 3-B). A partir de 2009, o número de touros e vacas diminuiu. O número efetivo aumentou de forma constante. Durante o último intervalo de avaliação (2005 a 2011), o número efetivo foi quatro vezes maior do que o encontrado no primeiro intervalo (1974 a 1980).

A



B

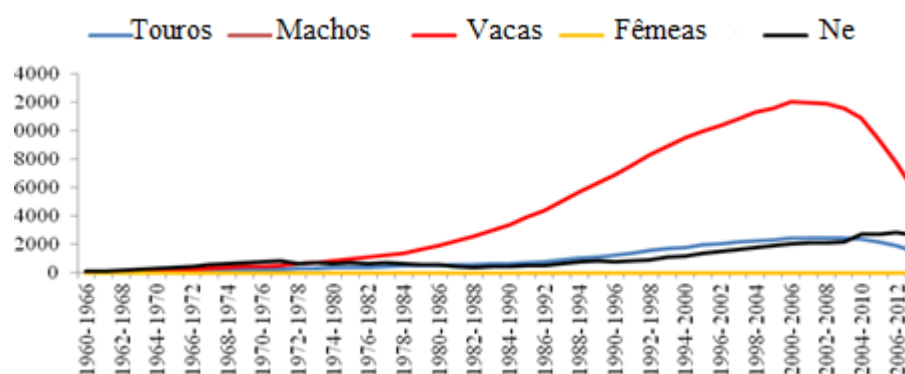


Figura 3. Número de reprodutores, número médio de bezeros por reprodutores e tamanho efetivo, em intervalos de 6 anos, de 1960 a 2013 para bovinos Charolês (A) e Limousin (B) criado na Itália. Ne: tamanho efetivo.

Todos os rebanhos de ambas as raças utilizam touros externos, não tendo classificação como núcleo ou isolados (Tabela 2). Os rebanhos que vendem touros foram 39,13% e 29,55% para a Limousin e Charolês, respectivamente, enquanto 59,47% e 70,50% são rebanhos comerciais.

Tabela 2. Classificação dos rebanhos registrados de bovinos Limousin e Charolês criados na Itália, de acordo com o uso e a origem dos touros.

Tipo de rebanho	Limousin					Charolês				
	UTE	UTP	VT	NR	PTE	UTE	UTP	VT	NR	PTE
Nucleos	Não	Sim	Sim	0	0	Não	Sim	Sim	0	0
Multiplicador	Sim	Sim	Sim	794	53.18%	Sim	Sim	Sim	218	55.45%
Multiplicador	Sim	Não	Sim	81	100%	Sim	Não	Sim	17	100%
Comercial	Sim	Sim	Não	566	54.66%	Sim	Sim	Não	198	50.77%
Comercial	Sim	Não	Não	718	100%	Sim	Não	Não	362	100%
Isolado	No	Sim	Não	0	0	Não	Sim	Não	0	0

UTE: use touros externos; UTP: use touros próprios; VT: vender touros; NR: número de rebanhos; PTE: porcentagem de touros externos.

A completitude do pedigree da Limousin foi moderada, nas três primeiras gerações, onde foram obtidos valores de 84,14, 68,72 e 60,11 em porcentagem (Figura 4). Em contraste, a completude do Charolês também foi de média moderada, com valores de 77,27, 59,70 e 51,03 para a primeira, segunda e terceira geração; no entanto, deve-se notar que os valores de Limousin são ligeiramente melhores que os da Charolês.

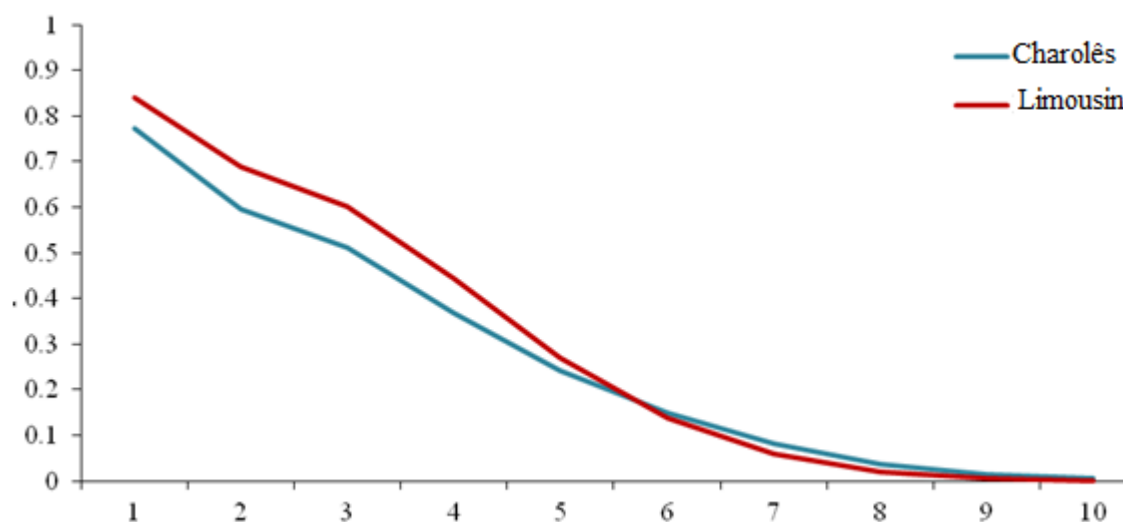


Figura 4. Porcentagem de ancestrais conhecidos nas primeiras dez gerações no rebanho de Limousin e Charolês.

O número efetivo de fundadores (fe) e ancestrais (fa) foi 1079 e 513 ($fe/fa=2,10$) para Limousin e 1310 e 470 ($fe/fa=2,78$) para Charolês, com a relação fe/fa sempre superior a 2,00 para ambas as raças, indicando um baixo equilíbrio entre as contribuições dos fundadores e dos ancestrais e a forte presença do “efeito gargalo”. Trezentos ancestrais são necessários para responder por quase 50% da variabilidade genética na população de Limousin, enquanto apenas 213 na raça Charolês. Outros parâmetros populacionais são mostrados na tabela 3.

Tabela 3. Parâmetros populacionais dos bovinos Limousin e Charolês criados na Itália.

Parâmetros populacionais	Número de animais	
	Limousin	Charolês
População total	321286	96840
Tamanho efetivo da população dos fundadores	1549.36	2191.43
Previsão de endogamia devido ao desequilíbrio da contribuição do fundador	0.03%	0.02%
Número de Ancestrais que contribuem para a População de Referência	33942	12251
Número de animais fundadores com um ou mais pais desconhecidos	56430	24775
Número equivalente de animais fundadores (um pai desconhecido)	50951.5	22011.0
Número de animais dentro da população de referência	264856	72065

O baixo número médio de gerações está relacionado ao baixo número de ancestrais conhecidos, com uma estimativa mais precisa da endogamia com pedigrees mais profundos (Tabela 4). O número médio de gerações rastreadas foi inversamente proporcional à endogamia e número efetivo em todos os três tipos de geração considerados (completa, equivalente e máximo). Os resultados para o tipo de geração equivalente estão posicionados no meio para todos os parâmetros que confirmam que um pedigree superficial tende a subestimar a endogamia e superestimar o tamanho efetivo.

Tabela 4. Número médio de gerações rastreadas (ANTG), aumento da endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração em bovinos Charolês e Limousin.

Tipo de geração	Limousin			Charolês		
	ANTG	ΔF (%)	N_e	ANTG	ΔF (%)	N_e
Completa ¹	1.79	0.47	105.97	1.51	0.85	59.14
Maxima ²	5.82	0.14	355.97	6.32	0.15	329.75
Equivalente ³	3.07	0.38	132.64	2.78	0.55	91.60

¹ A geração mais distante, na qual todos os ancestrais são conhecidos.

² Número de gerações que separam um indivíduo do primeiro ancestral.

³ Soma dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, onde n é o número de geração que separa um indivíduo de cada ancestral conhecido.

O coeficiente de endogamia para as gerações máximas aumentou ao longo das gerações, passando de 0,06% e 0,09%, no segundo, para 3,70% e 7,56% no quinto, para Limousin e Charolês, respectivamente (Tabela 5). Considerando a endogamia média dos indivíduos do acasalamento entre parentes, observou-se um pico na primeira geração, reduzindo-se gradativamente até a quarta geração, com grande aumento na geração seguinte.

Tabela 5. Coeficiente médio de endogamia (F%), percentual de indivíduos consanguíneos (Inb%), média de F para endogamia (FInb%), coeficiente médio de razão (AR%) e tamanho efetivo (N_e).

Gen.	Limousin					Charolês						
	N	F (%)	Inb%	FInb%	AR%	N_e	N	F (%)	Inb %	FInb %	AR%	N_e
Endogamia média por geração completa												
0	56430	0.00	0.00	0.00	0.01		24775	0.00	0.00	0.00	0.02	
1	90596	0.06	0.91	6.77	0.16	813.40	29099	0.09	1.28	6.97	0.18	559.6

2	66865	1.27	23.58	5.37	0.25	41.50	18644	1.69	25.40	6.67	0.28	31.1
3	80750	1.14	29.21	3.89	0.28		18286	1.88	36.68	5.13	0.34	262.2
4	25579	1.69	55.42	3.05	0.34	116.80	5509	3.43	72.46	4.73	0.41	31.7
5	1064	3.70	86.47	4.28	0.40	24.30	527	7.56	92.98	8.13	0.46	11.6

N: número de indivíduos. Gen.: gerações.

O coeficiente médio de relacionamento aumentou desde da primeira para a quinta geração em ambas as raças. A ausência de N para Limousin na geração 3 deve-se ao cálculo realizado pelo software Endog, que estima N do aumento no coeficiente médio de endogamia entre duas gerações subsequentes. Neste caso, uma redução de endogamia foi observada e, por causa disso, o software não forneceu um valor.

Entre os dez ancestrais mais importantes (fundadores ou não), com contribuição para a variabilidade genética na população de referência, não havia fêmeas para o Charolês e apenas uma para a Limousin. Na Limousin, o animal mais importante contribuiu para 1,78% da variabilidade genética, deixando 323 descendentes ao longo das gerações, e em geral, os dez principais ancestrais da população contribuíram com 9,08% da variabilidade genética e deixaram 1885 descendentes ao longo das gerações.

Para o Charolês, o animal mais importante contribuiu para 1,40% da variabilidade genética, deixando 50 descendentes ao longo das gerações e, em geral, os dez principais ancestrais da população, contribuíram com 8,87% da variabilidade genética e deixaram 1211 descendentes ao longo do gerações.

Discussão

Considerando a herdabilidade observada para IPP, verifica-se a possibilidade de ganho genético por seleção. Como estratégia sugere-se, submeter precocemente as fêmeas na reprodução, o que ajuda a identificar os touros que produzem filhas precoces durante o processo seletivo; isso permite que alguns animais expressem seu potencial genético para a precocidade sexual. A gestão e seleção que foram praticadas nos últimos anos proporcionaram melhorias para esta característica no Charolês. A expressão limitada do potencial genético no Limousin, como mostrado pela tendência fenotípica, pode estar relacionada a vários fatores de manejo ou falta de seleção (não existe um Sumário de Touros para o caracteres reprodutivos).

Para IP, a grande influência do efeitos não-aditivos e ambientais indica que a variação dessa característica depende mais das condições adequadas de manejo, indicando que há maior dificuldade de seleção direta. Para IP, a tendência quase nula de origem genética

pode ser parcialmente explicada pela pequena variabilidade genética ou pela ausência de seleção para essa característica; no entanto, como mostrou a tendência fenotípica, melhorias ambientais permitiram uma redução de ≈ 33 dias de IP para as raças. Isso está indicando que os criadores de Limousin tiveram controle direto ou indireto maior sob o gerenciamento ambiental. Em geral, deve-se notar que, embora os ganhos genéticos obtidos para as características de IPP e IP apresentem valores médios e baixos, respectivamente, a tendência genética deve ser considerada, uma vez que as mudanças genéticas são estáveis, cumulativas e permanentes ao longo dos anos.

O período com os maiores ganhos médios dos valores genéticos do IPP começou em 1999 (-22 dias), e em 2016 a um redução de 56 dias para a Charolês. Para o IP, houve picos em diferentes períodos, destacando-se 2005 (1,06 dias menos), 2015 (0,98 dias menos) e 2016 (1,59 dias menos). A Limousin apresentou um aumento constante no valor genético dos animais para o IPP desde 2012 (18,55 dias menos) com atualmente (2017) a maior redução (45,23 dias menos). Em contraste, o ganho genético para IP na raça Limousin foi baixo, sem tendência facilmente identificável.

O ganho genético ao longo do ano e o número efetivo aumentaram de forma similar no Charolês tanto para a IPP quanto para a IP, mas mesmo com o declínio do tamanho efetivo, os ganhos permaneceram. Pode-se supor que o efeito do tamanho do Charolês tendeu a reduzir após o pico observado entre 2005 e 2011, devido à redução do uso de touros estrangeiros a partir deste período. Neste período, os criadores italianos já possuíam animais locais suficientes para estabelecer um processo seletivo sem recorrer à genética estrangeira.

Para Limousin, o tamanho efetivo continuou a aumentar a partir de 1997, com ligeiras oscilações entre 2003 e 2009. Além disso, o ganho genético da IPP foi contínuo, com um pico em 2017 que é quase 22 vezes o valor de 2007, onde o aumento do valor genético médio forneceu os primeiros resultados significativos. Devido à grande instabilidade e baixo ganho de IP, nenhuma explicação conclusiva pode ser tirada. Deve-se notar que, para a Limousin, o baixo aumento no tamanho efetivo entre 1994 e 1997 pode ser explicado pelo uso excessivo de alguns touros e pode ser reforçado pela relação entre o touro e a prole.

O aumento contínuo do tamanho efetivo da Limousin a partir de 1997 pode ser explicado pela difusão da raça na Itália, sendo considerada a mais expressiva em rebanhos destinados a bovinos de corte. O livro genealógico começou oficialmente em 1999, enquanto o primeiro Sumário para touros italianos (apenas Limousin) estava disponível alguns anos depois. No entanto, exclusivo para características produtivas (pesos). Segundo dados disponíveis na ANACLI (2017), o número de rebanhos aumentou de 337 em 2005 para 1.685 em 2016, representando aproximadamente 12% a mais em comparação com a Charolês no

mesmo período, e no total, a Limousin tem 3 vezes mais rebanhos do que Charolês. Outro fator a ser destacado é a otimização do intervalo de geração para ambas as raças, pois grandes intervalos diminuem o ganho genético anual em relação às características selecionadas, o que leva a um menor retorno econômico do programa de melhoramento. A fim de aumentar os ganhos genéticos, é fundamental reduzir o intervalo de geração, aumentar o tamanho efetivo, usar mais reprodutores e controlar o acasalamento de animais relacionados (Malhado et al., 2008).

O uso prolongado de reprodutores permite que os animais de idades avançadas sejam aproveitados por longos períodos. Este processo é demonstrado em todas as passagens gaméticas, principalmente de mãe para filho e de mãe para filha, que obtiveram os maiores valores. Recomenda-se cautela ao considerar a longevidade reprodutiva no sistema de produção, porque quando não há uma estratégia de acasalamento cuidadosa, há um risco de cruzamento entre animais da mesma família, o que pode levar a um aumento de endogamia ou diminuição em N , conseqüentemente, no ganho genético (Rezende et al., 2017).

Verificou-se que o aumento das gerações conhecidas permite estimações mais precisas sobre a estrutura populacional, fundamentais para procedimentos de melhoramento genético de ambas as raças, e para melhorar a confiabilidade nos parâmetros populacionais. Isso também foi relatado por Carneiro et al. (2007). A extensão do "efeito gargalo" genético expresso pela relação fe/fa esteve presente em ambas as raças, com risco sob este ponto de vista, uma vez que o ideal é que o número de animais efetivos seja o mais próximo possível do tamanho da população fundadora (Vozzi et al., 2006).

A maior variabilidade genética observada no Charolês em relação à Limousin pode ser explicada pela estrutura de pedigree das raças; na Charolês ainda tem grande influência na troca e/ou comercialização de animais de outros países, enquanto a Limousin já possui uma grande distribuição de rebanhos na Itália. Enfatiza que essa variabilidade é devida ao fluxo gênico e não a poucos fundadores, uma vez que a relação fe/fa indica a presença do efeito gargalo e a participação dos ancestrais é menor, o que resulta na redução da variabilidade e, conseqüentemente, aumenta a endogamia. Isto foi observado ao longo das gerações em que N teve uma redução em ambas as raças. Os valores da relação média também aumentaram ao longo das gerações, evidenciando que alguns animais foram utilizados de forma mais intensa.

Sabe-se que a variabilidade genética em determinada população é fundamental para aumentar o retorno a curto e longo prazo da seleção, bem como para fins de conservação; ambas as raças utilizam touros externos, o que é adequado para o fluxo gênico entre os rebanhos, pois possibilita evitar a subdivisão, o que pode agravar os problemas de conservação dos grupos genéticos (Rezende et al., 2017). O objetivo de ambas as raças é

focado em rebanhos comerciais e o uso adequado de endogamia pelos produtores pode garantir uniformidade de raça e/ou fixação de traços em linhagens cujos produtos são mais aceitos comercialmente (Pincher, 1985).

Em ambas as raças, o valor médio das gerações completas traçadas indica que apenas um pequeno número de ancestrais é conhecido justificando as maiores diferenças do aumento da endogamia com os três tipos de gerações estudadas; no entanto, o maior número de ancestrais pode ser observado para o método de geração máxima, refletindo um aumento menor na endogamia e um tamanho efetivo maior. É essencial fazer estimativas do tamanho efetivo médio, estimado com diferentes tipos de gerações, já que são úteis para indicar o limite superior (gerações rastreadas completas), limite inferior (gerações rastreadas máximas) e o limite real (gerações equivalentes rastreadas) em populações onde a informação genealógica é escassa (Gutierrez e Goyache, 2005).

O aumento gradual do coeficiente de endogamia e a porcentagem de indivíduos endogâmicos durante as gerações podem ser explicados pelo aumento da informação disponível para a estimação. Nesse contexto, quanto mais conhecidas as gerações completas de um indivíduo, maior a possibilidade de um ancestral aparecer em seu pedigree. A redução da endogamia média pode indicar o possível cuidado em evitar endogamia. Deve-se notar que a implementação substancial de tecnologias de reprodução assistida contribui para o aumento da endogamia (Scraggs et al., 2014) quando não utilizada corretamente, o que causa preocupação na pecuária (Santana et al., 2016). Uma alternativa sugerida seria controlar o coeficiente de endogamia da prole escolhendo pais com valores de coeficiente de parentesco baixo, uma vez que isso é definido como a probabilidade de um alelo, escolhido aleatoriamente, pertencer a um animal específico; em outras palavras, a representação do animal em seu pedigree (Gutiérrez e Goyache, 2005).

No uso prático, sugere-se iniciar a atividade de seleção para características reprodutivas com controle adequado dos parâmetros populacionais. Este processo pode ser bem sucedido com técnicos de campo, previamente preparados para executar as recomendações de acasalamento adequado aos fazendeiros. Outra sugestão é a criação de um Sumário de touros mais específico, que pode ser adaptado a cada sistema de produção. No entanto, este é um trabalho difícil de fazer, mas como já foi relatado, todos esses resultados serão utilizados na implementação do projeto de seleção genômica para ambas as raças na Itália. Assim, acredita-se que após a seleção genética (Sumário de touros com informações genômicas), será possível antecipar o progresso genético dessas características reprodutivas, monitorar a endogamia e definir estratégias mais adequadas para a manutenção da diversidade

genética. Vários estudos têm mostrado que avanços podem ser alcançados na produção de gado usando a seleção genômica (Gaddis et al., 2014, Calus et al., 2013, Hayes et al., 2013).

Conclusão

Ganho genético para IPP é possível usando seleção. Melhorias no IPP sofreram desde o início da avaliação dos animais até os dias atuais; no entanto, os ganhos genéticos podem ser otimizados, dada a existência de variabilidade genética aditiva moderada. Por outro lado, poucas mudanças são possíveis através da seleção do IP, e entre os anos não se verificaram ganhos de origens genéticas; enquanto ganhos fenotípicos devido a melhorias no ambiente de produção são possíveis.

As raças apresentaram um número reduzido de animais na formação genética e completude moderada do pedigree; todavia, suficiente para estimar os parâmetros populacionais. O efeito “gargalo” foi de alta magnitude em ambas as raças. Uma das formas possíveis de aumentar o ganho genético anual seria a redução do intervalo de geração.

Referências

Aby BA, Aass L, Sehested E, Vangen O (2012) Effects of changes in external production conditions on economic values of traits in Continental and British beef cattle breeds. *Livestock Science* 150,80–93.

ANACLI. <http://www.anacli.it/WEBSITE/index.php?&pagid=2455&sessione=>

Berry DP, Wall E, Pryce JE (2014) Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal* 8,105–121.

Boichard D, Maignel L, Verrier E (1997) The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* 29,5-23.

Boichard, D (2002) Pedig: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: ‘Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production’. pp.13-28. (Montpellier: Institut National de la Recherche Agronomique).

Boligon, AA, Albuquerque LG, Rorato PRN (2008) Genetic associations among weights and reproductive traits in Nellore cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia* 37,596–601.

Bouquet A, Venot E, Laloë D, Forabosco F, Fogh A, Pabiou T, Moore K, Eriksson JA, Renand G, Phocas F (2011) Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *Journal of Animal Science* 89,1719–1730.

Calus MPL, Hass Y, Pszczola M, Veerkamp RF (2013) Predicted accuracy of and response to genomic selection for new traits in dairy cattle. *Animal* 7,183-191.

Carneiro PLS, Malhado CHM, Euclides RF, Carneiro APS, Cunha EE (2007) Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or marker assisted selection methods. *Revista Brasileira de Zootecnia* 36,369-375.

Gaddis KLP, Cole JB, Clay JS, Maltecca C (2014) Genomic selection for producer-recorded health event data in US dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 97,3190-3199.

Garay ODV, Humanes NM, Murillo JMF, Pérez MH, Loaiza RA, Pinto CR, Sotelo JCS (2015) Heritabilities, correlations, and genetic trends for reproductive traits of a multiracial cattle population in Colombia. *CES Medicina Veterinaria y Zootecnia* 10,8-17.

Giorgetti A, Lucifero M, Acciaioli A, Sargentini C, Martini A (1992) Caratteristiche produttive di vitelloni Chianini, Charolais e Limousins. Rilievi alla sezionatura commerciale. *Zootec Nutr Animal* 18,84-85.

Gutierrez JP, Altarriba J, Diaz C, Quintanilla R, Canon J, Piedrafita J (2003) Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution* 35,43–63.

Gutiérrez JP, Goyache F (2005) A Note on ENDOG a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122,172-176.

Hill WG (1979) A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics* 92,317-322.

Hayes BJ, Lewin HA, Goddard ME (2013) The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends in Genetics* 29,206-214.

James JW (1977) A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Animal Science* 24,109-112.

Maccluer J, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfenning QW, Parsons CJ (1983) Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity* 74,394-399.

Maignel L, Boichard D, Verrier E (1996) Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull* 14,49-54.

Meuwissen TI, Luo Z (1992) Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution* 24,305-313.

Malhado CHM, Carneiro PLS, Pereira DG, Martins Filho R (2008) Genetic trend and population structure in Nellore cattle in Bahia State, Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 43,1163-1169.

Malhado CHM, Malhado ACM, Martins Filho R, Carneiro PLS, Pala A, Carrillo JA (2013) Age at first calving of Nellore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. *Livestock Science* 154,28–33.

Misztal I (1997) Estimation of variance components with large-scale dominance models. *Journal Dairy Science* 80,965-974.

Misztal, I, Tsuruta S, Strabel T, Auvray B, Druet T, Lee DH (2002) BLUPF90 and related programs (BGF90) Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Anais...Montpellier, France: 2002. <http://www.wcgalp.org/system/files/proceedings/2002/blupf90-and-related-programs-bgf90.pdf>

Pedrosa VB, Santana Junior ML, Oliveira PS, Eler JP, Ferraz JBS (2010) Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Ruminant Research* 93,135-139.

Robertson A (1961) Inbreeding in artificial selection programmes. *Genetics Research* 2,189–94.

Rezende MPG, Conde EASL, Borges AC, Carneiro PLS, Martins Filho R, Malhado CHM (2017) Population structure of the Nellore herd reared in the Brazilian Northeast Semi-arid. *Ciência Animal Brasileira* 18,1-14.

Santana ML, Pereira RJ, Bignardi AB, Ayres DR, Menezes GRO, Silva LOC, Leroy G, Machado CHC, Josahkian LA, Albuquerque LG (2016) Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. *Livestock Science* 187,6-15.

SAS Institute (Cary, EUA). Statistical analysis system: user's guide. 2017.

Scraggs E, Zanella R, Wojtowicz A, Taylor JF, Gaskins CT, Reeves JJ, Avila JM, Neibergs HL (2014) Estimation of inbreeding and effective population size of fullblood Wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 131,3–10.

Short RE, Staigmiller RB, Bellows RA, Greer RC (1994) Breeding heifers at one year of age: biological and economic considerations. In `Factors Affecting Calf Crop´. (Ed.) pp.55-68. (CRC Press: London).

Spiegelhalter D, Best N, Carlin B, Van der Linde A (2002) Bayesian Measures of Complexity and Fit. *Journal of the Royal Statistical Society* 64,583–639.

Valera M, Molina A, Gutiérrez JP, Gómez J, Goyache F (2005) Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Production Science* 95,57-66.

Vergara OD, Elzo MA, Cerón-Muñoz MF (2009) Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro Zebu multibreed cattle population in Colombia. *Livestock Science* 126,318-322.

Vozzi PA, Marcondes CR, Magnabosco CU, Bezerra LAF, Lobo RB. 2006. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. *Genetics and Molecular Biology* 29,482-485.

Artigo na norma do Journal of Agricultural Science

Interação genótipo x ambiente via modelos de normas de reação para idade ao primeiro parto em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália

RESUMO

Os genótipos têm respostas diferenciadas em função das variações das condições ambientais e isso pode causar alteração na ordenação dos genótipos no gradiente ambiental (IGA). Assim, objetivamos avaliar o IGA para a idade ao primeiro parto (IPP) no gado Limousin e Charolês criado na Itália, usando o MNR. Foram utilizadas informações de 35255 animais Limousin e 7339 Charolês, nascidos entre 1999 e 2017. O modelo animal padrão (MA), que ignora o IGA, e os modelos hierárquicos de normas de reação com variâncias residuais homogêneas e heterogêneas com um e dois passos (MHNRRHO1P MHNRRHO2P, MHNRRHE1P e MHNRRHE2P, respectivamente). Em ambas as raças, o modelo MHNRRHOP1 apresentou o melhor ajuste. Em ambientes favoráveis (menor IPP) houve menor variação fenotípica. Nesse ambiente, a expressão de IPP dos animais é próxima e isso pode ter levado a estimativas mais baixa de σ_a^2 e, conseqüentemente, menor h^2 . No Charolês, o h^2 para o modelo animal foi de 0,13, enquanto para o MHNRRHOP1 o valor variou ao longo do gradiente ambiental de 0,06 para 0,13, para ambientes IPP baixos e altos, respectivamente. No Charolês o h^2 para o modelo animal foi de 0,13, enquanto para o MHNRRHOP1 o valor variou ao longo do gradiente ambiental de 0,06 para 0,13, para ambientes IPP baixos e altos, respectivamente. Na Limousin, foi observado um menor valor de h^2 para o modelo animal (0,06), com MHNRRHOP1 variando de 0 a 0,15. Em ambas as raças os touros com maior mérito genético para um ambiente não são recomendados para outro, caracterizando a existência do IGA. Em Charolês e Limousin, mais de 93,75% e 87,72% dos touros, respectivamente, apresentaram genótipos extremamente robustos ou robustos, sendo o restante sensível ou extremamente sensível. Embora a maioria dos touros seja robusta, ainda há touros que reagem ao ambiente e isso pode levar à escolha errada dos criadores. Conclui-se que o IGA deve ser considerado na seleção para IPP nas duas raças criadas na Itália.

Palavras-chave: avaliação genética, correlação genética, eficiência reprodutiva, plasticidade fenotípica, sensibilidade ambiental.

ABSTRACT

The genotypes have differentiated responses as a function of the variations of the environmental conditions and this can cause alteration of the genotype ordering in the environmental gradient. Thus, we aimed to evaluate GEI for age at first calving (AFC) in the

Limousine and Charolais cattle raised in Italy, using MNR. Information was used on 35255 Limousine and 7339 Charolais animals, born between 1999 and 2017. The standard animal model (AM), which ignores the GEI, and the hierarchical models of reaction norms with homogeneous and heterogeneous residual variances with one and two steps (MHNRRHO1P, MHNRRHO2P, MHNRRHE1P, and MHNRRHE2P, respectively) were used. In both breeds, the MHNRRHOP1 model presented the best fit. In favorable environments (lower AFC) there was lower phenotype variation. In this environment, the AFC expression of the animals is close and this may have led to lower estimates of σ_a^2 and, consequently, lower h^2 . In the Charolais, the h^2 for the animal model was 0.13, whereas for MHNRRHOP1 the value varied throughout the environmental gradient from 0.06 to 0.13, for low and high AFC environments, respectively. In the Charolais the h^2 for the animal model was 0.13, whereas for MHNRRHOP1 the value varied throughout the environmental gradient from 0.06 to 0.13, for low and high AFC environments, respectively. In the Limousine, it was observed a lower h^2 value for the animal model (0.06), with MHNRRHOP1 varying from 0 to 0.15. In both breeds bulls with higher genetic merits for one environment are not recommended for another, characterizing the existence of the GEI. In Charolais and Limousine, more than 93.75% and 87.72% of the bulls, respectively, presented extremely robust or robust genotypes, and the rest sensitive or extremely sensitive. Although most bulls are robust there are still bulls reactive to the environment and this can lead to the wrong choice of breeders. It is concluded that GEI should be considered in the selection for AFC in both breeds created in Italy.

Keywords: genetic evaluation, genetic correlation, reproductive efficiency, phenotypic plasticity, environmental sensitivity.

Introdução

O desempenho reprodutivo compõe um dos fatores determinantes na viabilidade econômica da produção de bovinos (Berry et al., 2014). A idade ao primeiro parto esta relacionada com as taxas de natalidade, habilidade de conceber, precocidade e à longevidade produtiva das vacas (Bormann e Wilson, 2010), além de correlações genéticas favoráveis com características físicas e morfológicas do sêmen (Dias et al., 2008).

As fêmeas com maior eficiência reprodutiva passam menos tempo ociosas no rebanho (Laureano et al., 2011), produzem mais bezerros por período de tempo (Aby et al., 2012), além de diminuir o intervalo de gerações (Lira et al., 2008), possibilitando intensificar a intensidade de seleção (Azevedo et al., 2006). Assim, rebanhos com elevada precocidade

sexual e fertilidade apresentam maiores progressos genéticos (Marestone et al., 2013). Isto justifica a necessidade de considerar aspecto reprodutivo como objetivos de seleção nos programas de melhoramento genético.

Os genótipos possuem respostas de acordo com às variações das condições ambientais, e isso, pode ocasionar alteração do ordenamento de desempenho dos genótipos dependendo do gradiente ambiental (Falconer e Mackay, 1996). Para isso, a avaliação da interação genótipo com o ambiente (IGA) é uma das alternativas eficiente para minimizar esses problemas. A IGA para características reprodutivas já foram encontradas, mostrando que a seleção dos touros devem considerar os ambientes em que suas progênes serão criadas (Nesser et al., 2014; Montaldo et al., 2017). Todavia, os programas de melhoramento de bovinos na Itália não utilizam a IGA, o que justifica a importância deste trabalho na divulgação de tecnologias capazes de identificar indivíduos geneticamente superiores para características reprodutivas de fêmeas.

Dentre as técnicas para avaliação da IGA, cita-se o modelo de norma de reação (MNR). Sua avaliação baseia-se no conjunto completo de trajetórias ontogênicas multivariadas que um genótipo pode produzir, quando exposto em ambientes diferentes (Schlichting & Pigliucci, 1998). Isto permite descrever a variação gradual e contínua dos genótipos, em características economicamente importantes, ao longo de um gradiente ambiental (De Jong, 1995). Os genótipos mais estáveis tendem a ser indicados como superiores, entretanto não são obrigatoriamente os melhores em todos os ambientes (Ambrosini et al., 2016).

Com o resultado da MNR, pode-se caracterizar rebanhos com características de sensibilidade ambiental, em que se uniformiza desempenhos em ambientes distintos e privilegia genótipos que respondem às melhorias ambientais para determinada característica. Em geral, o uso dos MNR na escolha dos animais superiores pode impor uma mudança de paradigma nas estratégias de seleção, pois para cada ambiente um diferente valor genético poderá ser obtido para o candidato à seleção (Mattar et al., 2011).

As raças Limousin e Charolês são de origem francesas e passaram a serem exportadas para diferentes países com a finalidade do uso em sistemas de produção de bovinos puros ou mestiços (Bouquet et al., 2011). Em geral, as principais características desses animais, é o corpo robusto, musculoso, boa taxa de conversão alimentar e facilidade de parto (Giorgetti et al., 1992). No momento existem, respectivamente, uma população de cerca de 5.500 e 19.000 vacas registradas no Livro Genealógico (ANACLI, 2017). Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a interação genótipo x ambiente (IGA) para idade ao primeiro parto (IPP) em bovinos Limousin e Charolês criados na Itália usando norma de reação.

Material e métodos

Dados

Os dados provêm da Associação Italiana de Criadores de Charolês e Limousin (ANACLI) e incluem informações de animais nascidos entre 1999 e 2017. Para a IPP, foram utilizadas informações de 18500 fêmeas para a Limousin e 4330 fêmeas da raça Charolês.

Interação GxA

Em ambas as raças formaram-se grupos contemporâneos (GC), considerando-se fazenda, ano e estação. O grau de conectabilidade entre os GC foi baseado no número total de laços genéticos diretos entre um GC e outro. Para isto foi utilizado o programa AMC (Roso e Schenkel, 2006) com, no mínimo, 10 laços genéticos de conectabilidade entre os GC, sob um modelo animal. A avaliação da IGA foi realizada usando um modelo hierárquico de normas de reação, em que o valor genético do animal foi obtido por uma função linear do valor ambiental, por meio de regressão aleatória. Para obtenção das normas de reação via regressão aleatória, foi utilizado o programa INTERGEN (Cardoso, 2007),

Utilizou-se um modelo animal padrão (MA), o qual ignora-se a IGA e estima o valor genético animal e o efeito ambiental. Posteriormente este foi usado como covariável nos modelos de normas de reação. Este modelo foi descrito como: MA: $y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + e_{ij}$ (1), em que; y_{ij} é o registro do animal i no ambiente j ; β , um vetor de efeitos fixos (linear e quadrático para a idade da vaca); x'_i corresponde ao vetor de incidência; X_j , efeito ambiental aleatório (grupo de contemporâneo); a_i , valor genético aditivo do animal i ; m_i , valor genético materno do animal i ; ep_i , efeito de ambiente permanente materno e, e_{ij} ; erro residual;

Para os os modelos hierárquicos de norma de reação, duas metodologias foram estudadas. Um modelo que utiliza as soluções ambientais do MA como covariáveis no MHNR (Kolmodini et al., 2002), chamado de modelo hierárquico norma de reação com dois passos (MHNR_{2P}), o qual as equações são apresentadas como: MHNR_{2P}: $y_{ij} = x'_i\beta + \phi\hat{X}_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}\hat{X}_j + b_{2i}\hat{X}_j + e_{ij}$ (2), em que; ϕ =coeficiente de regressão fixo; a_i =valor genético aditivo direto do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; m =valor genético materno do intercepto ou nível da norma de reação do animal i ; ep_i , efeito de ambiente permanente materno; b_{1i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação

direta; b_{2i} =coeficiente de regressão aleatório ou inclinação da norma de reação materna ; i no ambiente representando por \hat{X}_j ; \hat{X}_j = preditor de X_j obtido no (1) e e_{ij} = o erro residual.

Adicionalmente, usou-se o modelo hierárquico de norma de reação um passo - MHNR_{1P} (SU et al., 2006). Neste modelo, as estimativas dos efeitos ambientais foram obtidas em conjunto com a norma de reação dos animais, em que é X_j e b_i são conjuntamente estimados como no modelo: MHNR_{1P}: $y_{ij} = x'_i\beta + X_j + a_i + m_i + ep_i + b_{1i}X_j + b_{2i}X_j + e_{ij}$ (3). Adotou-se duas diferentes pressuposições para a variância residual nos modelos: (a) homoscedasticidade para MA, MHNR_{2P} (MHNRRHO_{1P}) e MHNR_{1P} (MHNRRHO_{2P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; e (b) heteroscedasticidade para os modelos MHNR_{2P} (MHNRRHE_{2P}) e MHNR_{1P} (MHNRRHE_{1P}), com $e_i \sim N(0, \sigma_{eij}^2)$.

As variâncias genéticas, aditiva direta e materna no ambiente X, $\sigma_A^2|X$ e $\sigma_m^2|X$, foram obtidas por:

$$\sigma_A^2|X = \text{var}(a_i + b_{1i}X_j) = \sigma_a^2 + \sigma_b^2x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

$$\sigma_m^2|X = \text{var}(a_i + b_{2i}X_j) = \sigma_m^2 + \sigma_b^2x^2 + 2\sigma_{a,b}x$$

Já as herdabilidades foram estimadas pela razão da variância genética com a variância fenotípica (genética + ambiental), com base na seguinte fórmula:

$$h_a^2|X = \frac{\sigma_a^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

$$h_m^2|X = \frac{\sigma_m^2|X}{\sigma_a^2|X + \sigma_m^2|X + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2|X}$$

Em que: $\sigma_e^2|X$ = variância residual no ambiente X, obtido por $\sigma_e^2|X = \sigma_e^2\hat{\eta}^X$, no modelo heteroscedástico simplificado e σ_e^2 no modelo homoscedástico, no qual η = variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (X), seguindo a estrutura de modelo proposto por Cardoso et al., (2005).

Utilizando uma abordagem Bayesiana, realizou-se as estimativas dos componentes de variância, através de métodos Monte Carlo via Cadeias de Markov (MCMC), adotando o procedimento: a) Foi rodado uma amostra piloto com 100.000 ciclos, 10.000 de descarte (*burn-in*) e 10 para o intervalo de salvamento (*thinning*); b) utilizando o arquivo resposta '*varcompsam*', e o pacote do programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2008) - Bayesian Output Analysis - BOA (Smith, 2007), será aplicado o teste Raftery e Lewis (1992) para determinar o novo tamanho da cadeia e o período de salvamento (*thinning*); e c) o período de descarte (*burn-in*) será avaliado pelo critério de Heidelberger e Welch (1983). Médias, desvios padrão e percentis (0,025 e 0,975) *a posteriori* dos parâmetros foram obtidos das suas densidades posteriores marginais obtidas pelo Procedimento KDE do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2018). O ajuste dos diferentes modelos (MA, MHNRRHO_{1P}, MHNRRHO_{2P},

MHNRHE_{2P} e MHNRHE_{1P}) aos dados foram avaliados com base nos três critérios: *Critério de Informação da Deviance* (DIC), *Deviance baseada nos Fatores de Bayes* (BF) e *Deviance baseada na Ordenada Preditiva Condicional* – (CPO).

A análise de convergência das cadeias para os diferentes modelos foi testada através do diagnóstico de Geweke (1992), baseado num teste Z de igualdade de médias do logaritmo da distribuição condicional dos dados, denotadas por $l_i^{(j)} = \log p(\mathbf{y} | \boldsymbol{\theta}^{(j)}, M_i)$, das primeiras amostras (10% iniciais), e da última parte da cadeia de Markov (últimas 50%) (Brooks e Roberts, 1998), de acordo com a seguinte fórmula:

$$Z_i = \frac{(\bar{l}_i^A - \bar{l}_i^B)}{\sqrt{\frac{1}{n_A} \hat{S}_i^A(0) + \frac{1}{n_B} \hat{S}_i^B(0)}},$$

em que $\bar{l}_i^A = \frac{1}{n_A} \sum_{j=1}^{n_A} l_i^{(j)}$, $\bar{l}_i^B = \frac{1}{n_B} \sum_{j=n^*}^m l_i^{(j)}$, $n_A = 66.000$, $n_B = 330.000$, $n^* = 330.001$, e com $\hat{S}_i^A(0)$

e $\hat{S}_i^B(0)$, sendo as respectivas estimativas da densidade espectral na frequência zero obtida pelo Procedimento SPECTRA do SAS (SAS INSTITUTE INC., 2018), para os primeiros n_A e últimos n_B ciclos da cadeia MCMC de comprimento m . Valores absolutos extremos do escore Z_i , para um teste de duas caudas, indicam rejeição do teste de convergência.

Resultados

O teste de Geweke (Z) indica que todos os modelos convergiram a 5% ($P > 0,05$) para todos os parâmetros na Charolês, enquanto que apenas os modelos `ma_gc`, `mhnrho2p` e `mhnrho1p` convergiu para Limousin (Tabela 1).

Tabela 1. Teste Geweke's (Z) de convergência para os componentes de variância nos diferentes modelos.

V	C	Charolês					Limousin		
		ma_gc	mhnrho2	mhnrho1	mhnrho2	mhnrho1	ma_gc	mhnrho2	mhnrho1
		a	p	p	p	P	a	p	p
1	Z	1.09	-0.87	0.81	-0.00	0.46	1.49	0.41	1.03
	p	0.27	0.38	0.41	0.99	0.64	0.13	0.67	0.29
2	Z	-1.30	1.36	1.80	0.82	0.85	-0.08	0.10	-0.11
	p	0.16	0.17	0.07	0.40	0.39	0.93	0.92	0.90
3	Z	-1.51	0.17	0.52	-0.19	-1.70	-2.24	1.32	1.38

	p	0.13	0.85	0.59	0.84	0.08	0.02	0.18	0.16
4	Z		0.59	0.08	-0.92	1.46		-0.60	2.42
	p		0.54	0.92	0.35	0.14		0.54	0.01
5	Z		-0.15	-0.38	-0.65	1.15		0.41	-0.60
	p		0.87	0.70	0.51	0.24		0.67	0.54
6	Z				-0.76	-0.02			
	p				0.44	0.98			

*Critério de convergência a 1%.

Com base nos dois critérios para comparação de modelos (DIC e DBF), em ambas as raças o modelo mhrho1p apresentou o melhor ajuste, o que indica que efeitos do grupo contemporâneo, considerados como co-variáveis desconhecidas no MHNRIp, são mais efetivos do que usar efeitos ambientais provenientes da estimação do MA, pois elimina a possibilidade de predição tendenciosa do mérito genético dos animais (Tabela 2).

Tabela 2. Critério de informação da deviance (DIC), deviance baseada na ordenada preditiva condicional (CPO) e a deviance baseada nos fatores de Bayes (FB) para comparação entre o modelo animal padrão e os modelos hierárquicos de normas de reação com variância residual homogênea e heterogênea com um e dois passos nas raças Charolês e Limousin.

Modelo	DIC	Charolês			Limousin	
		CPODEV	BFDEV	DIC	CPODEV	BFDEV
ma_gca	16525.78 ₍₄₎	14099.64 ₍₁₎	13676.83 ₍₃₎	99422.12 ₍₃₎	84677.06 ₍₃₎	81868.33 ₍₃₎
mhrho2p	16248.4 ₍₂₎	14099.94 ₍₂₎	13674.78 ₍₂₎	97349.04 ₍₁₎	84645.37 ₍₂₎	81358.03 ₍₂₎
mhrho1p	16243.58 ₍₁₎	14105.14 ₍₃₎	13667.89 ₍₁₎	97353.38 ₍₂₎	84643.61 ₍₁₎	81334.29 ₍₁₎
mhrhe2p	16488.88 ₍₃₎	14138.63 ₍₄₎	13727.8 ₍₄₎	nc	nc	nc
mhrhe1P	16610.36 ₍₅₎	14304.23 ₍₅₎	13976.1 ₍₅₎	nc	nc	nc

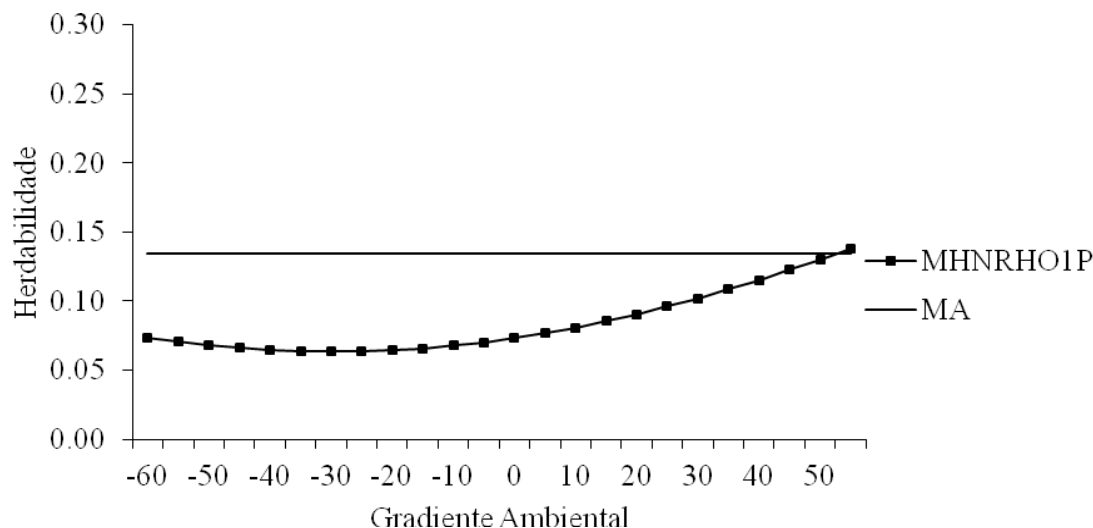
Os números entre parenteses indicam a classificação de melhor ajuste. nc: não convergiu.

*Número em negrito: menores valores.

De acordo com a figura 1, pode-se observar que em ambientes melhores (<IPP), houve menores variações fenotípicas e, conseqüentemente, menores estimativas de variância genética aditiva e herdabilidades. Nos ambientes menos favorecidos para IPP (médio e alto IPP), foram observadas grandes variações nos valores fenotípicos, o que pode influenciar a maior variação genética e herdabilidade aditiva. Em geral, na raça Charolês, a herdabilidade

para o MA foi de 0,13, enquanto para o MHNRHO1P o valor variou ao longo do gradiente ambiental de 0,06 a 0,13 (Figura 1-A).

A



B

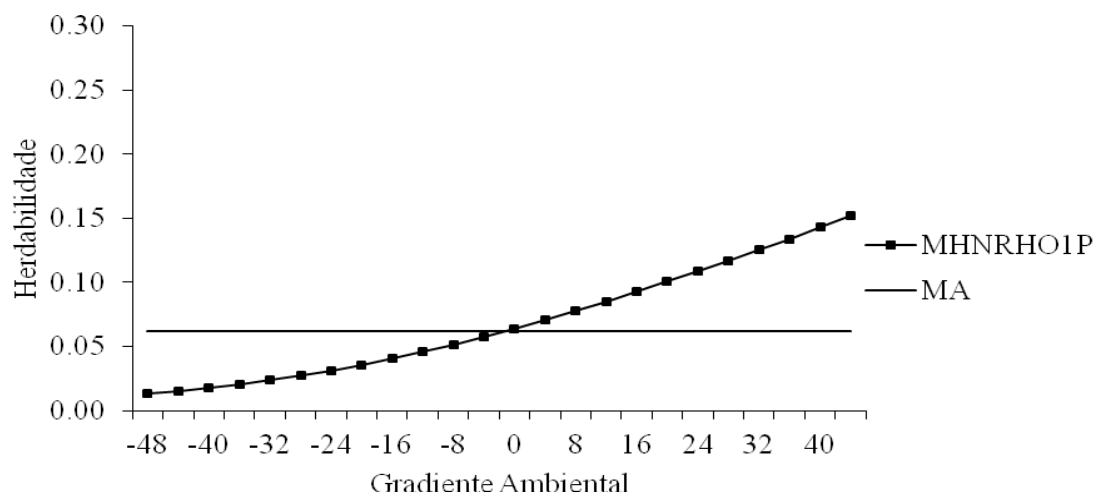
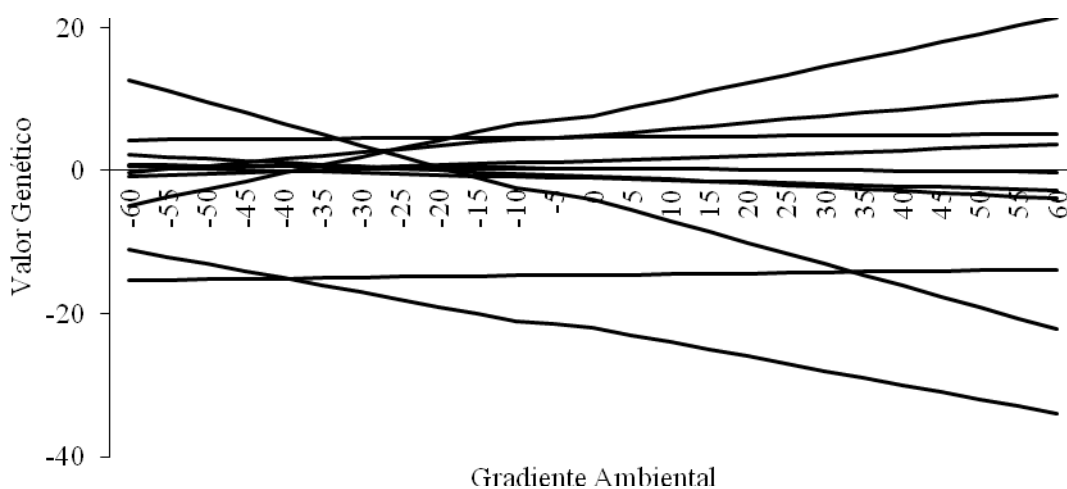


Figura 1. Herdabilidades para idade ao primeiro parto nos MA e MHNRHO1P para raças Charolês (A) e Limousin (B).

Na raça Limousin, o menor valor de herdabilidade foi observado para o MA (0,06), com MHNRHO1P variando de 0 a 0,15. No charolês, a amplitude de variação do gradiente ambiental não era muito grande, enquanto na Limousin. Outro fato a ser observado é que existe um limite biológico que estabelece a variabilidade fenotípica da IPP. Assim, em um bom ambiente, não é permitido reduzir significativamente a IPP, já no ambiente desfavorável, depende principalmente da gestão, e não há limite biológico para a IPP.

Na figura 2, observa-se que a diminuição da IPP é possível através da seleção e uso da criação de touros para a característica de ambas as raças. No entanto, vale a pena notar que as características reprodutivas são altamente influenciadas por fatores ambientais. Na figura, ressalta-se que os melhores touros são aqueles que possuem menor valor genético em ambientes favoráveis. Em geral, podemos observar a existência de diferenças menores entre os touros em ambientes com baixa IPP e maiores variações nos ambientes de média e alta IPP, especialmente para a raça Limousin.

A



B

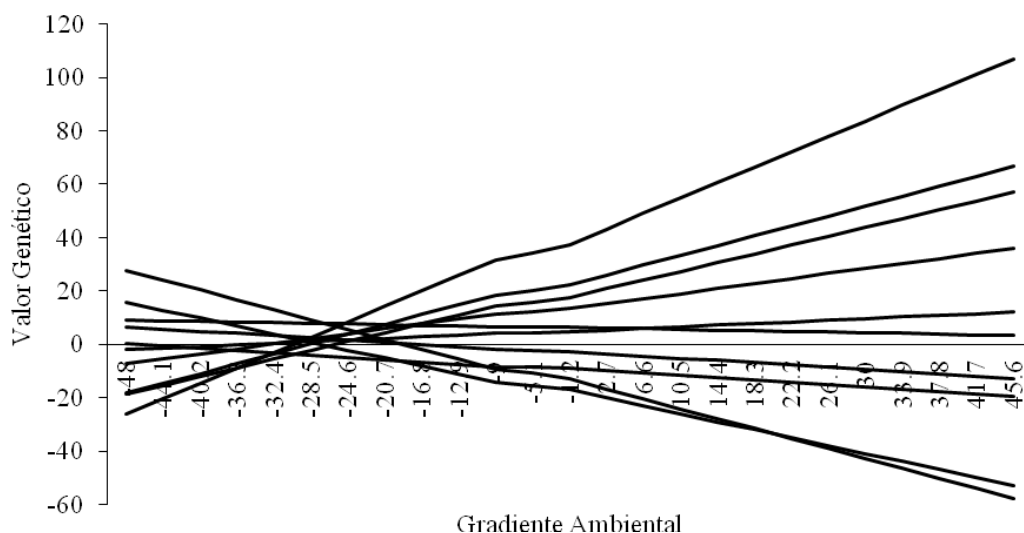
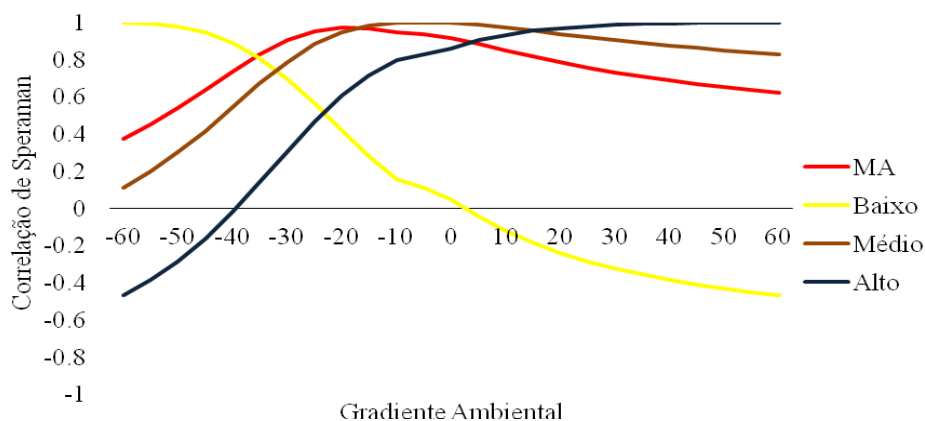


Figura 2. Normas de reação ao longo do gradiente ambiental para idade ao primeiro parto obtido para os 10 touros da raça Charolês (A) e Limousin (B) com maior número de filhas na Itália.

Nos valores mais baixos do gradiente ambiental estão os touros com potencial de melhora, embora menores valores da variância genética aditiva. Entretanto, nos ambientes menos favoráveis, com maiores valores do gradiente ambiental, a expressão do personagem é bastante variável, o que se reflete em grandes diferenças entre os touros.

Correlações de Spearman entre os ranks em MA e MHNRRHO1P variaram ao longo do gradiente ambiental (Figura 3), mostrando que a criação de touros em ambientes com baixa IPP não é recomendada para ambientes de média e alta IPP, com ênfase maior em Limousin procriar. Em geral, pode-se dizer que as correlações entre o MA e o MHNRRHO1P no ambiente de IPP inferior foram moderadas e negativas, indicando que os animais selecionados para um ambiente não são recomendados para o outro.

A



B

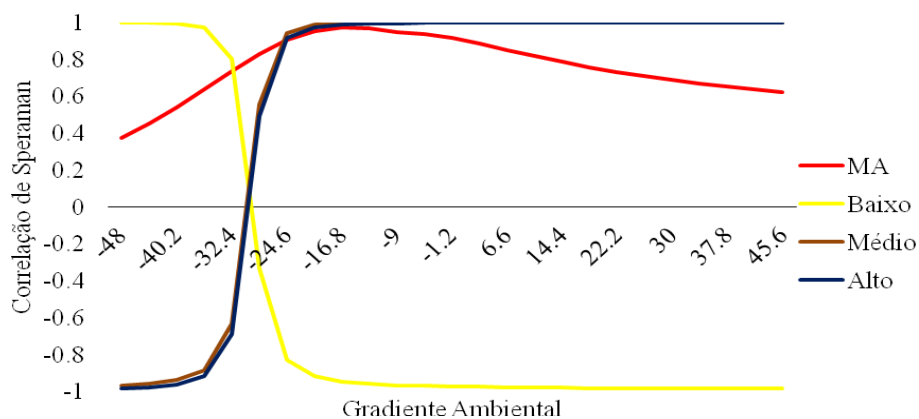
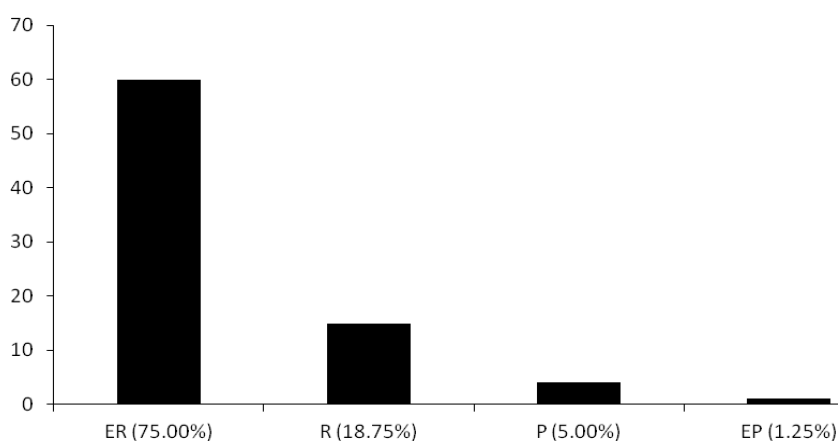


Figura 3. Correlações de Spearman entre as classificações dos touros da raça Charolês (A) e Limousin (B) para idade ao primeiro parto obtidas pelo MA e MHNRRHO1P para os diferentes níveis ambientais na Itália.

Nos ambientes de média e alta IPP, as correlações foram positivas e de média a alta magnitude, assim como os touros avaliados via MA, e os touros com destaque para esses ambientes aumentaram os valores de IPP. Os animais selecionados no meio IPP terão respostas próximas àquelas selecionadas no ambiente de alta IPP, embora seja observada uma grande variação nos valores genéticos dos touros nos ambientes que fornecem o pior IPP.

Na raça Charolês (Figura 4-A), mais de 93,75% dos touros apresentaram genótipos extremamente robustos ou robustos, e pouco mais de 6% são genótipos sensíveis ou extremamente sensíveis, ou seja, aqueles que respondem às variações ambientais da IPP. Verificou-se que dos 10 touros (Figura 2-A) com maior número de filhos, 1 é robusto, 8 extremamente robusto e 1 sensível. Houve menor número médio de filhas para touros extremamente sensíveis e sensíveis (12,40) quando comparado a um touro robusto e extremamente robusto (16,08).

A



B

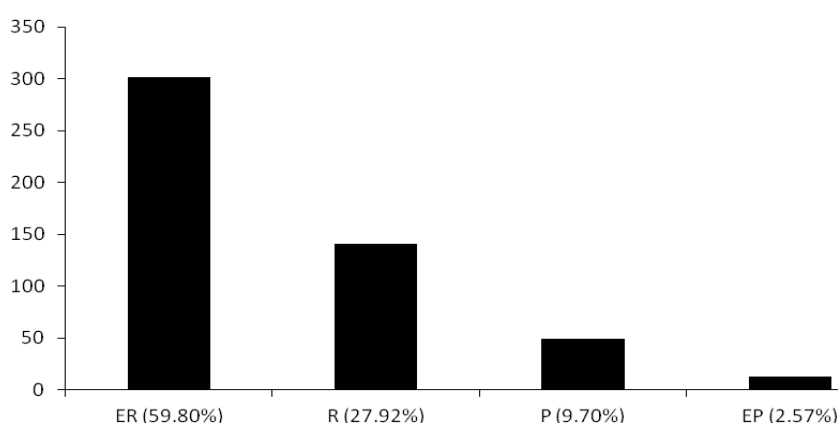


Figura 4. Inclinação das normas de reação com a porcentagem de touros da raça Charolês (A) e Limousin (B) avaliados com genótipos extremamente robustos (ER), robustos (R), plásticos (P) e extremamente plásticos (EP) para idade ao primeiro parto na Itália.

Os valores médios de DEPs para touros com genótipos robustos e extremamente robustos nos gradientes foram de -0,19, -0,17 e -0,16, respectivamente, favorecendo o favorável (menor IPP), médio e desfavorável (alta IPP). Para touros com genótipos extremamente sensíveis e sensíveis, os valores variaram de -2,84 (favorável / menor IPP), -11,06 (média) e -20,96 (desfavorável / maior IPP). Deve-se enfatizar que as DEPs negativas são usadas aqui, isto é, redução de dias para a IPP.

Avaliando a raça Limousin (Figura 4-B), 87,72% dos touros apresentaram genótipos extremamente robustos ou robustos. Em geral, dos 10 maiores touros (Figura 2-B), 4 são robustos, 5 extremamente robustos e 1 sensível. Quanto à Limousin, observa-se que o menor número médio de filhas para os touros estão nos genótipos extremamente robustos e extremamente robustos (15,19) em relação aos extremamente sensíveis e sensíveis (16,74). Os valores médios de DEPs para touros com genótipos robustos e extremamente robustos nos gradientes foram de -0,28, 0,30 e 1,02, respectivamente, favorecendo o favorável (menor IPP), médio e desfavorável (alta IPP). Para os touros com genótipos extremamente sensíveis e sensíveis, os valores flutuaram em -6,42 (favorável / menor IPP), 7,95 (médio) e 25,31 (desfavorável / alto IPP).

Discussão

A utilização do modelo de norma de reação possibilitou descrever como o mérito genético muda gradual e continuamente em uma amplitude ambiental, fato também relatado por Ambrosini et al. (2012). Isso nos permitiu identificar tanto o Charolês quanto a Limousin, as variações da sensibilidade ambiental dos touros utilizados na seleção. Os resultados deste estudo mostraram evidências de uma reclassificação do mérito genético entre níveis ambientais, o que caracteriza o IGA.

Portanto, a vantagem desses modelos é que a resposta de seleção pode ser prevista, não apenas na expressão fenotípica no ambiente, mas também na sensibilidade ambiental das mudanças no ambiente (De Jong e Bijima, 2002). Em geral, o descarte de animais geneticamente superiores é mais difícil e a demanda crescente por tecnologias capazes de encontrar e quantificar, do ponto de vista genético, essa adaptação a condições ambientais adversas, especialmente para características de baixa herdabilidade, como a IPP.

Como foi possível notar, o IGA causou alterações da magnitude relativa e absoluta da variação genética aditiva e fenotípica, como já relatado por Corrêa et al. (2009). Ressalta-se que o ambiente não altera a constituição genética de um indivíduo, mas sem a expressão do genoma, uma vez que o melhor genótipo em um ambiente pode não ser em outro (Warwick e

Legates, 1980). Neste estudo, para ambas as raças, em um ambiente favorável, houve menor variação de genética aditiva e herdabilidade. Esta é uma indicação de que no ambiente favorável, onde a capacidade máxima de todos os animais é expressa, as fêmeas darão à luz em um estágio inicial, principalmente porque elas já atingiram um peso mínimo ideal, ou outros aspectos importantes para alcançar mais cedo, como inseminação.

Outra possibilidade é o resultado indireto da seleção de criações por gerações pelos criadores, por meio do manejo reprodutivo, uma vez que os animais que não se reproduzem, muitas vezes são descartados. Esses fatores podem justificar a padronização da expressão fenotípica em um ambiente favorável. Portanto, neste cenário, as novilhas tendem a estar muito próximas da IPP, justificando essa menor variação fenotípica; já em ambiente desfavorável, há novilhas paridas com idade avançada e outras com idades mais avançadas, o que causa essa maior variação fenotípica e, conseqüentemente, maior estimativa de herdabilidade.

Vale ressaltar que, apesar da menor variabilidade genética aditiva em ambientes favoráveis, existem diferenças nos valores genéticos dos touros, o que mostra a possibilidade de escolha do melhor touro para gradientes específicos para ambas as raças, mas com contraste para Limousin. Portanto, indicando que a influência dos ambientes atua diferentemente nas estimativas dos valores genéticos dos animais, como já relatado por Toral et al. (2004).

Em geral, observa-se que os animais mais adequados para um ambiente são os piores para o outro ambiente, o que caracteriza uma interação complexa. Com relação à variação do h^2 no gradiente ambiental para o Charolês, pode-se dizer que a menor amplitude se deve ao reflexo da menor oscilação entre as médias dos grupos contemporâneos para IPP. Já o alto valor observado no Limousin mostra possíveis diferenças nos sistemas de produção entre os criadores.

Notou-se que em ambas as raças, a maioria dos touros é de um genótipo robusto, no entanto, há uma porcentagem de touros que poderiam ser usados em ambientes específicos. Em Charolês, esses genótipos têm um número maior de descendentes, que é caracterizado como um complexo IGA, que é o mais problemático devido a mudanças na classificação. Seria interessante selecionar animais robustos, ou seja, aqueles que são regulares, independentemente do gradiente ambiental, no entanto, é difícil para um animal ter superioridade em DEP em vários gradientes.

Desta forma, é mais interessante usar touros sensíveis, ou seja, aqueles que respondem à variação do gradiente ambiental. Estes touros podem ser usados em ambientes específicos, corrigindo e / ou melhorando os índices produtivos e reprodutivos dos rebanhos. Para

sustentar isso, observou-se que em todos os gradientes no Charolês os touros sensíveis apresentam maiores DEPs em relação aos robustos, ou seja, permitem melhor pontuar os rebanhos. Na Limousin, touros sensíveis são recomendados para o gradiente favorável. Em ambas as raças observa-se que os touros robustos são regulares nos gradientes, tendendo a ser melhores no gradiente alto (maior IPP).

Assim, mesmo que os animais tenham genótipos robustos, apresentam inversão na classificação com a variação do gradiente ambiental. Isso porque aumenta a importância do uso de touros específicos para cada ambiente de produção, pois o uso de touros inadequados levará a perdas genéticas e a não inclusão da interação levará a um aumento na IPP, principalmente porque as progênes dos touros podem não apresentar o mesmo desempenho quando criados em sistemas de produção diferentes do touro.

Em geral, na raça Limousin, houve no total o dobro da porcentagem de touros sensíveis em relação ao Charolês. O número médio de touros Limousin foi maior do que o robusto, o que mostra que os produtores estão cientes do uso de touros produzidos localmente. Esta sensibilidade ambiental ou plasticidade fenotípica são as alterações fenotípicas dos diferentes ambientes. Os indivíduos mais sensíveis são chamados de genótipos sensíveis e os menos sensíveis são os robustos (Falconer, 1990).

De acordo com Correa (2018), o uso de touros com genótipos robustos é frequentemente indicado como sendo o mais utilizado ou a preços mais acessíveis, no entanto, sua progênie terá desempenho inferior em relação aos demais indivíduos do rebanho, especialmente nos melhores ambientes de Produção.

Neste estudo, embora os genótipos robustos para IPP fossem intuitivamente os mais utilizados na criação em ambas as raças, provavelmente por seus méritos genéticos serem destinados ao ganho de peso, já que estas raças foram cortadas, esses touros apresentaram menores valores genéticos no melhor ambiente (menor). Isto evidencia a ênfase dada pelos criadores à seleção de animais para crescimento adicional ou outras características de interesse econômico.

Deve-se notar que as características reprodutivas são economicamente importantes em sistemas de produção de gado de corte, porque as vacas consomem uma grande proporção de recursos alimentares (Malhado et al., 2013). Portanto, a eficiência de produção do rebanho seria melhorada, mesmo que pequenas mudanças na estrutura genética da população fossem feitas, o que pode levar a uma maior lucratividade. Em geral, uma sugestão é o que o Sumário de touros, existem opções de valores genéticos nos gradientes (alto, médio e baixo) para escolher touros específicos para ambientes específicos.

Conclusão

Em ambas as raças, touros com maior mérito genético para um ambiente não são recomendados para outros e associações ambientais fornecem evidências convincentes de que os valores dos parâmetros genéticos dependem do ambiente em que os animais são criados. Esses fatores caracterizaram a existência de interação genotípica com o ambiente.

Referências

B.A. Aby, L.Aass, E. Sehested. **Effects of changes in external production conditions on economic values of traits in Continental and British beef cattle breeds.** Livest. Sci., 150: 80-93, 2012.

D.P., Ambrosini, C.H.M., Malhado, R., Martins Filho, F.F., Cardoso, P.L.S., Carneiro. **Genotype- \times -environment interactions in reproductive traits of Nelore cattle in northeastern Brazil.** Trop. Anim. Health. Prod., 1: 1-7, 2016.

D.P., Ambrosini, P.L.S., Carneiro, J. Braccini Neto, C.H.M., Malhado, R., Martins Filho, F.F., Cardoso. **Interação genótipo \times ambiente para peso ao ano em bovinos Nelore Mocho no Nordeste do Brasil.** Pesq. Agropec. Bras., 47: 1489-1495, 2012.

ANACLI. <http://www.anacli.it/WEBSITE/index.php?&pagid=2455&sessione=>

D.M.M.R. Azevêdo, R.M. Filho, R.N.B. Lôbo, C.H.M. Malhado, R.B. Lôbo, A.A.A. Moura, E.C.P. Filho. **Reproductive performance of Nelore cows in the North and Northeast Regions of Brazil.** Rev. Bras. Zootec., 35: 988-996, 2006.

D.P. Berry, E.Wall, J. E. Pryce, **Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle.** Animal. 8:105–121, 2014.

J.M. Bormann, D.E. Wilson, **Calving day and age at first calving in Angus heifers.** J. Anim. Sci., 88: 1947-1956, 2010.

A. Bouquet, E. Venot, D. Laloë, F. Forabosco, A. Fogh, T. Pabiou, K. Moore, J.A. Eriksson, G. Renand, F. Phocas. **Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses.** J. Anim. Sci. 89:1719–1730, 2011.

S.P. Brooks, G.O. Roberts. **Convergence assessment techniques for Markov chain Monte Carlo.** Stat. Comput., 8:319-335, 1998.

F.F., Cardoso, G.J.M., Rosa, R.J. Tempelman. **Multiple-breed genetic inference using heavy-tailed structural models for heterogeneous residual variances.** J. Anim. Sci., 38: 1766-1779, 2005.

F.F. Cardoso, F.F. **Manual de utilização do programa INTERGEN - Versão 1.0 em estudos de genética quantitativa animal.** Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2008. p.74.

M.B.B. Corrêa, N.J.L. Dionello, F.F. Cardoso. **Caracterização da interação genótipo-ambiente e comparação entre modelos para ajuste do ganho pós-desmama de bovinos Devon via normas de reação.** Rev. Bras. Zootec., 38: 1468-1477, 2009.

G. De Jong. **Phenotypic plasticity as a product of selection in a variable environment.** Am. Nat., 145:493-512, 1995.

G. De Jong, P. Bijma. **Selection and phenotypic plasticity in evolutionary biology and animal breeding.** Livest. Sci., 78:195-214, 2002.

J.C., Dias, V.J., Andrade, J.A.M., Martins, L.L., Emerick, V.R., Vale Filho. **Correlações genéticas e fenotípicas entre características reprodutivas e produtivas de touros da raça Nelore.** Pesq. Agropec. Bras, 43: 53-59, 2008.

D. S. Falconer. **Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance.** Genet Res, 56: 57- 70, 1990.

D. S. Falconer, T.F.C. Mackay. **Introduction to Quantitative Genetics.** Longman Group. 4a ed. Essex, UK. 1996.

J. Geweke. **Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments.** In: Bayesian statisti. JM Bernardo, JO Berger, AP Dawid, AFM Smit, (Eds.) pp:1-21. Oxford University, New York, 1992.

A. Giorgetti, M. Lucifero, A. Acciaioli, C. Sargentini, A. Martini. **Caratteristiche produttive di vitelloni Chianini, Charolais e Limousins.** Rilievi alla sezionatura commerciale. Zootec. Nutr. Anim., 18:84-85, 1992.

P. Heidelberger, P. Welch. **Simulation run length control in the presence of an initial transient.** Oper. Res., 31:1109-1144, 1983.

R. Kolmodin, E. Strandberg, P. Madsen, J. Jensen, H. Jorjani. **Genotype by environment interaction in Nordic dairy cattle studied using reaction norms.** Acta. Agric. Scand. A. Anim. Sci., 52:11-24, 2002.

M.M.M. Laureano, A.A Boligon, R.B. Costa, S. Forni, J. L. P. Severo, L.G. **Albuquerque. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.** Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., 63: 143-152, 2011.

T. LIRA, E.M. ROSA, A.V.GARNERO. **Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão).** Cien. Anim. Bras., 487: 1-22, 2008.

C. H. M. Malhado, A. C. M. Malhado, R. M. Filho, P. L. S. Carneiro, A. Pala, J. A. Carrillo. **Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models.** Livest. Sci., 154:28–33, 2013

B.S. Marestone, E.R. Santos, G.B.S. Serra, C.A.S.D. Muniz, C.P. Marques, K.B. Alves, R.C.M. Alves. **Reproduction traits, growth traits and age at first calving in Holstein heifers.** Semin. Cienc. Agrar., 34: 4105-4112, 2013.

M., Mattar, L.O.C., Silva, M.M., Alencar, M.M., F.F. Cardoso. **Genotype × environment interaction for long-yearling weight in Canchim cattle quantified by reaction norm analysis.** J. Anim. Sci., 89: 2349-2355, 2011.

H.H. Montaldo, A. Pelcastra-Cruz, H. Castillo-Juárez, F.J. Ruiz López, F. Miglior. **Genotype x environment interaction for fertility and milk yield traits in Canadian, Mexican and US Holstein cattle**. Span. J. Agric. Res., 15: 1-9, 2017.

F.W.C. Nesser, J. B. Van Wyk, V. A. Ducrocq. **Preliminar investigation into genotype x environment interaction in South African Holstein cattle for reproduction and production traits**. S. Afr. J. Anim. Sci., 44: 75-79, 2014.

R Development Core Team, 2008. **R: A language and environment for estatistical computing**. Viena, Áustria: R foundation for statistical computing: [<http://www.R-project.org>].

A. E. Raftery, S.M. Lewis. **One long run with diagnostics: implementation strategies for markov chain Monte Carlo**. Stat. Sci., 7:493-497, 1993.

V. M. Roso, F. S. Schenkel. **AMC, 2006: a computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups**. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. p.26-27, Belo Horizonte, 2006.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide**. Version 9.4. Cary: SAS Institute, 2018.

J.C. Santos, Interação genótipos ambientes em características produtivas e reprodutivas de vacas Holandesas via normas de reação. Disponível em <<http://www2.uesb.br/ppg/ppz/wp-content/uploads/2018/09/Tese-Final-JARBAS.pdf>> Acesso: 04 de fevereiro de 2019.

C. D. Schlichting, M. Pigliucci. **Phenotypic Evolution: A Reaction Norm Perspective**. Sinauer Associates, Sunderland, MA. 1998.

B.J. Smith. **Bayesian output analysis program (BOA) version 1.1.7.2 user's manual**. Iowa: University Of Iowa. 2007

G. Su, P. Madsen, M.S. Lund, D. Sorensen, I.R. Korsgaard, J. Jensen. **Bayesian analysis of the linear reaction norm model with unknown covariates**. J. Anim. Sci., 84:1651-1657, 2006.

F.L.B. Toral, L.O.C. Silva, E.N. Martins, A. Gondo, S.M. Simonelli. **Interação genótipo x ambiente em características de crescimento de bovinos da raça Nelore no Mato Grosso do Sul**. Rev. Bras. Zootec., 33: 1445-1455, 2004.

E. J. Warwick, J. Legates. **Cría y mejoramento del ganado**. 3 ed. México: McGraw-Hill, 623p. 1980.

Artigo na norma da Livestock Science.

Herdabilidade e correlação genética para peso e eficiência alimentar de bovinos Limousin e Charolês criados na Itália

Resumo

O número de animais das raças Charolês e Limousin na Itália cresceu devido à sua capacidade de produção, com alto crescimento e desempenho muscular. No entanto, nenhum estudo avaliou parâmetros e correlações genéticas considerando peso e eficiência alimentar (índice de Kleiber), simultaneamente em ambas as raças na Itália. A eficiência alimentar, quando utilizada na seleção, aumenta o potencial genético dos animais no sentido de diminuir o consumo de ração, mantendo os mesmos níveis de produção. Assim, será possível reduzir o custo para o produtor, pois o alimento representa o maior gasto de todo o sistema de produção. Além disso, ajuda na produção sustentável, pois animais mais eficientes contribuem para a redução da área de pastagem e emissão de gases. Assim, objetivou-se estimar parâmetros e correlações genéticas para pesos (P210 e P365) e eficiência alimentar (índice de Kleiber) (IK210 e IK365) de animais Charolês e Limousin criados na Itália. Dados de animais criados na Itália de 1999 a 2018 foram utilizados. As estimativas de parâmetros genéticos e correlações foram determinadas usando inferência bayesiana (IB) e máxima verossimilhança restrita (REML) com o modelo multitraços. O uso de REML foi comparado aos métodos. O uso de modelos de REML e IB mostraram resultados semelhantes. Estimativas médias de herdabilidade foram encontradas para todas as características em ambas as raças. As correlações genéticas entre os pesos foram médias-altas em ambas as raças. As correlações entre IK foram menores em ambas as idades. A seleção de animais usando IK365 pode afetar positivamente o tamanho do adulto nessa idade. No entanto, as correlações genéticas negativas entre P210 e IK365 em ambas as raças, indicam a possibilidade de existirem animais com alta eficiência de crescimento relativa em relação ao tamanho do corpo, sem aumentar os custos de manutenção nessa idade. Dados de peso de animais em idades mais jovens podem ser usados para fins de seleção. Ganhos genéticos para pesos e IK através da seleção são possíveis para ambas as raças. No entanto, a herdabilidade da Charolê era quase o dobro da raça Limousin, e essa maior proporção de variabilidade genética poderia permitir ganhos maiores nesta raça.

Palavras-chave: parâmetros genéticos, crescimento, índice de Kleiber, desempenho produtivo.

Abstract

The number of animals of the Charolais and Limousin breeds in Italy has grown due to their production capacity, with high muscle growth and performance. However, no study evaluated parameters and genetic correlations considering weight and feed efficiency, simultaneously in both breeds in Italy. The feed efficiency when used in the selection, an increase in the genetic potential of animals in the sense decreasing their feed intake while maintaining the same production levels. Thus, will be possible to reduce the cost to the producer for the food represents the largest expense of the entire production system. Also, helps in sustainable production, because as more efficient animals contribute to the reduction of pasture area. The objective of this study was to estimate genetic parameters and correlations of Charolais and Limousin animals at the ages of 210 and 365 days for weights (W210, and W365) and feed efficiency (Kleiber index) (FE210, and FE365) in Italy. Data of animals raised in Italy from 1999 to 2018 was used. The estimates of genetic parameters and correlations were determined using Bayesian inference and restricted maximum likelihood with the multi-trait model. The use of restricted maximum likelihood was to compare the methods. The use of restricted maximum likelihood models and Bayesian inference can show similar results. Average heritability estimates were found for all traits in both breeds. Genetic correlations between weights were medium-high in both breeds. The correlations between FE were lower at both ages. The selection of animals using FE365 can affect positively their adult size this age. However, the negative genetic correlations between W210 and FE365 in both breeds, indicate the possibility of existing animals with high relative growth efficiency relative to body size, without increasing maintenance costs this age. Weight data of animals at younger ages can be used for selection purposes. Genetic gains for weights and FE through selection are possible for both breeds. However, Charolais' heritability was almost double that of Limousin, and this higher proportion of genetic variability could allow higher gains in this breed.

Keywords: genetic parameters, growth, Kleiber index, production performance.

Introdução

As raças Limousin e Charolês estão assumindo uma importância crescente dia a dia em termos de criação de animais na Itália; a Limousin é hoje a segunda raça de carne bovina na Itália depois dos Piemontese. Estas raças possuem características como perfil robusto, alto crescimento de carcaça, desempenho muscular, boa taxa de conversão alimentar e extrema

facilidade de parto (Giorgetti et al., 1992). Isto faz com que estas sejam as principais raças bovinas francesas (Bouquet et al., 2011), exportadas para todo o mundo para serem usadas em explorações comerciais de sistemas puros ou cruzados (Blackburn e Gollin 2009). No entanto, apesar do aumento constante no número de animais registrados de ambas as raças na Itália, nenhum estudo considerando os aspectos genéticos do desempenho de crescimento e da eficiência alimentar foi desenvolvido até o momento.

Um dos objetivos atuais nos sistemas de pecuária é procurar animais com biótipos funcionais, a fim de reduzir o tempo de produção e conseqüentemente os custos de produção. Esta rentabilidade na produção de bovinos de corte depende do rápido crescimento dos animais (Vieira et al., 2005). Para isso, um clássico objetivo de seleção é o uso do peso corporal medido durante a vida dos animais (Boligon et al., 2009a). Adicionalmente, aumentar a eficiência alimentar é essencial para garantir ganhos de produtividade, além de reduzir os impactos ambientais.

Estes animais além de favorecer o baixo custo orçamentário na produção, são também ambientalmente sustentável, pois contribuíram com a diminuição da emissão de mais dióxido de carbono e metano (Schaefer et al., 2014), e pela sua melhor eficiência, é melhor aproveitadas áreas de pastagem, o que faz com não haja necessidade de utilizar áreas atualmente ocupadas com vegetação nativa ou destinadas à produção de grãos. Portanto, o aumento do crescimento corporal e a redução do consumo de ração são as principais medidas a serem tomadas pelos programas de criação de bovinos (Grion et al., 2014).

O custo energético dos alimentos para manter os bovinos, especialmente as fêmeas, está entre 70% e 75% (Ferrel e Jenkins, 1985). A eficiência metabólica tornou-se um atributo importante na pecuária, à medida que aumenta a competição por recursos limitados. Deve-se destacar que a variação na eficiência de crescimento inerente ou normal entre os animais dentro de uma espécie pode ser grande, pelo menos em parte devido à variação genética na eficiência de conversão alimentar.

O maior obstáculo para a adoção de eficiência alimentar comercialmente e em processos de seleção genética, é a dificuldade em medir a ingestão individual de um grande número de animais. Vários índices são usados para estimar a eficiência alimentar. No entanto, a maioria deles exigem medidas individuais de consumo animal (Arthur et al., 2004, Robinso e Oddy 2004, Basarab et al., 2011). Kleiber (1936) estudou o metabolismo energético e descreveu um índice que não requer medidas individuais de consumo; ele tem sido usado para selecionar animais com alta eficiência de crescimento em relação ao tamanho do corpo. Um valor alto para este índice indica uma maior diluição dos requisitos de manutenção (Archer et al., 1999).

Assim, o ganho de peso diário aumenta em detrimento do ganho de peso metabólico, conseqüentemente, maior crescimento corporal é obtido sem aumentar o custo de manutenção (Figueiredo et al., 2018). Vale a pena notar que o uso do índice de Kleiber para avaliação de eficiência será novo e inovador na Itália, uma vez que ainda não há trabalho com gado até o momento. Como já relatado, pode ser uma alternativa adicional e eficiente para reduzir o custo de coleta desse tipo de informação, já que o produtor rural não precisará avaliar o consumo individual do animal. Atualmente, muitos estudos estão utilizando o índice de Kleiber (Hurley et al., 2017; Figueiredo et al., 2019; Pasandideh et al., 2018; Kumar et al., 2018;) também como eficiência alimentar alternativa.

Vale a pena notar que o uso do índice de Kleiber para avaliação de eficiência será novo e inovador na Itália, uma vez que ainda não há trabalho com bovinos até o momento. Como já relatado, este índice pode ser uma alternativa adicional e eficiente para reduzir o custo de coleta desse tipo de informação, já que o produtor rural não precisará avaliar o consumo individual do animal. Mas deve destacar que para incluir a eficiência alimentar em programas de melhoramento é necessário obter informações sobre os parâmetros genéticos relacionados a essa característica (Grion et al., 2014).

Métodos bayesianos têm sido utilizados para estimar parâmetros genéticos; suas suposições são mais amplas do que as abordagens clássicas e têm flexibilidade para resolver uma ampla gama de problemas biológicos (Hallander et al., 2010; Ben Zaabza et al., 2016). Essas técnicas combinam distribuições de probabilidade anteriores (a priori) com informações dos dados para obter uma distribuição posterior a partir da qual as inferências são feitas usando técnicas de estimativa de probabilidade padrão (Robert, 2006).

Na Itália, há poucos artigos que avaliaram parâmetros genéticos usando inferência bayesiana. Neste estudo, também estimamos componentes de variância em modelos animais por máxima verossimilhança restrita, para comparar os resultados com inferências Bayesianas, já que este método é mais comumente utilizado em pesquisa científica e centro de melhoramento genético animal para a criação do Sumário de Touros e/ou decisor do programa. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e correlações de pesos (peso 210 e 365) e eficiência alimentar (índice de Kleiber 210 e 365) em animais das raças Charolês e Limousin criados na Itália.

Material e métodos

Dados

Foram utilizados dados de 30566 animais Charolês e 73018 Limousin criados na Itália entre 1999 e 2018. Estes dados foram fornecidos pela Associazione Nazionale Allevatori delle razze bovine Charolaise e Limousine Italiane (ANACLI). Grupos contemporâneos (GC) foram formados considerando a fazenda, ano e mês de nascimento. Apenas GC com mais de 5 informações foram mantidas. Em Charolês, o total de GC foi de 241 e 238 para as características aos 210 e 365 dias respectivamente; enquanto para Limousin, 736 e 739.

Dados de peso corporal dos animais aos 210 e 365 dias foram utilizados. O índice de Kleiber (IK) foi calculado dividindo-se o ganho de peso médio diário (GPD) pelo peso vivo metabólico (PM_{0,75}) (Kleiber, 1936). O GPD dos animais foi calculado por $GPD = (PF - PI) / N$, em que PF é o peso final, PI é o peso inicial e N é o número de dias do período (tabela 1). O peso metabólico foi calculado de acordo com Heady (1975).

Tabela 1. Análise descritivo.

	Limousin				Charolês			
	Média	DP	Min	Max	Média	DP	Min	Max
P210	247.73	37.56	153.50	337.99	242.77	32.34	169.56	323.70
P365	411.98	61.31	255.81	562.79	408.61	56.97	279.39	537.00
IK210	1.64	0.21	1.10	2.20	1.60	0.21	0.88	2.28
IM365	1.14	0.16	0.70	1.50	1.15	0.18	0.51	1.69
Pm210	62.46	7.12	43.60	78.81	61.40	6.15	46.99	76.32
Pm365	91.91	10.22	63.96	115.54	90.72	9.52	68.34	111.55
GMD210	1.03	0.215	0.481	1.729	0.990	0.200	0.430	1.710
GMD365	1.06	0.230	0.451	1.723	1.050	0.250	0.390	1.880

P = peso; IK = índice de Kleiber; Pm: peso metabólico; GMD: ganho de peso médio. DP: desvio padrão; min: mínimo; max: máximo.

Avaliação de componentes de variância usando inferência bayesiana

Parâmetros genéticos foram estimados por inferência bayesiana com um modelo multitraço usando o software GIBBS3F90 (Misztal, 2012), sob modelo animal. O modelo utilizado foi $y = Xp + Za + Mm + Wmpe + e$, em que y é o vector de observações da variável

dependente (P210, P365, IK210 e 365) efeitos fixos nas observações; β é o vetor de efeitos fixos (animal, sexo, GC, idade linear e quadrática da vaca e GC); X, Z, M e W são a matriz de incidência que relaciona os efeitos genéticos às observações; a é o vetor de efeitos aleatórios que representa os valores genéticos aditivos diretos de cada animal; m é o vetor de efeitos aleatórios representando a genética materna, mpe é o vetor de efeitos aleatórios representando o ambiente ambiental materno e é o vetor de efeito aleatório residual. Valores de referência da literatura foram utilizados como valores a priori.

Um número inicial de interação foi obtido arbitrariamente, usando uma única cadeia com 400.000 interações, bourn de 40.000 amostras, com um intervalo de salvamento a cada 10 ciclos (thin). O diagnóstico de convergência foi realizado utilizando o método de Raftery e Lewis (1992), utilizando algoritmo implementado no software R, através do pacote BOA (Bayesian Output Analysis) (Smith, 2005).

A análise proposta por Raftery e Lewis (1992) inclui a convergência para uma distribuição estacionária e encontra o tamanho necessário da cadeia para estimar com precisão os quantis das funções de parâmetro (Barbosa et al., 2008). A estatística descritiva da distribuição a posteriori para cada parâmetro foi obtida a partir de amostras efetivas.

Estimativa de Componentes de Variância usando Máxima Verossimilhança Restrita

Os componentes de variância obtidos pelo REMLF90 foram usados para prever os valores genéticos de todos os animais pelo pacote de Misztal (1999). O critério de convergência utilizado foi 1d-12 (padrão 1d-10), com arredondamentos máximos de 10000 (padrão 5000). o modelo utilizado foi o mesmo para a inferência bayesiana.

Resultados e discussão

A Tabela 1 (análise descritiva) mostra que a eficiência alimentar tende a diminuir com o avanço da idade, devido às maiores exigências energéticas do animal com o avançar da idade para o desenvolvimento de tecido muscular e adiposo. Em geral, os animais em fase de crescimento apresentam menor necessidade de energia metabolizável para manutenção, garantindo maior disponibilidade de energia para o ganho (Archer et al., 1999; Bullock et al., 1993). Isso corrobora com Figueiredo et al. (2019), onde os autores observaram que animais com estruturas corporais maiores apresentam menores valores de eficiência alimentar (índice de Kleiber).

Portanto, o aumento do crescimento corporal e a redução do consumo de ração são as principais medidas a serem tomadas pelos programas de criação de bovinos (Grion et al., 2014) para aumentar a eficiência e lucratividade do sistema de produção (Herd e Bishop, 2000). O custo energético dos alimentos para manter os animais, especialmente as fêmeas, está entre 70% e 75% (Ferrel e Jenkins, 1985). McWhir e Wilton (1987) indicaram que a eficiência alimentar pode ser responsável por até 50% da variação na margem bruta dos sistemas de produção de gado de corte.

As estimativas de herdabilidade indicaram possíveis ganhos genéticos para todas as características avaliadas para ambas as raças (Tabela 2). Pesos e eficiência alimentar avaliados aos 365 dias da raça Limousin apresentaram maior herdabilidade em relação aos 210 dias. No entanto, em geral a Charolês apresenta maior variação genética (alta herdabilidade), o que permite maiores ganhos para as demais características. Isso pode ser resultado da forte pressão de seleção que a Limousin já está sofrendo na Itália; enquanto que a Charolês ainda está consolidando todo esse procedimento.

Bennet e Gregory encontraram herdabilidade variando de 0,26 a 0,40 e 0,16 a 0,34 avaliados em peso a 200 e 368 dias, respectivamente, para Limousin e Charolês. Para a raça Limousin, o valor observado neste estudo é próximo ao encontrado (0,25) por Keeton et al. (1996) e (0,19) Van Niekerk e Naser (2006) para o desmame. El-Saied et al. (2006), Phocas e Laloe (2004) encontraram herdabilidade de 0,36, 0,10 para o peso à desmama de Charolês. Estes valores são inferiores aos encontrados em animais criados na Itália, possivelmente devido à mesma justificativa dada quando comparados aos resultados com Limousin. Não foram encontrados estudos para comparar as herdabilidades da eficiência alimentar (índice de Kleiber) de Limousin e Charolês.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos usando máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana para pesos e eficiência alimentar de animais Limousin e Charolês criados na Itália.

Charolês																				
P210					P365					IK210					IK365					
σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	
Máxima verossimilhança restrita																				
Média	234.00	74.51	88.65	275.8	0.34	1009.00	444.80	112.30	834.40	0.42	1.35	0.64	0.10	1.42	0.38	1.14	0.41	0.23	0.92	0.42
Inferência Bayesiana																				
Média	271.07	80.05	82.79	260.05	0.39	1045.03	493.92	111.22	805.39	0.42	1.51	0.76	0.10	1.33	0.40	1.30	0.51	0.20	0.85	0.44
DP	70.12	30.41	22.73	44.18	0.08	297.30	163.43	76.65	168.59	0.09	0.54	0.23	0.09	0.28	0.11	0.49	0.17	0.09	0.27	0.12
Mediana	260.25	75.66	83.86	263.20	0.38	1018.00	485.55	98.48	811.95	0.42	1.49	0.73	0.07	1.35	0.41	1.21	0.49	0.20	0.89	0.43
Moda	260.30	100.50	101.90	243.10	-	1035.00	491.90	115.10	1021.00	-	1.29	1.03	0.11	1.24	-	1.31	0.47	0.25	1.00	0.41
IC 95%	169.40	37.95	46.12	182.80	0.26	584.60	250.10	18.76	517.70	0.28	0.65	0.42	0.01	0.83	0.21	0.61	0.25	0.05	0.32	0.25
	395.80	137.30	118.40	328.30	0.51	1578.00	774.20	251.90	1077.00	0.57	2.44	1.18	0.29	1.74	0.56	2.25	0.82	0.36	1.25	0.65
Limousin																				
P210					P365					IK210					IK365					
σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{mpe}	σ^2_r	h^2_a	
Máxima verossimilhança restrita																				
Média	208.7	72.07	83.40	607.0	0.22	407.0	145.0	63.98	1261.	0.21	9.08	2.59	1.07	33.47	0.19	2.88	0.85	0.05	3.59	0.39
Inferência Bayesiana																				
Média	213.94	83.44	61.25	610.85	0.22	424.90	151.30	47.45	1257.96	0.22	9.83	3.45	1.20	33.06	0.21	3.28	1.04	0.08	3.36	0.41
DP	35.21	27.77	27.82	28.08	0.03	81.88	49.32	24.87	55.15	0.04	1.39	0.60	0.41	1.01	0.02	1.39	0.49	0.02	0.77	0.08
Mediana	212.20	78.24	72.56	609.70	0.22	421.30	149.60	55.33	1259.00	0.22	9.78	3.40	1.24	33.08	0.21	2.95	0.97	0.08	3.53	0.39
Moda	217.90	107.10	74.21	594.60	-	435.90	145.40	20.57	1267.00	-	10.02	3.33	1.24	32.91	-	2.73	1.01	0.10	3.47	0.39
IC 95%	139.20	25.37	5.71	548.50	0.15	279.40	64.85	2.67	1122.00	0.16	6.85	2.27	0.39	30.64	0.15	2.28	0.54	0.02	0.10	0.33
	274.90	168.20	97.45	662.90	0.27	574.30	242.20	100.50	1348.00	0.29	12.21	4.55	1.86	34.70	0.25	7.71	2.32	0.15	3.83	0.70

σ^2_a = component de variância genética aditiva; σ^2_m : component de variância genética aditiva materna; σ^2_{mpe} = componente de variância de efeito materno permanente; σ^2_r = variância residual; h^2 = herdabilidade; P = peso; IK = índice de Kleiber. IC: intervalo de confiança.

As características de crescimento, como pesos, têm herdabilidade de moderada a alta, sendo, portanto, importantes critérios de seleção para sistemas de produção de bovinos de corte (Nesser et al., 2012). Em geral, os animais precoces são menores e entram na fase de acabamento (deposição de gordura) com pesos menores (Berg e Butterfield, 1976). O crescimento também está relacionado à precocidade reprodutiva em bovinos de corte, apresentando grande importância econômica (Terakado et al., 2015). No entanto, deve-se estar atento, pois a seleção de animais para pesos mais altos pode implicar em um tamanho adulto maior (Barros et al., 2018), que geralmente geram animais tardios para adquirir um acabamento adequado para o abate do animal.

Bovinos, especialmente fêmeas, de tamanho adulto grande não são desejáveis em programas de melhoramento, pois a manutenção desses animais gera altos custos com a alimentação, necessitando de mais nutrientes para manter seu peso elevado (Malhado et al., 2009). Em geral, a eficiência reprodutiva é um dos componentes mais importantes em sistemas de produção de bovinos de corte (Gunki et al., 2001; Terakado et al., 2015). Portanto, o tamanho do corpo está ligado às exigências nutricionais e ao consumo de ração, reforçando a importância da avaliação genética para eficiência alimentar.

Berry e Crowley (2013) encontraram herdabilidade de 0,21 a 0,52 para eficiência alimentar em bovinos. Grion et al. (2014) encontraram herdabilidade de 0,22 em bovinos zebuínos e Crowley et al. (2010) encontraram herdabilidade de 0,31 em touros de diferentes raças, para eficiência alimentar. Isto é consistente com a considerável variação genética na eficiência alimentar dentro e entre raças (Herd e Bishop 2000, 2002), o que permitiu o uso desta característica como um critério de seleção e estimula uma avaliação específica para os rebanhos, com a possibilidade de ganhos genéticos através de seleção direta.

Em ambas as raças, o efeito materno ainda pode ser visto como influente nas estimativas de herdabilidade para pesos de 210 dias, enquanto para eficiência, este efeito tende a diminuir. Portanto, o efeito materno deve ser incluído nas estimativas genéticas para peso até 1 ano de idade. As estimativas dos componentes de variância apresentaram valores próximos entre os dois métodos utilizados.

No entanto, deve-se notar que a Inferência Bayesiana tem vantagens, porque é possível incorporar informações antes do procedimento de estimativa, que é especificado através de uma distribuição a priori (Weir, 1996). Além disso, outras vantagens são a ausência de hipóteses sobre os modelos utilizados e a facilidade de

adoção da estimativa de intervalo (intervalo de credibilidade), que é obtida diretamente pelo quantil da distribuição posterior (Holsinger, 2005).

Portanto, a inferência bayesiana aparece como uma alternativa de maior flexibilidade, tanto em relação aos modelos que podem ser utilizados nas análises quanto em relação às inferências que podem ser feitas a partir dos resultados. Quando aplicado em análise genética, é flexível, portanto, é possível obter densidades posteriores das características estudadas, para trabalhar com um conjunto pequeno ou grande de dados, não sendo necessariamente o conhecimento da distribuição inicial do parâmetro a ser estimado (Faria et al. al., 2007).

Quanto à amostragem GIBBS utilizada neste estudo, Van Tassel et al. (1995) relatam que ela tem várias vantagens de uso em comparação com métodos convencionais, tais como não requer soluções para equações de modelos mistos, permite a análise de um conjunto maior de dados do que quando se usa REML com técnicas de matriz esparsa. Ele fornece estimativas diretas e exatidão dos componentes de variância (valores genéticos e intervalos de confiança para essas estimativas) e pode ser usado sem problemas em sistemas de computação de baixa potência.

As correlações genéticas entre os pesos e a eficiência alimentar foram baixas a magnitude média (Tabela 2), mostrando que a seleção de animais usando eficiência alimentar pode não necessariamente afetar o peso dos animais. Uma particularidade, vista na Limusin, é uma baixa correlação negativa entre P210 e IK210 com IK365. No Charolês, houve uma correlação negativa baixa entre P210 e IK365.

Tabela 3. Correlação genética para pesos e eficiência alimentar de animais Limousin (diagonal superior) e Charolês (diagonal inferior) criados na Itália.

	P210	P365	IK210	IK365
P210	-	0.68 _f /0.77 _r /0.76 _b	0.59 _f /0.51 _r /0.52 _b	-0.09 _f /-0.27 _r /-0.27 _b
P365	0.65 _f /0.67 _r /0.66 _b	-	0.38 _f /0.30 _r /0.29 _b	0.62 _f /0.38 _r /0.40 _b
IK210	0.42 _f /0.54 _r /0.65 _b	0.28 _f /0.30 _r /0.21 _b	-	0.04 _f /-0.12 _r /-0.15 _b
IK365	-0.20 _f /-0.39 _r /-0.35 _b	0.67 _f /0.51 _r /0.56 _b	0.07 _f /0.13 _r /0.11 _b	-

P = peso; IK = índice de Kleiber. r: máxima verossimilhança restrita; b: Bayesiana; F: fenotípica.

Pode-se supor que quanto maior o ganho, maior a eficiência de conversão em função da diluição dos requisitos de manutenção, que são relativamente constantes.

Correlações genéticas entre pesos foram médias (Charolês) até altas (Limousin), indicando que a seleção baseada em características de crescimento em qualquer idade pode resultar em ganhos genéticos no peso corporal. Vale a pena notar que as correlações genéticas também apresentam valores próximos entre os dois métodos.

As correlações genéticas entre a eficiência alimentar em ambas as idades foram de baixa magnitude; indicando que essa característica deve ser analisada como um caráter diferente em cada período da vida dos indivíduos. Correlações genéticas favoráveis, com altas magnitudes, entre pesos foram relatadas em estudos com outras raças (Boligon et al., 2009; Meyer et al., 2004). Isso é prático, pois possibilita o uso de dados de peso de animais em idades mais jovens, permitindo a redução do intervalo de geração.

As correlações genéticas negativas entre P210 e IK365 em ambas as raças podem ser uma indicação da possibilidade de identificação de animais que apresentam alta eficiência de crescimento em relação ao tamanho corporal, e um acabamento mais precoce em comparação aos animais de maior tamanho corporal. Okine et al. (2003) estimaram que uma melhora de 5% na eficiência alimentar sem uma mudança na taxa de crescimento dos animais poderia resultar em uma economia nove vezes maior nos custos com ração quando comparada à economia gerada por um aumento de 5% no ganho médio diário, sem qualquer alteração no consumo de alimentos.

No entanto, Gibb e McAllister (1999) descobriram que ao melhorar a conversão alimentar em 5%, o impacto econômico seria quatro vezes maior quando comparado a um aumento de 5% no ganho de peso vivo, porque a seleção baseada no ganho de peso favorece animais com maior tamanho adulto. Esses animais maiores são fisiologicamente tardios em comparação com animais menores, e permanecem mais tempo alimentados antes do abate.

Em geral, estes animais selecionados apresentarão maior diluição dos requisitos de manutenção a partir do desmame, ou seja, maior crescimento corporal sem aumentar o custo de manutenção. No entanto, avaliando a correlação moderada entre IK365 e P365, podemos concluir que esses resultados definem que a seleção para o IK ou P365 tem uma boa probabilidade de ter o mesmo efeito, ou seja, selecionará os mesmos animais e os mesmos alelos.

Além disso, Moore et al. (2009) relatam que o uso da conversão alimentar pode aumentar o tamanho e o peso dos animais em adultos. A justificativa é que a eficiência alimentar, obtida a partir da razão entre consumo e ganho de peso, e conversão

alimentar, calculada pelo inverso dessa relação, é a mais utilizada para identificar animais eficientes (Schenkel et al., 2004).

No entanto, seu uso como critério para a identificação de animais eficientes é limitado, uma vez que são medidas brutas que não levam em consideração as diferenças nas exigências de manutenção e crescimento dos animais (Berry e Crowley, 2012). As consequências naturais são um aumento no tamanho adulto dos animais e necessidades nutricionais.

Deve-se notar também que o uso dessas relações em programas de seleção pode resultar em problemas associados à previsão de mudanças nas características das gerações futuras, uma vez que os animais podem apresentar a mesma eficiência com diferentes consumos e ganhos de peso (Hoque & Suzuki, 2009). Essa afirmação pode ser sustentada pelo resultado observado por Arthur et al. (2001), onde os autores verificaram que a taxa de conversão alimentar foi altamente correlacionada geneticamente no sentido negativo com taxa de crescimento relativo ($r = -0,90$) e IK ($r = -0,81$). A taxa de crescimento relativa também é característica que não requer a medição do consumo de ração.

A correlação genética entre a eficiência alimentar e os pesos de ambas as raças foram diferentes das encontradas por Cearero et al. (2016), que não encontraram associação entre essas características, porque aqui encontramos uma relação moderada com a idade de 365 dias. As correlações genéticas entre eficiência alimentar e peso tiveram as magnitudes menores que as observadas em Grion et al. (2014) (-0,18), e essa relação negativa, corrobora com os resultados aqui apresentados. Correlações genéticas negativas entre eficiência alimentar e peso em bovinos também foram encontradas por Crowley et al. (2010) e Berry e Crowley (2012).

Segundo esses autores, a eficiência alimentar apresenta correlação genética favorável com características relacionadas ao consumo alimentar (consumo de concentrado e consumo de matéria seca) e ganhos de peso, indicando bons resultados em respostas correlacionadas para selecionar essas características. Castilho et al. (2010) em seu estudo também encontraram que o IK é o traço com forte correlação com o ganho médio diário quando comparados coeficientes de correlação com índices maiores que a conversão alimentar, ganho residual e taxa de crescimento relativo.

Fatores ambientais também devem ser considerados, já que a pecuária global está ajustando seus métodos devido às pressões das comunidades internacionais no contexto da mudança climática. Animais com boa eficiência alimentar apresentam

menores emissões de gases por unidade de peso produzida, principalmente devido à redução no consumo diário de ração (Herd et al., 2002; Schenkel et al., 2004). Esses gases são derivados do processo digestivo de fermentação entérica em bovinos, que podem variar dependendo do sistema de alimentação, e são uma parte perdida da energia da ração, diminuindo a eficiência da produção animal (Pedreira et al., 2005).

Uma avaliação econômica da inclusão da eficiência alimentar em índices de seleção é recomendada para estudos posteriores, uma vez que estimativas econômicas são essenciais para tornar a ênfase da seleção proporcional à importância econômica de cada característica no propósito de seleção (Amer et al., 2001). O metano é o principal gás causador do efeito estufa. Resultados de pesquisas mostram que animais eficientes emitem menos metano, tanto em quantidade absoluta quanto em relação ao consumo de matéria seca (Nkrumah et al., 2006; Hegarty et al., 2005; Millis et al., 2009).

Segundo Løvendahl et al. (2018), a classificação pode mudar em bovinos leiteiros quando se considera a eficiência alimentar e a emissão de metano. Assim, um próximo projeto interessante para otimizar a produção do gado Charolês e Limousin na Itália poderia ser um estudo avaliando correlações genéticas entre eficiência alimentar e emissão de gases em bovinos de corte.

Conclusão

Seleção utilizando eficiência alimentar aos 365 dias (índice de Kleiber) pode afetar positivamente o tamanho adulto dos animais nesta idade. Na eficiência alimentar existe variabilidade genética suficiente para alcançar ganhos genéticos satisfatórios e não requer medições do consumo de ração, facilitando avaliações em grandes rebanhos, onde o consumo individual é difícil de medir.

Informações sobre o peso dos animais em idades mais jovens podem ser usadas na seleção por causa da correlação genética e ganhos genéticos por seleção são possíveis. O uso de modelos de máxima verossimilhança restrita e inferência bayesiana têm resultados semelhantes.

Referências

Amer PR, Simm G, Keane MG, Diskin M G, Wickham BW. 2001. Breeding objectives for beef cattle in Ireland. *Livest Prod Sci.* 67: 223–239

Archer JA, Richardson EC, Herd RM, Arthur P. 1999. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. *Aust J Agric Res.* 50:147–161.

Arthur PF, Archer JA, Herd RM. 2004. Feed intake and efficiency in beef cattle: overview of recent Australian research and challenges for the future. *Aust J Exp Agr.* 44:361–369.

Arthur PF, Renand G, Krauss D. 2001. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. *Livest Prod Sci.* 68: 131-139.

Barbosa L, Lopes PS, Regazzi AJ, Torres RA, Santana Junior ML, Veroneze R. 2008. Estimation of genetic parameters for growth and backfat thickness of Large White pigs using the Gibbs Sampler. *R Bras Zootec.* 37:1200-1206.

Barros CC, Aspilcueta-Borquis RR, Fraga AB, Tonhati H. 2016. Genetic parameter estimates for production and reproduction traits in dairy buffaloes. *R Caat.* 29:216–221.

Basarab JA, Beauchemin KA, Baron VS, Ominski KH, Guan LL, Miller SP, Crowley JJ. 2013. Reducing GHG emissions through genetic improvement for feed efficiency: effects on economically important traits and enteric methane production. *Anim.*7:303–315.

Basarab JA, Colazo MG, Ambrose DJ, Novak S, McCartney D, Baron VS. 2011. Residual feed intake adjusted for backfat thickness and feeding frequency is independent of fertility in beef heifers. *Can J Anim Sci.* 91: 573–584.

Bennett GL, Gregory KE. 1996. Genetic (Co)variances Among Birth Weight, 200-Day Weight, and Postweaning Gain in Composites and Parental Breeds of Beef Cattle. *Anim Sci.* 74:2598–2611.

Ben Zaabza H, Ben Gara A, Hammami H, Ferchichi MA, Rekik B. 2016. Estimation of variance components of milk, fat, and protein yields of Tunisian Holstein dairy cattle using Bayesian and REML methods. *Arch Anim Breed.* 59:243-248.

Berg RT, Butterfield RM. 1976. *New concepts of cattle growth.* Sydney: Sydney University Press. 240.

Berry DP, Crowley JJ. 2013. Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *J Anim Sci.* 91:1594–1613.

Berry DP, Crowley JJ. 2012. Residual intake and body weight gain: a new measure of efficiency in growing cattle. *J Anim Sci.* 90:109-115.

Blackburn H, Gollin D. 2009. Animal genetic resource trade flows: The utilization of newly imported breeds and the gene flow of imported animals in the United States of America. *Livest Sci.* 120:240–247.

Bouquet A, Venot E, Laloe D, Forabosco F, Fogh A, Pabiou T, Moore K, Eriksson JA, Renand G, Phocas F. 2011. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *J Anim Sci.* 89:1719–1730.

Boligon AA, Mercadante MEZ, Baldi F, Lôbo RB, Albuquerque LG. 2009a. Multi-trait and random regression mature weight heritability and breeding value estimates in Nelore cattle. *S Afr J Anim Sci.* 39:145-148.

Boligon AA, Albuquerque LG, Mercadante MEZ, Lobo RR. 2009b. Heritability and correlations between weights from birth to maturity in Nelore cattle. *R Bras Zootec.* 38: 2320-2326.

Bullock KD, Bertrand JK, Benyshek LL. 1993. Genetic and environmental parameters for mature weight and other growth measures in Polled Hereford cattle. *J Anim Sci.* 71:1737–1741.

Brumatti RC, Ferraz JBS, Eler JP, Formigoni IB. 2011. Desenvolvimento de índice de seleção em gado de corte sob o enfoque de um modelo bioeconômico. *Arch Zoot.* 60:205-213.

Castilhos AM, Branco RH, Corvino TLS, Razook AG, Bonilha SFM, Figueiredo LA. 2010. Feed efficiency of Nellore cattle selected for postweaning weight. *R Bras Zootec.* 39:2486-2493.

Ceacero TM, Mercadante MEZ, Cyrillo JNSG, Canesin RC, Bonilha SFM, Albuquerque LG. 2016. Phenotypic and Genetic Correlations of Feed Efficiency Traits with Growth and Carcass Traits in Nellore Cattle Selected for Postweaning Weight. *Plos One.* 11:1-11.

Crowley JJ, Mc Gee M, Kenny DA, Crews Jr DH, Evans RD, Berry DP. 2010. Phenotypic and genetic parameters for different measures of feed efficiency in different breeds of Irish performance-tested beef bulls. *J Anim Sci.* 88: 885-894.

El-Saied UM, Fuente LF, Rodríguez R, San Primitivo F. 2006. Genetic parameter estimates for birth and weaning weights, pre-weaning daily weight gain and three type traits for Charolais beef cattle in Spain. *Span J Agri Res.* 4:146-155.

Faria CU, Magnabosco CU, Reyes AL, Lobo RB, Bezerra LAF. 2007. Bayesian Inference and its applications in the genetic evaluation of the Nellore cattle: Bibliographic Review. *Cienc Anim Bras.* 8:75-86.

Ferrel CL, Jenkins TG. 1985. Cow type and nutritional environment: nutritional aspects. *J Anim Sci.* 61:725-741.

Figueiredo GG, Rezende MPG, Figueiredo MP, Bozzi R, Souza Junior AAO, Carneiro PLS, Malhado CHM. 2019. Morphofunctional characteristics of Dorper sheep crossed with Brazilian native breeds. *Small Rum Res.* 170:143–148

Gibb DJ, McAllister TA. 1999. The impact of feed intake and feeding behavior of cattle on feedlot and feedbunk management. *West Nutrit Conf.* 20:101-116.

Giorgetti A, Lucifero M, Acciaioli A, Sargentini C, Martini A. 1992. Caratteristiche produttive di vitelloni Chianini, Charolais e Limousins. Rilievi alla sezionatura commerciale. *Zootec Nutr Anim.* 18:84-85.

Grion AL, Mercadante MEZ, Cyrillo JNSG, Bonilha SFM, Magnami E, Branco RH. 2014. Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle. *J Anim Sci.* 92: 955–965.

Gunski RJ, Garnero ADV, Bezerra LAF, Corrado MP, Lobo RB. 2001. Idade ao primeiro parto, período de gestação e peso ao nascimento na raça nelore. *Cienc Agro.* 32: 46-52.

Hallander J, Waldmann P, Chunkao W, Sillanpaa MJ. 2010. Bayesian inference of genetic parameters based on conditional decompositions of multivariate normal distributions. *Genet.* 185:645-654.

Heady HF. 1975. *Rangeland Management* McGraw-Hill Book Company, USA.

Hammer Q, Harper DAT, Ryan PD. 2001. PAST: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeont Electr.* 4:4–9.

Hegarty RS, Herd RM, Goopy JP, Arthur PF. 2005. Selection for residual feed intake can change methane production in feedlot steers. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics.* 16:334-337.

Herd RM, Arthur PF, Hegarty RS, Archer JA. 2002. Potential to reduce greenhouse gas emissions from beef production by selection for reduced residual feed intake. *Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Institut National de la Recherche Agronomique, France. Montpellier, France. Communic.* 1:10–22.

Herd RM, Bishop SC. 2000. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. *Livest Prod Sci.* 63: 111–119.

Holsinger KE. 2005. Bayesian population genetic data analysis. Boston: Department of Ecology & Evolutionary Biology, University of Connecticut. 124p.

Hurley AM, Lopez-Villalobos N, McParland S, Lewis E, Kennedy E, O'Donovan M, Burke JL, Berry DP. 2017. Genetics of alternative definitions of feed efficiency in grazing lactating dairy cows. *J Dairy Sci.* 7:5501-5514.

Keeton LL, Green RD, Golden BL, Anderson KJ. 1996. Estimation of variance components and prediction of breeding values for scrotal circumference and weaning weight in Limousin cattle. *J Anim Sci.* 74:31-36.

Kleiber M. 1936. Problems involved in breeding for efficiency of food utilization. *Am Soc Anim Prod.* 29:247–258.

Kumar IS, Gangaraju G, Kumar CV, Nath S. 2018. Genetic parameters for growth rate and Kleiber ratios of Nellore sheep. *Ind J Anim Res.* 52:1405-1408.

Løvendahl P, Difford GF, Li B, Chagunda MGG. 2018. Review: Selecting for improved feed efficiency and reduced methane emissions in dairy cattle. *Anim.* 12:336-349.

Meyer K, Johnston D, Graser H. 2004. Estimates of the complete genetic covariance matrix for traits in multi-trait genetic evaluation of Australian Hereford cattle. *Aust J Agric Res.* 55:195-210.

Meyer K. 1993. Estimativas de correlações diretas e maternas entre características de crescimento em bovinos de corte australianos. *Livest Prod Sci.* 38:91-105.

Malhado CHM, Ramos AA, Carneiro PLS, Azevedo DMMR, Affonso PRA, Pereira DG, Souza JC. 2009. Genetic parameters of reproductive and productive traits in cross-breed water buffaloes in Brazil. *R Bras Saúde Prod Anim.* 10:830–839.

Millis JAN, Crompton LA, Bannink A., Tamminga S, Moorby J, Reynolds CK. 2009. Predicting methane emissions and nitrogen excretion from cattle. *J Agri Sci.* 147:741-742.

Misztal J. 2012. FORTRAN Programs. World Wide Web.

Moore SS, Mujibi FD, Sherman EL. 2009. Molecular basis for residual feed intake in beef cattle. *J Anim Sci.* 87:41–47.

Nkrumah JD, Okine EK, Mathison GW, Schmid K, Li C, Basarab JA, Price MA, Wang Z, Moore SS. 2006. Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. *J Anim Sci.* 84:145–153.

Okine EK, Basarab JA, Goonewardene LA, Mir P, Mir Z, Price MA, Arthur PF, Moore SS. 2003. Residual feed intake: what is it and how does it differ from traditional concepts of feed efficiency? *Proceedings of the Canadian Society of Animal Science.* Saskatoon.

Pasandideh M, Rahimi-Mianji G, Gholizadeh M. 2018. A genome scan for quantitative trait loci affecting average daily gain and Kleiber ratio in Baluchi Sheep. *J Genet.* 97:493-503.

Pedreira MS, Oliveira SG, Berchielli TT, Primavesi O. 2005. Ruminant methane emission related aspects in cattle production systems. *Arch Vet Sci.* 10:24-32.

Phocas F, Laloe D. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livest Prod Sci.* 89:121-128.

Raftery AE, Lewis S. 1992. How many iterations in the Gibbs sampler?, p.763-773. In: Bernardo, J.M., J.O. Berger, A.P. Dawid (eds) *Bayesian statistics 4.* Oxford: Oxford University Press.

Ramsey R, Doye D, Ward C, McGrann J, Falconer L, Bevers S. 2005. Factors affecting beef cow-herd costs, production, and profits. *J Agr Appl Econ.* 37:91–99.

Robert CP. 2006. *Le choix bayésien Principes et pratique.* 1st ed. Paris: Springer-Verlag France. p.638.

Robinson DL, Oddy VH. 2004. Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. *Livest Prod Sci.* 90:255–270.

Schaefer et al 2014.
<https://patentimages.storage.googleapis.com/7b/c3/99/395c5a32a4cd9f/US9961883.pdf>.

Schenkel FS, Miller SP, Wilton JW. 2004. Genetic parameters and breed differences for feed efficiency, growth, and body composition traits of young beef bulls. *Can J Anim Sci.* 84:177-185.

Smith BJ. 2005. Bayesian output analysis program (BOA) for MCMC.

Vieira A, Lobato JFP, Torres Junior RA, Cezar IM, Correa ES. 2005. Fatores determinantes do desempenho reprodutivo de vacas Nelore na região dos cerrados do Brasil Central. *R Bras Zoot.* 34:2408–2416.

Van Tassel CP, Casella G, Pollak EJ. 1995. Effects of selection on estimates of variance components using Gibbs sampling and restricted maximum likelihood. *J Dairy Sci.* 78:678-692.

Van Niekerk M, Naser FWC. 2006. Genetic parameters for growth traits in South African Limousin cattle. *South Afr J Anim Sci.* 36:6-9

Weir BS. 1996. *Genetic data analysis II. Methods for discrete population genetic data.* Sunderland: Sinauer Associates. 445p.

Artigo na norma do Journal of Animal Science.

LINK PARA AS NORMAS DAS REVISTAS:

Revista Portuguesa de Medicina Veterinária <https://www.spcv.pt/>

Journal of Agricultural Science <http://www.ccsenet.org/journal/index.php/jas>

Livestock Science <https://www.journals.elsevier.com/livestock-science>

Journal of Animal Science. <https://academic.oup.com/jas>