UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

PRISCILA SILVA OLIVEIRA

**Estrutura populacional e tendência genética de
características de crescimento e adaptação de
bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber**

Pirassununga

2009

PRISCILA SILVA OLIVEIRA

**Estrutura populacional e tendência genética de
características de crescimento e adaptação de
bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber**

Dissertação apresentada à Faculdade de
Zootecnia e Engenharia de Alimentos da
Universidade de São Paulo, como parte dos
requisitos para a obtenção do Título de
Mestre em Zootecnia.

Área de Concentração: Qualidade e
Produtividade Animal

Orientador: Prof. Dr. José Bento Stermann
Ferraz

Pirassununga

2009

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação

Serviço de Biblioteca e Informação da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos
da Universidade de São Paulo

048e	Oliveira, Priscila Silva Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber / Priscila Silva Oliveira. -- Pirassununga, 2009. 95 f. Dissertação (Mestrado) -- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos - Universidade de São Paulo. Departamento de Ciências Básicas. Área de Concentração: Qualidade e Produtividade
Animal.	Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz.
I.	1. Endogamia 2. Parâmetros genéticos 3. Repelência 4. Tamanho efetivo populacional 5. Temperamento. Título.

Dedicatória

*Dedico, com muito carinho, aos meus queridos pais, Edison e Vanda,
às minhas irmãs, Viviane e Letícia e ao meu cunhado Fabrício
pelo constante apoio, compreensão
e amor incondicional.*

*À minha “grande” sobrinha Beatriz,
por existir e por fazer cada dia,
um pouco mais feliz.*

*A todos que amo e que
de algum modo fizeram
a diferença em
minha vida.*

Agradecimentos

A Deus pela vida e por todas as oportunidades nela concedidas;

À Universidade de São Paulo e à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, pela oportunidade de realização do curso de mestrado;

À CAPES pela concessão da bolsa de mestrado;

Aos professores Dr. José Bento Sterman Ferraz e Prof. Dr. Joanir Pereira Eler por toda orientação, incentivo, confiança, amizade e paciência durante a execução deste trabalho;

À Fazenda Mundo Novo, em especial ao Dr. Eduardo Penteado Cardoso, pelo fornecimento dos dados e colaboração;

Aos queridos amigos, Marina, Jane, Sandra, Cucco, Heloíse, Mário e Rodrigo, pelos valiosos ensinamentos, pelos grandes conselhos, pela imensa contribuição não só para o meu crescimento científico como também intelectual e, principalmente, pela grande amizade estabelecida;

*Aos queridos, mais que amigos, Elisângela Mattos, Fernanda Rezende e Victor Pedrosa, por todos os motivos já citados, mas principalmente pela paciência, dedicação e humildade em transmitir seus conhecimentos tão importantes na concretização deste trabalho e **carinho**, incondicional;*

À querida Cláudia Ribeiro do Valle, pelos grandes conselhos e pela amizade eterna!

A todos os demais amigos e funcionários do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Fábio, Gilson e Arnaldo pelo companheirismo, prontidão e apoio em todos os momentos e, aos professores, César, Júlio, Gerson e Rachel pela amizade e contribuição para a minha formação profissional;

Aos amigos, primos, tios e avós que mesmo distantes colaboraram muito, por meio de incentivos, conselhos, amor e confiança.

*"É melhor tentar e falhar,
que preocupar-se e ver a vida passar.
É melhor tentar, ainda que em vão,
que sentar-se fazendo nada até o final.
Eu prefiro na chuva caminhar,
que em dias frios em casa me esconder.
Prefiro ser feliz, embora louco,
que em conformidade viver ..."*

Martin Luther King

Lista de figuras

Figura 1- Touros da raça Nelore, linhagem Lemgruber com maior número de progênie no rebanho da fazenda Mundo Novo.....	50
Figura 2- Integralidade do pedigree (%) até a sexta geração.....	56
Figura 3- Endogamia média por ano de nascimento.....	57
Figura 4- Comparação entre o coeficiente médio de endogamia e o número de animais endogâmicos por ano.....	59
Figura 5- Comparação entre o relacionamento genético aditivo (r_{ga}) médio e coeficiente de endogamia (F) por ano de nascimento.....	67
Figura 6- Comparação entre a taxa de endogamia e o incremento no relacionamento genético aditivo por ano de nascimento.....	67
Figura 7- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso ao nascimento no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	75
Figura 8- Tendência fenotípica para peso ao nascimento no período de 1996 à 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	75
Figura 9- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso aos 120 dias no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	76
Figura 10- Tendência fenotípica para peso aos 120 dias no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	76

Figura 11- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso à desmama no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	77
Figura 12- Tendência fenotípica para peso à desmama no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	77
Figura 13- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso aos 12 meses no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	78
Figura 14- Tendência fenotípica para peso aos 12 meses no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	78
Figura 15- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para ganho de peso da desmama ao sobreano no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	79
Figura 16- Tendência fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	79
Figura 17- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	80
Figura 18- Tendência fenotípica para o ganho de peso na prova a pasto da ABCZ, em 224 dias no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	80
Figura 19- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para perímetro escrotal no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	81

Figura 20- Tendência fenotípica para perímetro escrotal no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	81
Figura 21- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para temperamento no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	82
Figura 22- Tendência fenotípica para temperamento no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	82
Figura 23- Tendência genética dos efeitos genéticos direto para repelência no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	83
Figura 24- Tendência fenotípica para repelência no período de 1996 a 2007 de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	83

Lista de tabelas

Tabela 1- Descrição das características que compõe as análises multi-caracteres..	42
Tabela 2- Número de observações valores mínimo se máximos, média e erro padrão das características analisadas, em animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	43
Tabela 3- Distribuição das matrizes da raça Nelore, linhagem Lemgruber, quanto a ordem de partos por ano.....	46
Tabela 4- Número máximo e médio do tamanho das famílias dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	47
Tabela 5- Descrição da contribuição individual e acumulada dos principais ancestrais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, para a população referência.....	48
Tabela 6- Número de machos e fêmeas da raça Nelore, linhagem Lemgruber na reprodução, por ano de nascimento da progênie.....	49
Tabela 7- Distribuição da idade dos touros da raça Nelore, linhagem Lemgruber por ano de nascimento de suas progênies.....	51
Tabela 8- Distribuição da idade das matrizes por ano de nascimento de suas progênies.....	52
Tabela 9- Intervalo médio de geração e número de observações por ano de nascimento de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	53
Tabela 10- Média da integralidade do pedigree (%) até a sexta geração por ano, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	55

Tabela 11- Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (%End), coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos (Fend), coeficiente de relação médio (CR) e tamanho efetivo da população (N_e), por geração completa de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	58
Tabela 12- Distribuição dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber por classe de endogamia e ano de nascimento.....	60
Tabela 13- Número total (Total), dos indivíduos endogâmicos (End) e endogamia média dos indivíduos endogâmicos (F médio).....	61
Tabela 14- Estatística descritiva para o coeficiente de endogamia (F) considerando todos os animais, por ano.....	62
Tabela 15- Estatística descritiva do coeficiente de endogamia (Fend) considerando apenas os animais endogâmicos, por ano.....	63
Tabela 16- Tamanho efetivo populacional calculado com base no número de touros e matrizes da raça Nelore, linhagem Lemgruber, nascidos em um determinado ano.....	64
Tabela 17- Tamanho efetivo populacional calculado com base na taxa de endogamia por ano de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	65
Tabela 18- Relacionamento genético aditivo (r_{ga}) médio, taxa de relacionamento genético aditivo (Δf), coeficiente de endogamia (F) e taxa de endogamia (ΔF).....	66
Tabela 19- Estimativas de componentes de variância pelas análises multicaracterísticas para PN, P120, PD, PES12, GP345, GP224, PE, TEMP e REP de animais da raça Nelore linhagem Lemgruber.....	68

Tabela 20- Estimativas ¹ de herdabilidade (h^2) ² , e correlações genéticas ³ e fenotípicas ⁴ entre as características PN, P120, PD, PES12, GP345, GP224, PE, TEMP e REP de animais da raça Nelore linhagem Lemgruber.....	69
--	----

Tabela 21- Tendências genéticas e fenotípicas de características ponderais e de adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber.....	74
--	----

1 Introdução	15
2 Revisão Bibliográfica	18
2.1 O nelore Lemgruber	18
2.2 Definição de linhagem	20
2.3 Estrutura populacional	22
2.3.1 Endogamia	23
2.3.2 Tamanho efetivo populacional	26
2.3.3 Intervalo de gerações	28
2.4 Parâmetros e tendência genética	29
2.5 Características de crescimento e adaptação	32
3 Objetivos	36
4 Material e Métodos	37
4.1 Origem dos dados	37
4.2 Análise do pedigree	37
4.2.1 Dados do pedigree	37
4.2.2 Estimação dos parâmetros populacionais	38
4.3 Análise dos dados de produção e de adaptação	41
4.3.1 Arquivo de dados	41
4.3.2 Estimação dos parâmetros genéticos	41
4.3.3 Estimação das tendências genéticas e fenotípicas	43
5 Resultados e discussão	44
5.1 Estrutura populacional	44
5.2 Análise do pedigree	54
5.3 Parâmetros genéticos	68
5.4 Tendência genética	73
6 Conclusão	85
7 Referências Bibliográficas	86

OLIVEIRA, P. S. **Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber.** 2009. 95P. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2009.

O presente estudo teve como objetivo avaliar a estrutura populacional, estimar parâmetros (coeficientes de herdabilidade e correlações) e determinar as tendências genéticas e fenotípicas de características de crescimento e adaptação em bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber. O banco de dados utilizado nas análises constituiu-se de 39.290 animais no arquivo de pedigree e de 24.353 animais no arquivo de produção. Os parâmetros populacionais foram obtidos por meio dos softwares POPREP (GROENEVELD et al., 2009) e ENDOG v 3.2 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005). As estatísticas descritivas e os parâmetros genéticos para cada característica estudada foram estimadas por meio de quatro análises hepta-característica utilizando o programa VCE-6 (KOVAC & GROENEVELD, 2003) sob modelo animal completo. As tendências genéticas e fenotípicas foram obtidas pela regressão dos valores genéticos e fenotípicos respectivamente sobre o ano de nascimento dos animais e os coeficientes da regressão foram estimados por meio do método de quadrados mínimos. Apesar da endogamia média do rebanho ser considerada moderada verificou-se alta porcentagem de indivíduos endogâmicos e reduzido tamanho efetivo populacional. Além disso, o incremento contínuo de endogamia ao longo dos anos demonstra a necessidade de intervenção na seleção dos indivíduos para reprodução, de modo que, problemas futuros possam ser evitados. Os coeficientes de herdabilidade direta foram estimados em 0,24, 0,31, 0,31, 0,21, 0,19, 0,30, 0,41, 0,19 e 0,17 respectivamente para peso ao nascimento (PN), peso aos 120 dias de idade (P120), peso à desmama (PD), peso ao ano (PES12), ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias (GP345), ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias (GP224), perímetro escrotal (PE), temperamento (TEMP), e repelência (REP) e indicam que a variabilidade genética aditiva existente é suficiente para a obtenção do ganho genético em resposta à seleção desde que sejam realizados ajustes, tanto nas estratégias de seleção adotadas para a obtenção de maiores ganhos nos valores genéticos, como também nos fatores ambientais que possam possibilitar ao máximo, a expressão do potencial genético dos animais.

Palavras-Chave: endogamia, parâmetros genéticos, repelência, tamanho efetivo populacional, temperamento

OLIVEIRA, P.S. **Population structure and genetic trends of growth and adaptability traits in Nellore cattle, Lemgruber line.** 2009. 95P. M.Sc. Dissertation - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2008.

The present study had as objective to evaluate the population structure, to estimate parameters (coefficients of heritability and correlation) and to determine the phenotypic and genetic trends for growth and adaptability traits in Nellore cattle, Lemgruber line. The database used in the analysis consisted of 39,290 animals in the pedigree and 24,353 animals in the production file. The population parameters were obtained from the software POPREP (Groeneveld et al., 2009) and ENDOG v 3.2 (Gutierrez and GOYACHE, 2005). The descriptive statistics and genetic parameters for each characteristic studied were estimated by four seven-traits analysis using the program VCE-6 (Kovac & GROENEVELD, 2003) which uses the animal model. The phenotypic and genetic trends were obtained by means of phenotypic and genetic values respectively on the year of birth of the animals and the regression coefficients were estimated by the method of least squares. Although the average inbreeding of the herd being considered moderate, there was high percentage of inbred individuals and small effective population size. Furthermore, the continuous increase in inbreeding over the years demonstrates the need for intervention in the selection of individuals for reproduction, so that future problems can be avoided. Direct heritability coefficients were estimated as 0.24, 0.31, 0.31, 0.21, 0.19, 0.30, 0.41, 0.19 and 0.17 respectively for birth weight (PN), weight 120 days of age (P120), weaning weight (PD), weight at 12 months of age (PES12), weight gain after weaning from 205 to 550 days (GP345), weight gain during the pasture test of ABCZ in 224 days (GP224), scrotal circumference (PE), docility (TEMP) and repellency (REP) and indicate that the additive genetic variability is sufficient to obtain genetic gain in response to selection as far as adjustments in selection strategies are adopted to achieve larger gains in breeding values, and environmental factors that may allow the expression of the genetic potential of the animals.

Key words: docility, effective population size, genetic parameters, growth traits, inbreeding, repellence to ectoparasites.

1 Introdução

Em todo programa de melhoramento genético é necessário monitorar os principais parâmetros que caracterizam uma população para que o processo de seleção adotado seja avaliado e ajustes necessários para a otimização do ganho genético e da rentabilidade da exploração possam ser realizados.

O Brasil é hoje um dos países que mais se destacam quanto à produção e à exportação de carne bovina de qualidade, sendo a raça Nelore um alicerce tanto para a produção de carne, como também para cruzamentos e aprimoramento genético no país. O rápido desenvolvimento do Nelore no país se deve a utilização de touros geneticamente superiores, a boa fertilidade identificada pelos diferentes programas de melhoramento genético, a precocidade de acabamento, a alta prolificidade e adaptabilidade da raça às diferentes condições de criação e manejo.

O nome Nelore é proveniente de um distrito da antiga província de Madras, Estado de Andra, situada na costa oriental da Índia, onde foram embarcados os primeiros animais da raça Ongole durante o século XIX e que no Brasil ficaram conhecidos como Nelore. As importações mais relevantes foram, no entanto, aquelas realizadas no século seguinte, na década de 60, responsáveis pela introdução de alguns touros importantes devido as suas características fenotípicas e que contribuíram para a caracterização, conformação e melhoramento do rebanho nacional (HISTÓRIA..., 2007).

Estima-se que aproximadamente 7.000 zebuínos da Índia ingressaram no país durante as importações (BRASIL, 1988). Entre os importantes touros zebuínos da raça Nelore estão Karvadi, Taj Mahal, Kurupathy, Golias, Rastã e Godhavari, animais considerados reprodutores fundadores, pois concentram, individualmente,

grande participação na composição genética dos rebanhos atuais (MAGNABOSCO et al., 1997).

Assim como esses animais, alguns de seus descendentes considerados geneticamente superiores vêm sendo amplamente utilizados como reprodutores por meio do uso de biotecnologias reprodutivas como a inseminação artificial e a transferência de embriões que permitem a obtenção de um número muito maior de descendentes por animal. Além disso, a disponibilidade de informações mais precisas sobre o mérito genético de cada indivíduo candidato à seleção por meio de informações de parentes proporciona progresso genético dos rebanhos e ao aumento da endogamia, pois elevam as chances de acasalamentos entre animais aparentados.

Assim como a endogamia, o tamanho efetivo populacional e o intervalo de gerações são os principais parâmetros que compõem e caracterizam a estrutura de uma população. As estimativas adequadas desses parâmetros principalmente em populações sob seleção permitem não só avaliar o programa de melhoramento genético adotado como também direciona o desenvolvimento de estratégias que proporcionam a manutenção da biodiversidade e o ganho genético ao longo das gerações.

A falta de informações apropriadas e precisas com relação a essas informações, que são altamente dependentes do manejo e dos sistemas de acasalamentos, devido principalmente às inconsistências dos bancos dados é hoje, no entanto, um dos principais problemas encontrados pelos pesquisadores.

O principal efeito da endogamia é o aumento da homozigose que permite a manifestação de genes que geralmente provocam alguma alteração na média do mérito individual. Como consequência do maior número de pares de genes em

homozigose, há uma redução da variabilidade genética, pois quanto maior a homozigose menor é a diversidade de gametas produzidos pelo animal. Essa redução da variabilidade genética é um dos fatores mais preocupantes que levam os pesquisadores a realizarem estudos sobre a estrutura das populações.

Teoricamente, com o aumento da endogamia há uma redução na resposta à seleção ao longo do tempo, devido à fixação de alelos que conduzem a população a um limite de seleção, o que se constitui em um processo prejudicial para o progresso genético.

No entanto, mesmo com todos os riscos, os animais endogâmicos vêm sendo bastante utilizados na reprodução por criadores que tem como objetivo assegurar a uniformidade racial e a fixação de certas características nas linhagens, cujos produtos têm maior aceitação comercial. Por isso, o conhecimento da estrutura populacional, associado a programas de melhoramento genético tornou-se de grande importância, por permitirem um gerenciamento adequado dos recursos genéticos visando à preservação da máxima diversidade. Da mesma forma, a identificação das variações na produção por unidade de tempo, denominada tendência genética, é indispensável para se avaliar a metodologia de seleção adotada por meio dos progressos genéticos obtidos.

Sendo assim, propôs-se com este trabalho avaliar a estrutura populacional, estimar os parâmetros genéticos (coeficientes de herdabilidade e correlações) e determinar as tendências genéticas de características de crescimento e de adaptação em bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

2 Revisão Bibliográfica

2.1 O Nelore Lemgruber

A história do Nelore Lemgruber teve início em 1878 com Manoel Ubelhart Lemgruber, que naquela época era proprietário da Fazenda Santo Antônio, no município de Sapucaia (RJ). Lemgruber, como era conhecido, utilizava as mais avançadas técnicas na agricultura e na pecuária, fruto de observações feitas nas viagens que fazia à Europa onde realizou os cursos de engenharia e mecânica (CARDOSO, 2008).

Na Alemanha, em visita ao Jardim Zoológico de Hamburgo, conheceu os primeiros zebuínos de origem indiana da raça Ongole. Impressionado com a raça, Lemgruber importou um pequeno lote de animais, direto da Índia despertando grande interesse entre os criadores. Na época, muitos criticaram a iniciativa. No entanto, devido à sua excelente adaptação às condições brasileiras, o gado criado por Lemgruber espalhou-se por todo o país, principalmente nos estados de Minas Gerais e Bahia (A HISTÓRIA..., 1993).

Diante dos resultados promissores, Lemgruber fez vir em 1880, um segundo lote, seguido de outro em 1893, no qual foi importado o famoso touro "Castor", inesquecível pelas qualidades da descendência. Mais tarde, entre 1900 e 1920, outros apreciadores da raça começaram a buscar o Ongole na Índia, escolhendo os melhores animais que permaneciam no distrito de Nellore, antes do embarque. Ou seja, os animais da raça "Nelore" são os mesmos da raça Ongole, importados da Índia que ficavam no distrito de Nellore enquanto aguardavam o embarque nos navios (HISTÓRIA..., 2007).

Com a morte do precursor Manoel U. Lemgruber em 1921, seu filho Flávio Lemgruber assumiu a criação e deu continuidade ao programa de seleção daquele rebanho, que posteriormente recebeu o nome de Linhagem Lemgruber (CARDOSO, 2008).

Inúmeras outras importações foram realizadas por pecuaristas brasileiros cujos animais serviriam de base para a caracterização do Nelore (A HISTÓRIA..., 1993). Em 1938, com a criação do padrão brasileiro do Nelore, predominou-se a preocupação com a caracterização da raça, envolvendo medidas de orelhas, umbigo, etc., em detrimento de aspectos fundamentais como a rusticidade, precocidade no ganho de peso, reprodução, habilidade materna e mansidão, características marcantes dos animais da raça Nelore, Linhagem Lemgruber. Tal concepção gerou conseqüências nocivas, implicando na redução do peso dos animais, com verdadeiro retrocesso na criação nacional (CARDOSO, 2008).

Esse critério perdurou até a década de 1960, quando novas importações permitiram a vinda de outros animais da raça Ongole, com algumas diferenças daqueles importados por Manuel U. Lemgruber. A partir daí, ocorreu a flexibilidade do padrão nacional da raça, permitindo assim o surgimento de novas linhagens (CARDOSO, 2008).

Um pecuarista de Curvelo (MG), Geraldo Soares de Paula, passou a adquirir animais da família Lemgruber, resistindo às novas linhagens. Ele acreditava que a linhagem Lemgruber não deveria ser “misturada” com os animais vindos das importações mais recentes - notadamente as de 1960 e 1962. Em suas mãos, a linhagem Lemgruber permaneceu fechada, praticamente sem a influência desses novos animais que se propagaram rapidamente por todas as regiões do Brasil. Para ele a linhagem Lemgruber criada a campo seria capaz de produzir animais pesados,

com alta fertilidade e bom temperamento sem perder a rusticidade (A HISTÓRIA...,1993).

Aconselhado pelo Engenheiro Agrônomo Fausto Pereira Lima, o grupo Manah, ligado à área de fertilizantes, com fazenda instalada na cidade de Brotas (SP), resolveu em 1974 aderir a linhagem Lemgruber. Adquiriu do criador mineiro, Geraldo de Paula, o primeiro lote de animais, que incluía o famoso touro Mistério. Nessa época iniciou-se o trabalho de aprimoramento do Nelore Lemgruber tendo um grande salto em 1982 com o aconselhamento técnico do Prof. J. Bonsma da África do Sul, e posteriormente pelo Prof. D. Hargrove, dos EUA, que confirmaram as qualidades dessa linhagem e indicaram as regras básicas a serem seguidas para uma seleção visando à eficiência funcional. (A HISTÓRIA..., 1993).

Em 2001 todos os animais pertencentes ao grupo Manah, mais de 3.700 Neloques P.O. (puros de origem), da linhagem Lemgruber, foram adquiridos pelos irmãos Fernando Penteado Cardoso Filho e Eduardo Penteado Cardoso e transferidos para a Fazenda Mundo Novo, localizada em Uberaba, no Estado de Minas Gerais (CIPEC...,2008). Desde então os animais deste rebanho, selecionados exclusivamente a pasto, vêm se destacando pela rusticidade, precocidade no ganho de peso, reprodução, habilidade materna e temperamento com extraordinária contribuição para o rebanho nacional (CARDOSO, 2008).

2.2 Definição de linhagem

Segundo Faria et al. (2002) em função do sucesso obtido com a formação de linhas endogâmicas no início do século XX, por fixar mais rapidamente determinadas características raciais como cor de pelagem, tamanho de orelhas e outras, o

fechamento de rebanhos e a formação de linhagens foram utilizadas por criadores como ferramenta para o aprimoramento das raças.

O termo linhagem, de acordo com Pereira (1994) refere-se a um grupo de animais, descendentes de um reprodutor ou uma matriz, que constituem uma família, cujos membros têm, entre si, maior grau de parentesco do que o comumente observado na raça. Magnabosco et al. (1997) afirmaram que a formação de linhagens não implica necessariamente no acasalamento direto de um reprodutor com os seus descendentes, ou seja, o emprego direto da endogamia, mas sim, na utilização intensiva na reprodução de vários animais com origem ligada ao ancestral comum, visando a fixação de características desejadas pelo criador e que supõe estarem associadas a tal reprodutor. Esses autores afirmaram ainda que estudar a existência de linhagens no rebanho zebuino brasileiro propicia aos selecionadores o conhecimento da estrutura familiar relacionada aos reprodutores que têm sido utilizados de forma mais intensa nos programas de seleção e melhoramento.

No entanto, um problema comum que ocorre com a formação de linhagens é que o mérito do ancestral é geralmente baseado em avaliações subjetivas de algumas características, não necessariamente relacionadas com a produção. Além disso, mesmo considerando que esse ancestral tenha sido objetivamente avaliado para características de importância econômica, esta forma de seleção, que de fato acaba sendo um tipo de seleção baseado na genealogia, tende a ser menos efetiva que a seleção pelo desempenho do indivíduo (MAGNABOSCO et al., 1997).

De acordo com Oliveira et al. (2002), é possível que grupos de animais, pertencentes a diferentes linhagens, estejam constituindo, a cada dia, um material genético distinto. Com isso, acasalamentos entre linhagens poderão propiciar a manifestação da heterose que, conseqüentemente, poderá restaurar a perda de

vigor adaptativo ocorrida com a endogamia, contribuindo dessa forma para o aumento do desempenho dos animais. No entanto, é indispensável considerar durante a escolha de um touro para a reprodução, o mérito genético individual e não apenas o simples fato desse touro pertencer a uma linhagem distinta.

2.3 Estrutura populacional

O principal objetivo ao definir a estrutura de uma população é estimar parâmetros que a caracterizam (endogamia, tamanho efetivo populacional e intervalo de gerações), permitindo prevenir tendências negativas assim que estas se tornem evidentes.

Nas populações submetidas à seleção, o número de indivíduos reprodutores em um dado momento não caracteriza adequadamente a população. Para tanto, devem ser calculados alguns parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, como o tamanho efetivo populacional (N_e), o número efetivo de fundadores (N_f) e o número efetivo de ancestrais (N_a). De acordo com Boichard et al. (1997) e Faria (2002) esses parâmetros têm sido utilizados para avaliar a variabilidade genética em diferentes raças bovinas.

Além disso, uma vez que a taxa de progresso genético na população depende, entre outras coisas da reposição dos animais, o fluxo dos animais no rebanho, a determinação da idade média dos reprodutores e a distribuição de partos ao longo do tempo se tornam importantes parâmetros de observação.

Do mesmo modo, o tamanho da família também é uma observação importante que deve ser levada em consideração, pois se refere ao número de descendentes de um indivíduo que se tornam reprodutores na geração seguinte

(FALCONER; MACKAY, 1996). Sob condição ideal descrita por Wright (1931) tanto os machos como as fêmeas têm chances iguais de produzir progênie para a próxima geração. No entanto, na prática não é isso o que acontece uma vez que a contribuição genética dos pais não é a mesma. Essas contribuições desiguais são o que levam às variações no tamanho da família.

Como conseqüências do aumento da variação no tamanho da família têm-se um aumento na taxa de endogamia e redução no tamanho efetivo da população. Groeneveld (2003) apud Groeneveld et al. (2009a), afirma que garantir o uso equilibrado do número de machos e das fêmeas em reprodução é um procedimento simples e eficiente para controlar a endogamia em uma determinada população.

2.3.1 Endogamia

A endogamia é definida como um sistema de acasalamento no qual os animais envolvidos são mais aparentados do que a média de parentesco da população como um todo (LUSH, 1945). É capaz de alterar as freqüências genotípicas de uma população sem alterar as freqüências gênicas.

Grande parte da endogamia nos rebanhos tem origem na ampla utilização de biotecnologias reprodutivas como a inseminação artificial, que eleva a intensidade de seleção e no uso intensivo de poucos reprodutores, que reduz a variabilidade genética e contribui para o incremento da variação do número de filhos por reprodutor, sendo esta uma das principais causas do aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo populacional (FARIA et al., 2002). Sendo assim, a endogamia deve ser limitada para manter a diversidade em um nível aceitável, de

modo que a variação genética possa garantir que os animais respondam às futuras alterações no ambiente e às metodologias de seleção.

Apesar de ser um processo prejudicial tanto para a expressão das características de interesse econômico quanto para o ganho genético em programas de seleção, a endogamia é utilizada por alguns produtores com a finalidade de aumentar a prepotência (capacidade de um indivíduo produzir filhos parecidos com ele próprio) uma vez que indivíduos mais endogâmicos possuem menor variação de gametas e assim a progênie tende a ser mais uniforme. Segundo Koury Filho (2003), o aumento da prepotência ocorre mais facilmente em características qualitativas, geralmente determinadas por poucos pares de genes, como cor da pelagem, formato de orelha, cabeça e outros, e mais dificilmente nas características quantitativas ou produtivas que são determinadas por muitos pares de genes.

A deterioração das características devido à endogamia pode ser detectada com precisão por meio de análises bem conduzidas das estimativas do coeficiente de endogamia (F) e da taxa de aumento da endogamia (ΔF) ao longo dos anos (CASSEL; ADAMEC; PEARSON, 2003). Essas estimativas dependem do conhecimento de seus ancestrais e por isso, quanto maior o número de ancestrais considerados, mais precisas serão as estimativas (YOUNG; SEYKORA, 1996) com conseqüente aumento de seus valores (FALCONER, 1987; QUEIROZ et al. 2000).

Genealogias incompletas podem levar à subestimação da endogamia e do parentesco (VAN RADEN, 1992) assim como a não utilização da população base verdadeira na qual o coeficiente de endogamia é igual a zero (YOUNG; SEYKORA, 1996). Logo, quanto maior o número de ancestrais desprezados maior será o viés, uma vez que potenciais contribuições dos ancestrais desconhecidos são ignoradas. Além disso, informações errôneas nas genealogias também afetam de forma

imprevisível as estimativas de endogamia (BARON et al., 2002). Segundo Groeneveld et al. (2009a) alguns parâmetros podem ser utilizados para avaliar o que pode ser chamado de “qualidade” ou “integralidade” do pedigree como, por exemplo, o índice criado por MacCluer et al. (1983) que tem como objetivo sintetizar a proporção de antepassados conhecidos em cada geração ascendente e quantifica a chance de detecção de endogamia no pedigree.

A superestimação nas estimativas de acurácia nas avaliações genéticas também pode ser considerada uma das consequências da utilização da endogamia nos rebanhos, devido à consideração de diversas contribuições de um mesmo ancestral em um animal endogâmico como contribuições de ancestrais independentes (WIGGANS; VAN RADEN; ZUURBIER, 1995),

Algumas propostas foram estabelecidas para se evitar a deterioração genética em função do aumento da endogamia, como por exemplo, selecionar um maior número de pais e diminuir a seleção dentro de família, dando menor peso sobre as informações de pedigree (WRAY; THOMPSON, 1990; GRUNDY; HILL, 1993) assim como, criar um fator de custo (ponderar) nas relações de parentesco dos animais selecionados para gerar as próximas gerações (WRAY; GODDARD, 1994; BRISBANE; GIBSON, 1995).

Programas de acasalamentos dirigidos como o descrito por Roso e Fries (1998) também são muito importantes no controle da endogamia, além de combinar informações genéticas que permitem otimizar o ganho da próxima geração.

Groeneveld et al. (2009a) afirmaram que o desenvolvimento do relacionamento genético aditivo, r_{ga} , ao longo de gerações pode vir a ser mais estável que o coeficiente de endogamia, porque se baseia em todos os

acasalamentos possíveis, enquanto que a escolha dos acasalamentos pode reduzir o coeficiente de endogamia da progênie.

Segundo Falconer e Mackay (1996), o coeficiente de endogamia de um indivíduo é igual ao r_{GA} entre os pais. Além disso, sob acasalamento aleatório a taxa de endogamia (ΔF) é igual à taxa de relacionamento médio aditivo (f). Assim, o tamanho efetivo de uma população pode ser obtido a partir de $\frac{1}{2\Delta F}$ ou $\frac{1}{2\Delta f}$ e, a discrepância entre os dois resultados indica um desvio do sistema de acasalamento aleatório.

2.3.2 Tamanho efetivo populacional

O tamanho efetivo populacional (N_e) é um parâmetro essencial no estudo das teorias evolutivas, da genética de populações e da genética quantitativa. O N_e é definido pelo número de animais reprodutores que poderiam gerar a mesma taxa de endogamia ou variância nas frequências alélicas como a observada na população sob consideração, caso estes fossem criados nas condições de uma população idealizada (KIMURA; CROW, 1963; CABALLERO, 1994; FALCONER; MACKAY, 1996).

Segundo Wright (1931) uma população ideal consiste de uma população de tamanho infinito de acasalamentos aleatórios e número constante de reprodutores por geração. Todos os indivíduos sobrevivem do nascimento à fase adulta. Ambas as amostras dos gametas (óvulo e espermatozóides) e sua união são aleatórias, com a ressalva de que todos os indivíduos têm iguais chances de produzir progênie. Além disso, mudanças sistemáticas nas frequências alélicas (pela

seleção, por exemplo) são excluídas nessa população e as gerações não se sobrepõem.

O N_e não é só um parâmetro útil para prever a endogamia, como também uma ferramenta para analisar genealogias (CABALLERO e TORO, 2000). Valera et al. (1999) afirmaram que por meio do N_e há maior compreensão dos efeitos da variação no número de machos, de fêmeas e do tamanho da família sobre a deriva genética e sobre a endogamia.

Nas populações atuais, o N_e teórico pode diferir muito do tamanho real das mesmas, sendo usualmente, muito menor. Em um trabalho realizado por Faria et al. (2002) a razão encontrada entre N_e e número total de animais registrados (N) de 1994 a 1998 (N_e/N) no Nelore foi de 0,000613, caracterizando o acentuado desvio desses dois parâmetros. Isso ocorre principalmente porque em uma população natural nem todos os indivíduos têm a oportunidade de se acasarem ou ainda porque a proporção sexual dos animais selecionados para serem pais da próxima geração é desbalanceada.

Faria et al. (2001) afirmaram que a prolongada utilização de poucos reprodutores como pais contribui para o aumento da variação do número de filhos por reprodutor, sendo esta uma das principais causas da diminuição do tamanho efetivo populacional. Além disso, o N_e também pode ser ainda mais reduzido se as gerações sobrepuserem de modo que os descendentes possam se acasalar com seus pais.

As populações de menor N_e apresentam os maiores coeficientes médios de endogamia em razão da maior probabilidade de acasalamentos entre indivíduos aparentados, a maior fixação de alelos e a maior redução do limite de seleção (BREDA et al., 2004). Populações de maior N_e possuem maior diversidade genética

e conseqüentemente maior probabilidade de encontrar genes raros e de baixa frequência.

Segundo Pereira Filho (2005), a principal restrição para a utilização de N_e maiores é o custo elevado de manutenção da população, sendo então necessária a procura de N_e que proporcione os melhores resultados para otimizar a relação benefício-custo. Goddard e Smith (1990) sugerem N_e mínimo de 40 por geração para maximizar o ganho genético em população selecionada para produção de leite. Meuwissen e Woolliams (1994) recomendam valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimo no valor adaptativo (*fitness*). Nicholas (1988), afirma que o tamanho efetivo deve ser o suficiente para assegurar valores menores que 1% ao ano para a taxa de endogamia (ΔF), o que segundo o mesmo autor implicaria em manter um tamanho efetivo maior que 50 por intervalo de gerações.

2.3.3 Intervalo de gerações

Assim como a endogamia e o N_e , o intervalo de gerações é um parâmetro de extrema importância que caracteriza a estrutura de uma população, pois não só influencia no ganho genético como também determina o tempo médio em que são transmitidos os genes dos pais para os filhos, em reflexo ao tempo de permanência dos reprodutores em um rebanho.

O intervalo de gerações pode ser calculado como a média da idade do progenitor ao nascimento de seus filhos, do primeiro ao último, mantidos ou não para a reprodução. No entanto, resultados encontrados nessas diferentes metodologias não podem ser comparados (GROENEVELD et al., 2009a)

De acordo com Malhado et al. (2008) a redução do intervalo médio de gerações é fundamental para o aumento nos ganhos genéticos. Quando o intervalo de geração é reduzido pela metade, os possíveis ganhos genéticos por ano são duplicados. Faria et al. (2001) afirmaram que grandes intervalos reduzem o ganho genético anual das características selecionadas reduzindo o retorno econômico do programa.

Em um estudo sobre a importância relativa de diferentes fatores na resposta a seleção, caracterizado pelo ganho genético por unidade de tempo (tendência genética), Avila et al. (1997) simularam um processo de seleção de 20 anos para uma característica de crescimento em rebanho de gado de corte. Os resultados obtidos mostraram que 12,2 % da resposta à seleção foram devido ao intervalo de gerações, além do componente genético aditivo e do diferencial de seleção.

Uma das alternativas para reduzir o intervalo de gerações principalmente quando se refere ao intervalo pai-progênie é utilizar jovens touros avaliados. Bagherwal et al. (1993), relataram que a escolha de animais a serem utilizados como reprodutores deve acontecer o quanto antes possível, de modo que, mesmo se a avaliação genética não for muito acurada, pode-se aumentar o ganho genético reduzindo-se o intervalo de gerações.

2.4 Parâmetros e tendência genética

Componentes de (co) variâncias são parâmetros populacionais essenciais, tanto para a pesquisa, como para a prática em melhoramento genético animal, uma vez que possibilita a estimação de parâmetros (coeficientes de herdabilidade e correlações) e a predição de valores genéticos. De acordo com Koots et al. (1994),

esses parâmetros são inerentes a determinada população e podem mudar com o tempo, devido a mudanças em sua estrutura genética e decisões de manejo.

Assim como a identificação correta dos animais geneticamente superiores é determinante para o progresso genético da população, é também de extrema importância o conhecimento de quanto das diferenças observadas nas características de interesse no melhoramento deve-se a fatores genéticos aditivos, ou seja, aqueles transmissíveis às futuras progênes por meio da seleção (FARIA, 2006).

Em mamíferos, as mães têm maior influência no fenótipo da progênie do que o pai, sendo as muitas causas deste fato denominadas de efeitos maternos (MERCADANTE et al., 1995). Efeitos maternos podem ser definidos como qualquer influência sobre o fenótipo do indivíduo, atribuível diretamente ao fenótipo (genótipo mais ambiente) da mãe, manifestados na fertilização, gestação ou durante a lactação, podendo ser transitórios ou persistir por toda a vida do animal (FARIA, 2006).

O sucesso nos programas de melhoramento genético em gado de corte, que visam o crescimento e a reprodução, tem como pré-requisitos a correta identificação dos efeitos ambientais e genéticos que influenciam a produção dos rebanhos e a obtenção de estimativas acuradas de parâmetros genéticos (coeficientes de herdabilidade e correlações) e dos valores genéticos.

A variação ocorrida entre os indivíduos é resultado de uma combinação de efeitos genéticos e de ambiente que, por meio da estimativa do coeficiente de herdabilidade, é possível definir se a maior parcela dessa variabilidade se deve a efeitos genéticos ou de ambiente.

O coeficiente de herdabilidade (h^2) expressa a proporção da variância total que é atribuída aos valores genéticos (FALCONER e MACKAY, 1996) além de determinar a importância a ser dada a cada característica.

A associação entre duas ou mais características observadas em indivíduos de determinada população é denominada de correlação fenotípica, a qual se decompõe nos componentes genéticos e de ambiente. A principal causa da correlação genética é o pleiotropismo, que segundo Falconer e Mackay (1996) é, simplesmente, a propriedade pela qual um gene, afeta duas ou mais características, de modo que se o gene estiver segregando, causará variação simultânea nas características que ele afeta.

A determinação do coeficiente de correlação genética entre as características de interesse econômico é de extrema importância para o delineamento de programas de seleção, pois estabelece não só o grau como também a direção da associação linear entre duas características que pode ser provocada tanto por efeitos genéticos como ambientais. Segundo Ferriani (2006), em um rebanho bovino, é fundamental conhecer o sentido e a magnitude das associações genéticas entre as características selecionadas, para verificação e controle dos efeitos de seleção sobre outras características.

Assim como os coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas, as variações na produção por unidade de tempo também devem ser estimadas para que o processo de seleção adotado seja avaliado e ajustes necessários que venham otimizar o ganho genético e a rentabilidade da criação sejam realizados.

Euclides Filho et al. (2000) afirmaram que, para se avaliar as tendências genéticas de uma população é preciso considerar o trajeto histórico quanto ao melhoramento genético, especialmente com respeito aos programas de seleção. De

acordo com esses mesmos autores, tendências genéticas próximas de zero e, até mesmo negativas, não são difíceis de serem encontradas na literatura, principalmente quando são resultantes de avaliações conduzidas cujos critérios de seleção não são bem definidos. De acordo com Magnabosco (1990), estimar as tendências genéticas é a maneira mais clara de se observar quanto do progresso genético ocorreu em um determinado rebanho, visto que a melhora no desempenho ponderal não significa necessariamente melhoria genética do rebanho.

2.5 Características de crescimento e adaptação

As características produtivas, por serem quantitativas, refletem os efeitos combinados de grande número de genes, sendo assim influenciadas significativamente por variações ambientais (NIZAMANI; BERGER, 1996). De acordo com Roman et al. (1999) essas características são as de maior valor econômico, razão pela qual são normalmente consideradas como essenciais em programas de seleção.

Garnero et al. (2002) afirmaram que o valor econômico de um animal como reprodutor não é determinado por uma característica isolada, mas sim pelo conjunto das características de maior interesse econômico e se não houver uma escolha adequada do método de seleção e conhecimento dos parâmetros genéticos das populações não haverá sucesso para o progresso genético.

O peso ao nascimento (PN) e o ganho de peso têm sido os principais caracteres avaliados até a fase de desmama (CARDOSO et al., 2001; GRESSLER et al., 2005). O PN deve ser sempre monitorado para evitar um aumento significativo, com conseqüentes problemas de dificuldade de parto. Touros de

grande porte produzem bezerros mais pesados ao nascer, com influência nas demais idades. Já as diferenças encontradas no peso ao nascer entre machos e fêmeas são atribuídas à capacidade genética dos machos apresentarem maiores índices de crescimento pré e pós-natal, possivelmente devido a fatores hormonais (LEDIC et al. 1985).

O peso aos 120 dias de idade (P120) é um dos melhores indicadores da habilidade materna em bovinos de corte assim como o peso à desmama (PD). Nessas características verifica-se a manifestação do efeito dos genes do próprio animal para desenvolver-se (efeito direto) e o efeito dos genes da mãe do animal, influenciando seu desempenho (efeito materno) uma vez que elas são responsáveis por, aproximadamente, 60% do crescimento do descendente até a fase de desmama (PEREIRA, 1994). Cardoso et al. (2001) afirmaram que com a seleção de fêmeas de maior habilidade materna é possível aumentar o crescimento pré-desmama.

As características pós-desmama também são muito importantes no estudo do desempenho ponderal de bovinos de corte manejados a campo, pois é nesta fase que os animais podem desenvolver seu potencial genético para crescimento, sem nenhuma ou pouca influência dos efeitos maternos.

Segundo Cyrillo et al.,(2001) estudos sobre a estimativa de herdabilidade para o peso aos 12 meses (PES12), são freqüentes na literatura e os resultados encontrados pelos autores, avaliando estimativas obtidas pelos mais diferentes métodos, raças, práticas de manejo e número de indivíduos na amostra, podem ser considerados de moderados a altos. Lôbo et al. (2000) relataram valores médios de herdabilidade para PN, PD e PES12 de 0,33; 0,22 e 0,20, respectivamente. Em revisão feita por Lira, Rosa e Garnero, (2008) com zebuínos de corte, as estimativas

de herdabilidade para as mesmas características se encontravam entre 0,16 - 0,66; 0,04 - 0,58 e 0,08 - 0,56 respectivamente.

O ganho de peso pós desmama, dos 205 aos 550 dias (GP345) é uma medida de extrema importância, pois determina o desenvolvimento do animal, sendo pouco influenciado pelos efeitos maternos, uma vez que o animal já foi desmamado. Sendo assim, pode-se afirmar esta característica é um dos melhores indicadores da capacidade de adaptação dos animais às diversas condições de clima e ambiente.

O ganho de peso de machos em 224 dias (GP224) é uma característica obtida através da prova de ganho de peso à pasto da ABCZ que tem como finalidade a formação de grupos contemporâneos precisos, onde a padronização do meio ambiente (alimentação, clima e manejo) permite que a diferença na performance entre os animais seja altamente correlacionada às diferenças genéticas.

Martins et al. (1998) concluíram que as correlações genéticas entre os pesos e ganhos de pesos foram elevadas indicando que a seleção para o progresso de uma delas implicará em respostas positivas correlacionadas, principalmente no ganho de peso pós-desmama e peso ao sobreano.

O perímetro escrotal (PE) equivale ao perímetro máximo da bolsa escrotal tomada nos machos na época da pesagem aos 18 meses de idade e correlacionada favoravelmente com precocidade sexual em machos e fêmeas (BOURDON e BRINKS, 1983; MARTIN et al., 1992; e MOSER et al., 1996), qualidade e quantidade de sêmen (KNIGHTS et al., 1984) e no desenvolvimento ponderal (KNIGHTS et al., 1984; BOURDON e BRINKS, 1983; KRIESE et al., 1991; LÔBO et al., 1994; e BERGMANN et al., 1996).

O uso do PE para compor os critérios de seleção em bovinos de corte tem sido uma prática comum na maioria dos bons programas de melhoramento em todo

o mundo, devido principalmente à herdabilidade relativamente alta e a facilidade de mensuração. Em revisão realizada por Lira, Rosa e Garnero (2008) valores entre 0,31 e 0,81 foram citados para a herdabilidade de PE e entre -0,39 e -0,19 como estimativas para a correlação genética entre as características PE e idade ao primeiro parto (IPP). No entanto, a seleção para PE não deve ser uma substituição para a seleção direta sobre o desempenho reprodutivo da fêmea havendo a necessidade de se estudar outras características medidas diretamente nas fêmeas e que possam ser indicadoras de precocidade e fertilidade (ELER et al., 2002; ELER et al., 2004).

O temperamento (TEMP) vem ganhando importância como uma característica de produção. Segundo Voisinet et al. (1997) animais mais nervosos ganham menos peso diário, quando comparados com animais mais calmos. Spironelli (2006) afirma que essa característica pode ser definida pela intensidade com que um animal reage ao ser humano ou a situações criadas por este. A avaliação de TEMP é realizada ao observar a reação de cada animal à presença do avaliador na arena de manejo e o escore atribuído a esta característica varia de 1 (mais reativo) à 5 (mais dócil).

A repelência (REP) é uma característica de extrema utilidade, avaliada através de medida visual que demonstra a infestação por ectoparasitas. Essa característica revela a sensibilidade à mosca do chifre e aos carrapatos, sendo apresentada em escores que oscilam de 1 (maior infestação de ectoparasitas) a 5 (maior repelência a ectoparasitas).

Os coeficientes de herdabilidade para TEMP e REP foram estimados por Burrow (2001) em bovinos compostos, que encontrou valores de 0,40 e 0,42 respectivamente utilizando modelo animal, e de 0,44 para ambas as características quando utilizou modelo animal incluindo efeito materno.

3 Objetivos

Tendo em vista a importância do conhecimento dos parâmetros que caracterizam a estrutura de uma população, objetivou-se com este trabalho:

- Caracterizar a estrutura genética de uma população de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber por meio do cálculo do coeficiente de endogamia, do tamanho efetivo populacional e dos intervalos de gerações;
- Estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos (coeficientes de herdabilidade e correlações) e determinar as tendências genéticas e fenotípicas para as características peso ao nascimento (PN), peso aos 120 dias de idade (P120), peso à desmama (PD), peso aos 12 meses de idade (PES12), ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias (GP345), ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias (GP224), perímetro escrotal (PE), temperamento (TEMP), e repelência (REP).

4 Material e Métodos

4.1 Origem dos dados

Os arquivos de dados dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber foram obtidos junto ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo (GMAB-FZEA/USP), localizado em Pirassununga, São Paulo. Os animais, cujos dados foram analisados no presente estudo, pertencem à Fazenda Mundo Novo do Condomínio Agropecuário Irmãos Penteado Cardoso (Cipec Agropecuária) que se localiza no km 125 da BR 050 em Uberaba no Estado de Minas Gerais.

Esse rebanho é explorado visando à venda de reprodutores geneticamente avaliados, comercializados na fazenda e em leilões e os animais descartes são comercializados para o abate. O sistema de criação a pasto, (com gramíneas principalmente das espécies *Brachiaria decumbens* e *Brachiaria brizantha*), é adotado na fazenda com suplementação de sal mineralizado à vontade.

4.2 Análise do pedigree

4.2.1 Dados do Pedigree

O arquivo de registros do pedigree utilizado nas análises incluiu registros de 39.290 animais, sendo 17.646 machos e 21.644 fêmeas, nascidos entre 1951 e 2007 e foi rigorosamente analisado mediante os procedimentos disponíveis no

Microsoft Visual FoxPro 9.0, para checagem de consistência. Além das informações genealógicas disponíveis nos arquivos do GMAB também foram utilizadas informações de ancestrais disponibilizadas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebuínos (ABCZ) o que permitiu obter, estimativas mais precisas dos parâmetros que caracterizam a estrutura populacional e melhorar a acurácia da avaliação genética dos animais. Neste arquivo, 34.691 animais possuíam ambos os pais conhecidos.

4.2.2 Estimação dos parâmetros populacionais

Os parâmetros populacionais foram calculados utilizando os softwares POPREP (GROENEVELD et al., 2009b) e ENDOG v.3.2 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005) que, utilizam um conjunto mínimo de informações sobre cada animal para estimar os parâmetros relevantes que caracterizam a estrutura da população.

Os animais fundadores, normalmente, são aqueles importados e os de genealogia desconhecida e o número efetivo de fundadores (N_f) representa o número de animais com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (LACY, 1989), calculado por:

$$N_f = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2} \quad \text{em que,}$$

q_k é a probabilidade de o gene ser originado do fundador k .

Segundo Boichard et al., (1997) o N_f representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessário para se explicar a total diversidade genética da população estudada.

O número efetivo de ancestrais (N_a) foi calculado de maneira similar ao número efetivo de fundadores computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por:

$$N_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2} \quad \text{em que,}$$

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

A “integralidade” do pedigree foi calculada segundo o método proposto por MacCluer et al. (1983):

$$I_d = \frac{4I_{d_{pat}}I_{d_{mat}}}{I_{d_{pat}} + I_{d_{mat}}} \quad \text{e} \quad I_{d_k} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i \quad \text{em que,}$$

k representa a linha paterna (pat) ou materna (mat) de um indivíduo, a_i é a proporção de ancestrais conhecidos na geração i . O d é o número de gerações consideradas no cálculo da integralidade do pedigree, ou seja, se $d = 5$ então cinco gerações ancestrais serão consideradas nos cálculos.

O coeficiente de endogamia individual (F) foi calculado de acordo com Falconer e Mackay (1996) em que F é igual ao relacionamento genético aditivo (f) entre seus pais ou coeficiente de co-ancestralidade. Ou seja, $F_i = f_{sd}$ onde i é o indivíduo, s é o pai e d é a mãe do indivíduo.

O N_e também foi calculado de acordo com Falconer e Mackay (1996) de duas maneiras distintas. Primeiro utilizou-se a taxa de endogamia por geração em que

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad \text{e} \quad \Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad \text{onde } F_t \text{ e } F_{t-1} \text{ representam a endogamia média da}$$

progênie e de seus pais respectivamente. Em seguida calculou-se o N_e baseado no

número de reprodutores por geração em que $N_e = \frac{4N_mN_f}{N_m+N_f}$ onde N_m e N_f representam o número de reprodutores machos e fêmeas, respectivamente.

O relacionamento genético aditivo foi computado através do PEDIG Fortran Package de Boichard (2007). Resumidamente, o relacionamento médio aditivo entre indivíduos de um grupo (por exemplo, animais nascidos em um determinado ano) é calculado como a endogamia média da progênie de todos os acasalamentos possíveis entre os indivíduos. Assim, a taxa do relacionamento genético aditivo é dado por:

$$\Delta f = \frac{f_t - f_{t-1}}{1 - f_{t-1}} \text{ onde,}$$

f_t e f_{t-1} representam o relacionamento genético aditivo de um grupo nascido na geração t e do grupo nascido na geração anterior, respectivamente.

O intervalo de geração (IG) foi calculado segundo (FALCONER; MACKAY, 1996) que o define como sendo a idade média dos pais ao nascimento de sua progênie mantida para a reprodução. No cálculo do intervalo de geração, uma progênie foi considerada selecionada, se esta deu origem à pelo menos um descendente. O resultado do IG foi computado por quatro caminhos distintos de seleção (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) por ano, para os machos, fêmeas e para toda a população.

4.3 Análise dos dados de produção e adaptação

4.3.1 Arquivo de dados

O arquivo de dados de produção incluiu registros de 24.353 de animais nascidos entre 1985 a 2007 com informações de identificação do animal, do pai, da mãe, ano de nascimento, grupo de contemporâneos (CG), idade da mãe ao parto (IMP), idade na mensuração de cada característica(IMC), ambiente permanente da vaca (APV), data juliana de nascimento (DTJN) que consiste no número de dias até a data de medição das características, peso ao nascimento (PN), peso aos 120 dias de idade (P120), peso à desmama (PD), peso aos 12 meses de idade (PES12), ganho de peso pós desmama, ou seja, dos 205 aos 550 dias de idade (GP345), ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, que tem duração em 224 dias (GP224), temperamento (TEMP), repelência (REP) e perímetro escrotal (PE).

4.3.2 Estimação dos parâmetros genéticos

Para todas as características, o efeito genético direto do animal e o efeito genético materno foram considerados como efeitos aleatórios nos modelos de análise. As características PN, P120, PD e PES12 tiveram como efeitos fixos os GC, IMP, IMC, APV, DTJN. As características GP345, GP224, TEMP, REP e CE tiveram como efeitos fixos apenas GC e IMC.

Os grupos de contemporâneos, definidos neste estudo como animais de mesmo sexo, ano de nascimento e grupo de manejo, permitem eliminar os efeitos

ambientais e comparar os animais pelos valores genéticos. Os grupos de contemporâneos que não possuíam variabilidade foram eliminados.

Análises críticas dos dados foram realizadas por meio de estatísticas descritivas (frequências de ocorrência, médias, amplitudes, desvios-padrão), visando o conhecimento de todas as variáveis existentes. Os registros que ultrapassaram os limites superiores e inferiores aceitáveis de cada característica denominados valores extremos ou *outliers* foram removidos.

Para o cálculo das estatísticas descritivas e para a estimação dos parâmetros genéticos foram realizadas quatro análises multi-característica, com sete características simultaneamente em cada, utilizando o programa VCE-6 (KOVAC e GROENEVELD, 2003), o qual faz uso da inversa da matriz de parentesco e do modelo animal, considerando todas as informações genealógicas. O critério de convergência para todas as execuções foi de 10^{-9} .

Na tabela 1, estão apresentadas as características que compõe cada análise multi-característica realizada no presente estudo.

Tabela 1- Descrição das características que compõe as análises multi-caracteres

Análises	PN	P120	PD	PES12	GP345	GP224	PE	TEMP	REP
1 ^a	x	x	x		x	x	x	x	
2 ^a	x	x	x		x	x	x		x
3 ^a		x	x	x	x	x		x	x
4 ^a	x	x	x	x	x	x	x		

PN= peso ao nascimento, P120= peso aos 120 dias de idade, PD= peso à desmama, PES12= peso aos 12 meses de idade, GP345= ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias, GP224= ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias, PE= perímetro escrotal, TEMP= temperamento, REP= repelência

Na tabela 2, estão apresentadas as estatísticas descritivas para as características em estudo.

Tabela 2 - Número de observações, valores mínimos e máximos, média e erro padrão das características analisadas, em animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Característica	Número de observações	Mínimo	Máximo	Média	Erro padrão
PN (kg)	14.353	11,00	51,00	30,72	3,55
P120 (kg)	12.244	37,00	237,00	125,06	22,60
PD (kg)	19.480	60,00	336,00	172,59	31,17
PES12 (kg)	14.471	95,00	479,00	212,00	39,70
GP345 (kg)	13.141	1,00	355,70	123,80	41,24
GP244 (kg)	4.605	9,00	235,00	109,26	31,04
PE (cm)	5.991	13,00	37,30	24,76	3,21
TEMP (escore)	9.106	1,00	5,00	3,28	0,82
REP (escore)	3.696	1,00	5,00	3,26	0,84

PN= peso ao nascimento, P120= peso aos 120 dias de idade, PD= peso à desmama, PES12= peso aos 12 meses de idade, GP345= ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias, GP224= ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias, PE= perímetro escrotal, TEMP= temperamento, REP= repelência

4.3.3 Estimação das tendências genéticas e fenotípicas

As tendências genéticas e fenotípicas foram obtidas pela regressão dos valores genéticos e fenotípicos respectivamente sobre o ano de nascimento dos animais e os coeficientes da regressão foram estimados por meio do método de quadrados mínimos, que é baseado na obtenção de estimativas que minimizam a variância residual, maximizando assim a qualidade do ajuste, ou seja, a porcentagem de observações que estão próximas ou mesmo sob a função.

5 Resultados e discussão

5.1 Estrutura populacional

O número de ancestrais que contribuíram para a população referência é 2.380 dos quais apenas 7 explicam 50% da variabilidade genética da população.

O número efetivo de fundadores (N_f) nessa população foi 25 e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores é de 1,62%. O número efetivo de ancestrais (N_a) observado nessa população foi igual a 21, muito inferior ao encontrado para a raça Indubrasil (107) por Vercesi Filho et al. (2002) e para a raça Simental na Áustria (113,7) por Solkner et al. (1998). No entanto, valores semelhantes foram encontrados por Boichard et al. (1997) para as raças Abondance (25) e Normanda (40) na França. O parâmetro N_a é sempre inferior ou igual ao N_f , e a razão entre esses parâmetros é um indicativo da variabilidade da população e que expressa o efeito "gargalo" que por sua vez é a maior causa de perda de alelos em populações.

A razão entre o número efetivo de fundadores e ancestrais (N_f / N_a) na população referência em estudo foi de 1,19, ou seja, nem todos os indivíduos apontados como fundadores efetivos dessa população foram efetivamente ancestrais da mesma. No entanto, esse resultado pode ser considerado satisfatório quando comparado com outros resultados citados na literatura. De acordo com Vercesi Filho et al. (2002), o valor médio para a razão N_f / N_a encontrado para o Nelore Mocho foi de 1,44. Reis Filho, (2006) obteve para a raça Gir uma razão de 1,95. Boichard et al. (1997) relataram uma razão igual a 3,0 para a raça Normanda,

relacionado à intensa utilização de poucos animais por meio de inseminação artificial.

Segundo Boichard et al. (1997), as análises obtidas dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene são mais eficientes na predição da variabilidade genética porque são menos sensíveis às falhas ou perdas de informações dos pedigrees.

Na tabela 3 pode-se observar a distribuição das matrizes quanto ao número de partos ao longo do tempo. Esta é uma informação bastante importante, pois nos permite avaliar a taxa de reposição das matrizes do rebanho. Como as matrizes com um número de partos ≥ 16 são poucas no rebanho, estas foram convenientemente agrupadas em um único grupo, para facilitar comparações.

A tabela 4 apresenta as estatísticas relacionadas com o tamanho das famílias para reprodutores machos e fêmeas.

Tabela 3 - Distribuição das matrizes da raça Nelore, linhagem Lemgruber, quanto a ordem de partos por ano

Ano	Distribuição das matrizes por número de partos															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16
1983	662	239	95	33	7	3	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
1984	697	570	209	78	28	3	2	--	--	--	--	--	--	--	--	--
1985	372	536	305	118	34	14	2	--	--	--	--	--	--	--	--	--
1986	269	374	367	166	70	15	7	1	--	--	--	--	--	--	--	--
1987	417	317	473	369	152	69	15	6	1	--	--	--	--	--	--	--
1988	243	242	228	354	266	100	45	6	4	1	--	--	--	--	--	--
1989	217	175	228	227	276	182	67	23	6	2	1	--	--	--	--	--
1990	270	169	181	191	206	196	103	47	11	4	1	--	--	--	--	--
1991	287	116	151	171	198	208	165	90	30	6	1	1	--	--	--	--
1992	216	150	124	133	142	138	119	66	31	8	--	--	1	--	--	--
1993	239	189	126	125	118	128	105	64	34	11	1	--	--	1	1	--
1994	217	176	124	95	113	111	104	54	33	14	5	1	--	--	--	1
1995	261	171	151	150	107	108	98	102	52	27	11	5	--	--	--	1
1996	225	187	198	146	132	105	105	76	62	38	20	5	3	--	--	--
1997	208	157	160	131	111	115	84	79	65	33	22	16	4	2	--	--
1998	273	267	147	194	157	121	104	81	65	49	27	17	6	2	1	--
1999	228	211	211	126	143	107	98	70	43	41	29	14	11	2	1	--
2000	223	142	182	155	126	122	87	83	60	45	27	11	10	9	1	--
2001	269	188	182	174	125	105	94	70	63	40	28	16	4	2	2	--
2002	221	173	87	82	75	53	56	45	29	26	16	8	5	2	--	--
2003	149	180	196	131	116	90	69	72	55	38	25	15	9	6	1	--
2004	281	150	147	144	108	106	86	62	57	46	30	24	12	5	6	12
2005	198	168	131	127	123	87	67	58	40	32	26	9	10	4	1	--
2006	247	220	131	120	113	109	84	59	49	35	25	16	12	7	4	4
2007	205	123	171	100	114	91	88	64	47	36	23	16	3	7	--	--

Tabela 4 - Número máximo e médio do tamanho das famílias dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Ano	Toda progênie				Progênie selecionada				Machos selecionados				Fêmeas selecionadas			
	touro		matriz		touro		matriz		touro		matriz		touro		matriz	
	max	med	max	med	max	med	max	med	max	med	max	med	max	med	max	med
1983	1072	198,5	18	7,3	287	38,6	10	2,0	19	4,7	4	1,3	268	39,5	6	1,9
1984	232	76,5	14	6,3	26	10,9	4	1,7	6	2,3	1	1,0	25	11,1	4	1,7
1985	337	88,9	15	6,6	51	14,2	4	1,7	2	1,1	2	1,2	49	15,7	4	1,6
1986	424	80,0	15	6,0	76	24,5	5	1,6	3	1,8	1	1,0	73	45,5	4	1,6
1987	134	54,8	15	6,6	26	11,3	6	1,8	1	1,0	1	1,0	26	11,2	6	1,7
1988	215	55,8	15	6,9	28	10,7	6	2,0	2	1,3	2	1,2	26	10,0	6	1,9
1989	249	65,6	38	6,6	55	13,9	5	1,7	6	2,4	1	1,0	49	14,1	5	1,7
1990	409	118,7	14	5,3	85	23,4	4	1,7	11	4,8	1	1,0	74	21,8	4	1,7
1991	148	68,6	15	5,9	27	11,6	6	1,7	1	1,0	1	1,0	26	11,1	6	1,6
1992	359	132,0	16	5,1	73	28,1	5	1,8	6	2,8	2	1,1	67	26,5	5	1,8
1993	283	119,7	12	5,2	65	26,8	6	1,7	4	2,3	1	1,0	62	27,8	6	1,7
1994	215	74,2	19	5,0	36	13,0	4	1,6	1	1,0	1	1,0	36	12,6	4	1,5
1995	187	62,9	18	4,5	35	14,2	6	1,6	4	2,2	1	1,0	31	14,5	6	1,6
1996	227	74,5	10	4,3	47	14,9	4	1,6	2	1,1	1	1,0	46	15,4	4	1,5
1997	167	56,4	9	4,2	34	12,1	3	1,4	3	1,7	1	1,0	31	11,5	3	1,5
1998	207	70,3	8	3,8	34	9,5	3	1,3	5	1,7	1	1,0	29	8,7	3	1,3
1999	113	45,4	7	3,3	19	6,8	3	1,1	1	1,0	1	1,0	19	6,3	3	1,2
2000	127	43,6	6	2,6	16	4,1	2	1,1	2	2,0	1	1,0	14	3,9	2	1,1
2001	79	34,4	5	2,4	6	3,6	1	1,0	1	1,0	1	1,0	6	3,4	1	1,0
2002	51	24,8	4	2,1	1	1,0	1	1,0	-	-	-	-	1	1,0	1	1,0
2003	41	24,8	3	1,4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2004	20	11,0	2	1,1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2005	3	3,0	1	1,0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Na tabela 5, se encontram a contribuição individual e a acumulada dos touros ancestrais mais influentes quanto ao número de filhos neste rebanho.

Esses resultados demonstram que poucos reprodutores deram origem a um grande número de filhos no qual os 50 primeiros ancestrais mais representativos, equivalente a 6,7% dos touros, foram responsáveis por 58,73% dos filhos nascidos neste rebanho. Segundo Vercesi Filho et al. (2002) quando um determinado número de animais é utilizado por mais tempo e deixando um número maior de filhos, além da influência sobre o intervalo de gerações, ocorre um aumento na variância de

tamanho de família, que é uma das principais causas da diminuição do tamanho efetivo da população.

Tabela 5 - Descrição da contribuição individual e acumulada dos principais ancestrais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, para a população referência

Ancestrais	Contribuição Individual (%)	Contribuição Acumulada (%)
1º (ZR7015)	5,48	5,48
2º (A1646)	3,05	8,53
3º (8107)	3,03	11,56
4º (ZRC0095)	2,91	14,47
5º (ZRB3194)	2,46	16,93
10 mais influentes	-	25,44
50 mais influentes	-	58,73

Na tabela 6, verifica-se a distribuição do número de machos e fêmeas na reprodução por ano de nascimento da progênie. O número de reprodutores machos e o de fêmeas com progênie em um determinado ano estão distribuídos na segunda e na quarta coluna respectivamente. A terceira e a quinta coluna (progênie selecionada) representam o número de reprodutores machos e de fêmeas que tiveram sua progênie selecionada em um determinado ano, para se tornarem pais da geração seguinte.

Por exemplo: Em 1994, 53 machos produziram 1.053 progênies sendo que as progênies de 33 machos foram selecionadas para se tornarem pais na próxima geração. Do mesmo modo, 1.026 fêmeas produziram 1.053 progênies no mesmo ano e as progênies de 209 fêmeas foram selecionadas para tornarem pais da próxima geração.

Esses valores são importantes, pois além de nos informar a intensidade de seleção realizada entre as progênies dos touros e matrizes nos permite avaliar a real proporção utilizada entre touros e matrizes que neste caso foi de aproximadamente 1:13.

Tabela 6 - Número de machos e fêmeas da raça Nelore, linhagem Lemgruber na reprodução, por ano de nascimento da progênie

Ano	Machos		Fêmeas		Nº de animais nascidos
	Machos com progênie	Progênie selecionada	Fêmeas com progênie	Progênie selecionada	
1983	25	19	1034	202	1054
1984	24	20	1583	153	1595
1985	26	21	1361	207	1429
1986	37	26	1254	152	1278
1987	50	33	1748	187	1836
1988	50	42	1488	186	1504
1989	44	29	1384	233	1415
1990	44	39	1371	215	1391
1991	63	44	1378	235	1434
1992	56	40	1114	211	1136
1993	50	34	1121	225	1147
1994	53	33	1026	209	1053
1995	65	55	1156	248	1256
1996	61	52	1216	229	1331
1997	62	47	1089	211	1193
1998	69	60	1393	296	1514
1999	69	51	1269	251	1341
2000	75	47	1217	217	1288
2001	79	52	1309	229	1367
2002	57	46	854	202	883
2003	62	48	1084	219	1156
2004	75	58	1185	225	1298
2005	84	15	1055	23	1083
2006	82	-	1214	-	1237
2007	90	-	1074	-	1091

A figura 1 demonstra as principais contribuições de touros da raça Nelore, linhagem Lemgruber neste rebanho.

Figura 1 - Touros da raça Nelore, linhagem Lemgruber com maior número de progênie no rebanho da fazenda Mundo Novo

Nas tabelas 7 e 8 estão representadas a estrutura etária dos reprodutores machos e fêmeas respectivamente por ano de nascimento das progênies. Como os reprodutores que se encontram na faixa etária de 16 anos ou mais, são poucos na população, esses foram convenientemente colocados juntos em um mesmo grupo (≥ 16). Os valores no corpo das tabelas representam o número de reprodutores machos e fêmeas em um determinado subgrupo de idade por ano. Traços (“--”) nas tabelas indicam que não havia reprodutores de uma faixa etária específica em um determinado ano. A última coluna representa a idade média de todos os reprodutores do mesmo sexo.

Tabela 7 - Distribuição da idade dos touros da raça Nelore, linhagem Lemgruber, por ano de nascimento de suas progênies

Year	Idade dos touros																μ
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16		
1983	--	3	5	4	1	2	--	1	1	2	--	1	--	1	2	7,7	
1984	1	2	2	3	6	1	1	--	1	2	1	--	1	--	2	8,0	
1985	--	3	3	3	4	4	1	1	--	2	1	1	--	--	2	7,6	
1986	--	10	3	5	4	3	2	1	1	--	1	1	1	--	3	7,1	
1987	--	4	13	5	6	2	3	1	2	1	--	2	2	--	5	7,8	
1988	--	9	5	9	3	6	--	2	3	1	2	--	1	2	3	7,3	
1989	--	2	9	4	6	3	5	4	1	1	2	1	--	1	2	7,4	
1990	--	1	2	8	6	5	3	8	1	--	1	1	--	--	4	8,4	
1991	1	6	5	8	7	2	7	5	3	4	1	1	--	1	6	8,6	
1992	1	6	9	1	4	5	6	6	2	2	4	--	--	2	5	8,6	
1993	1	4	6	7	1	4	5	7	2	2	3	1	--	--	5	8,6	
1994	1	8	11	5	3	2	4	5	2	2	--	4	--	--	4	7,8	
1995	1	14	9	8	4	9	--	6	4	1	--	1	1	--	7	7,6	
1996	1	9	13	8	7	4	5	1	3	3	--	--	1	--	4	6,8	
1997	6	8	13	6	6	8	--	4	--	3	2	--	1	1	3	6,6	
1998	9	9	4	12	9	5	5	3	5	1	--	1	--	1	2	6,2	
1999	8	12	7	6	12	6	7	5	1	1	1	--	--	1	1	5,7	
2000	2	16	15	7	6	4	8	5	3	1	--	1	--	2	3	6,6	
2001	9	13	6	13	5	5	8	5	4	2	1	1	1	--	2	6,1	
2002	9	7	6	8	10	3	1	6	3	1	1	--	--	--	2	6,1	
2003	1	12	5	7	8	8	3	2	3	4	3	1	--	--	4	7,9	
2004	3	15	5	7	6	7	8	2	4	2	3	3	2	1	5	8,2	
2005	3	10	7	9	13	5	5	9	1	2	4	2	--	2	11	9,2	
2006	3	13	7	8	7	12	4	7	6	1	2	--	1	--	11	8,8	
2007	5	14	8	7	11	8	10	4	6	6	1	--	1	--	7	7,8	

Tabela 8 - Distribuição da idade das matrizes por ano de nascimento de suas progênes

Ano	Idade das matrizes															μ
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16	
1983	12	141	134	122	110	122	84	82	63	50	23	10	12	4	1	6,5
1984	21	151	144	192	164	148	217	123	115	96	67	30	23	20	7	7,3
1985	33	103	119	128	152	162	110	173	117	117	63	14	13	3	8	7,4
1986	10	138	109	106	151	131	116	85	129	87	74	40	9	3	5	7,4
1987	24	152	134	98	165	182	161	126	105	152	88	75	38	13	9	7,8
1988	37	159	89	98	126	139	164	139	122	79	121	66	48	11	12	7,9
1989	29	97	97	68	124	127	118	141	124	92	72	96	64	12	11	8,3
1990	70	91	81	126	85	103	103	117	127	102	59	56	66	26	13	8,0
1991	73	124	83	94	104	74	118	101	114	120	95	69	49	46	22	8,2
1992	79	111	121	76	71	99	71	103	80	77	77	59	22	13	20	7,6
1993	84	110	131	119	95	81	87	57	90	76	71	59	12	2	5	7,0
1994	103	105	123	112	67	73	58	104	67	86	64	27	21	1	--	6,9
1995	50	150	121	110	125	112	96	50	69	58	75	55	55	19	8	7,3
1996	91	121	92	145	116	125	106	87	72	60	54	60	38	32	12	7,3
1997	102	91	93	127	103	96	90	92	51	67	47	42	48	23	16	7,3
1998	210	71	142	104	137	123	112	119	98	71	50	53	29	35	38	7,2
1999	177	142	86	108	110	111	98	91	92	83	66	23	31	17	34	7,0
2000	176	63	103	112	105	88	120	93	96	62	66	52	28	18	34	7,3
2001	178	132	138	129	91	109	84	94	76	76	69	55	37	18	20	6,9
2002	84	149	163	55	69	53	51	45	49	38	35	21	22	7	11	6,3
2003	41	114	122	171	93	89	81	81	68	52	52	40	31	27	19	7,3
2004	90	188	110	115	158	82	77	67	59	61	59	36	28	33	22	6,9
2005	121	85	129	103	94	128	70	76	52	50	41	38	30	16	22	6,9
2006	164	125	136	85	116	101	128	60	74	46	50	41	25	24	39	6,9
2007	120	103	115	69	95	89	104	116	55	50	45	32	33	20	28	7,2

A média de idade dos pais quando do nascimento dos filhos assim como o intervalo de gerações, (média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para a reprodução apresentadas na tabela 9, podem ser considerados altos e similares às estimativas relatadas por Queiroz e Lôbo (1993), Faria (2002) e Reis Filho (2006). Essas elevadas estimativas podem ser atribuídas, em parte, à rusticidade e adaptação da raça Nelore ao clima tropical, à elevada idade das vacas ao parto, sete anos em média e a tardia substituição das mesmas.

A redução do ganho genético por unidade de tempo com menor retorno econômico do programa é a principal consequência dos longos intervalos de gerações.

Tabela 9 - Intervalo médio de geração e número de observações por ano de nascimento de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Ano	ss	Nss	sd	Nsd	ds	Nds	dd	Ndd	pop	Npop
1983	10,8	13	9,1	188	9,8	13	7,1	183	9,2	201
1984	9,3	9	13,1	143	8,3	7	7,9	141	12,9	152
1985	8,9	19	9,6	188	7,3	15	8,0	187	8,7	207
1986	14,0	4	8,6	148	8,4	3	7,8	146	8,3	152
1987	9,7	15	9,1	171	10,1	11	7,9	170	8,6	187
1988	7,2	10	9,1	176	7,9	10	8,1	176	8,6	186
1989	6,2	13	8,1	222	8,4	13	9,0	221	8,5	235
1990	7,7	12	8,5	202	8,3	12	8,8	200	8,5	216
1991	12,7	12	8,6	210	10,5	10	8,4	222	8,6	234
1992	11,6	15	10,0	195	8,7	15	7,6	192	9,0	210
1993	7,9	10	8,2	209	7,4	9	7,6	209	7,8	227
1994	6,8	11	9,1	198	6,8	11	7,3	197	8,2	209
1995	7,0	17	8,5	234	6,2	14	7,6	234	8,0	251
1996	6,8	19	8,8	221	6,6	18	7,4	210	8,0	240
1997	8,0	10	7,2	205	7,7	10	7,6	205	7,4	215
1998	7,4	14	6,6	283	6,6	14	7,0	284	6,9	299
1999	5,5	12	5,6	238	6,5	12	6,8	243	6,2	255
2000	7,5	13	7,6	207	6,9	12	7,3	208	7,5	221
2001	9,3	14	7,9	215	8,1	15	7,1	215	7,6	230
2002	5,2	13	7,0	191	4,2	12	6,6	191	6,7	204
2003	7,8	11	8,7	210	6,2	11	8,0	210	8,3	221
2004	13,2	10	8,5	219	8,1	10	7,2	220	7,9	230
2005	9,7	1	14,2	22	7,2	1	7,1	22	10,5	23
Média	9,1	-	8,7	-	7,7	-	7,6	-	8,3	-

ss= pai para filho, Nss= número de machos para ss, sd= pai para filha, Nsd=número de fêmeas para sd, ds= mãe para filho, Nds= número de machos para ds, dd= mãe para filha e Ndd= número de fêmeas para dd, pop= intervalo médio de geração para toda a população e Npop=número de progênie selecionadas.

Verifica-se que o intervalo de geração médio de pai-progênie foi maior, em relação às demais passagens gaméticas citadas. Isso pode ser explicado pela

elevada idade dos touros quando divulgado o resultado de sua primeira prova ou ainda pela contínua utilização de determinados reprodutores, sem rápida substituição por seus descendentes.

Esses resultados diferem de trabalhos descritos na literatura em que as passagens de touro para progênie são menores do que as de matrizes para progênie (HERRON; PATTIE, 1977; TOLL; BARKER, 1979; VASSALO et al., 1986; RAZOOK et al., 1993). Razook et al. (1993) descreveram intervalos médios de touros para progênie de 3,66 e 3,74 anos para Nelore e Guzerá, respectivamente. No entanto, vale ressaltar que esses resultados foram obtidos nos rebanhos de seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho - SP, onde os machos iniciam a vida reprodutiva com dois anos de idade e permanecem em serviço por duas estações de monta.

Resultados semelhantes ao presente estudo foram encontrados por Faria et al. (2002) ao avaliar o intervalo de gerações de 35 reprodutores com mais de 1.000 filhos, possivelmente utilizados em inseminação artificial. Os intervalos nas passagens pai-filho e pai-filha neste estudo foram de 9,01 e 8,7 anos, respectivamente.

5.2 Análise do pedigree

Na tabela 10 encontra-se o número de animais nascidos por ano e os valores médios correspondentes à integralidade do pedigree (I). A integralidade do pedigree corresponde ao percentual médio de pedigree completo para cada geração por ano e os valores variam de 0 a 1. Se todos os ancestrais de um indivíduo em uma geração específica são conhecidos, então $I = 1$. Se um dos pais (pai ou mãe) é desconhecido, então $I = 0$.

A estimativa deste parâmetro é de grande importância uma vez que o coeficiente de endogamia de um indivíduo depende do conhecimento de sua ascendência. Sendo assim, quanto mais se conhece a ascendência de um indivíduo, mais confiável será o seu coeficiente de endogamia estimado em relação à base populacional definida.

Tabela 10 - Média da integralidade do pedigree (%) até a sexta geração por ano, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Ano	Nº animais	1 ger	2 ger	3 ger	4 ger	5 ger	6 ger
1983	1054	95,3	90,5	72,4	54,9	44,0	36,7
1984	1595	88,0	86,0	67,0	51,0	40,9	34,1
1985	1429	88,9	87,8	73,4	56,5	45,4	37,8
1986	1278	97,1	94,1	79,0	61,6	49,5	41,3
1987	1836	95,9	91,2	80,7	63,5	51,2	42,7
1988	1504	96,9	94,2	85,3	68,4	55,3	46,1
1989	1415	95,9	93,3	86,8	70,7	57,5	47,9
1990	1391	96,9	93,2	87,6	72,3	58,6	48,9
1991	1434	96,2	93,2	87,4	73,0	59,8	49,9
1992	1136	95,8	94,5	90,0	77,3	63,7	53,3
1993	1147	93,7	91,6	88,0	77,9	64,8	54,3
1994	1053	99,1	98,4	95,6	85,7	71,6	60,1
1995	1256	98,7	98,6	96,4	88,4	74,7	62,8
1996	1331	97,8	97,4	94,2	86,4	73,4	61,9
1997	1193	99,8	99,6	98,6	93,5	81,2	68,9
1998	1514	99,5	99,2	98,7	94,2	83,2	70,9
1999	1341	99,3	98,9	98,1	94,5	84,6	72,6
2000	1288	99,8	99,5	98,4	94,8	85,4	73,7
2001	1367	99,2	99,0	98,7	95,3	87,7	76,6
2002	883	93,3	93,2	93,1	90,9	85,2	75,5
2003	1156	98,7	98,6	97,4	94,9	88,7	78,6
2004	1298	99,5	98,8	97,3	94,4	88,5	79,2
2005	1083	99,8	99,8	97,5	94,0	88,4	79,8
2006	1237	98,6	98,6	98,0	96,4	92,6	84,9
2007	1091	99,5	97,9	96,6	94,7	90,9	83,8

Para os animais nascidos nos últimos dez anos, os percentuais médios de pedigree completo de acordo com o número de gerações conhecidas, são: 1 geração = 98,8%, 2 gerações = 98,4%, 3 gerações = 97,4%, 4 gerações = 88%, 5 gerações = 88%, 6 gerações = 78,2%. Esses dados indicam que o controle de informações genealógicas do rebanho Nelore Lemgruber é de alta qualidade, com muitas gerações controladas.

Na figura 2, observa-se a distribuição gráfica da I até a sexta geração.

Figura 2 - Integralidade do pedigree (%) até a sexta geração

Dos 39.290 animais que consta no pedigree, 24291 (61,82%) apresentaram algum nível de endogamia. Quanto à distribuição temporal da endogamia média na população (Figura 3) verificou-se que durante os primeiros anos, não foram observados valores acima de zero. Provavelmente isso aconteceu por se tratar de um período correspondente à formação do rebanho onde os animais fundadores eram pouco aparentados ou sua genealogia era desconhecida. Além disso, muitas informações de pedigree referente aos animais deste período podem ter sido perdidas, impossibilitando assim o estabelecimento do parentesco entre

eles. Nesse caso, sua recuperação e incorporação ao banco de dados trariam grande contribuição ao estudo dessa população.

Figura 3 - Endogamia média por ano de nascimento

Com o decorrer dos anos, verificou-se que, assim como a porcentagem de integralidade do pedigree houve um aumento consistente no valor de F médio. Isso pode ser justificado pelo simples fato que quando se conhece mais gerações completas de um indivíduo a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree aumenta.

Observa-se, na Tabela 11, que o coeficiente de endogamia médio, o coeficiente de relacionamento médio e a porcentagem de indivíduos endogâmicos aumentaram consistentemente com o transcorrer das gerações. Resultados semelhantes foram encontrados por Reis Filho (2006) ao realizar um estudo sobre a estrutura populacional com animais da raça Gir com exceção do coeficiente de relacionamento em que no rebanho em questão neste estudo apresentou valores mais elevados ao longo das gerações.

Tabela 11 - Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (%End), coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos (F_{end}), coeficiente de relação médio (CR) e tamanho efetivo da população (N_e), por geração completa de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Ger	N	F(%)	%End	F_{end} (%)	CR(%)	N_e
0	4599	0,000	0,000	0,000	0,833	--
1	3509	0,135	3,078	4,375	2,937	371,3
2	9475	2,158	40,760	5,294	6,487	24,6
3	12456	3,860	89,539	4,311	7,685	28,7
4	7768	5,310	98,932	5,367	8,176	33,1
5	1457	5,749	100,000	5,749	8,172	107,8
6	26	5,466	100,000	5,466	7,948	--

O coeficiente de relação médio (CR) é definido como a probabilidade de um alelo qualquer tomado ao acaso na população pertencer a dado indivíduo podendo ser utilizado como alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia para prever a endogamia de uma população ao longo prazo, uma vez que leva em consideração a porcentagem do pedigree completo originado de um fundador (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

De acordo com Queiroz et al. (2000), o aumento do F ao longo das gerações, como o observado neste estudo, pode ser explicado pela própria estrutura do rebanho em que os animais fundadores são pouco aparentados ou de genealogia desconhecida. Com o passar do tempo, mediante a ocorrência de acasalamentos dentro do rebanho, aumenta o grau de parentesco entre os indivíduos, o que leva ao aumento da endogamia.

Figura 4 - Comparação entre o coeficiente médio de endogamia e o número de animais endogâmicos por ano

Na tabela 12 verifica-se a distribuição dos animais por classe de endogamia e ano de nascimento. Oito classes de endogamia foram criadas com intervalo de 5% cada onde, classe 1=0-5%, 2=6-10%, 3=11-15%, 4=16-20%, 5=21-25%, 6=26-30%, 7=31-35% e 8=35-40%

O valor do F médio para toda a população, para os animais endogâmicos e o F máximo encontrado foram 3,02%, 4,89% e 37,5% respectivamente. Esses valores podem ser considerados bastante preocupantes, indicando a necessidade de se controlar os acasalamentos que darão origem às próximas gerações.

O valor do F médio dos touros foi de 1,81% e de 1,57% para as matrizes e a taxa de porcentagem de acasalamento entre irmãos completos e entre pais e filhos na população em questão foi de 1,47% e 0,42%, respectivamente. O maior valor de F para os touros quando comparado com F das matrizes pode ser explicado pela maior ocorrência da pressão de seleção, em que a utilização de touros com valores genéticos mais elevados para as características economicamente importantes tende a aumentar os laços genéticos entre os reprodutores.

Tabela 12 - Distribuição dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber por classe de endogamia e ano de nascimento

Ano	Classes							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1983	961	39	35	7	11	1	-	-
1984	1387	73	22	7	103	2	1	-
1985	1331	65	23	3	6	1	-	-
1986	1144	78	43	4	9	-	-	-
1987	1591	155	69	7	13	1	-	-
1988	1141	286	50	10	11	6	-	-
1989	1181	209	23	1	1	-	-	-
1990	1075	264	40	12	-	-	-	-
1991	1219	185	26	3	1	-	-	-
1992	928	170	31	6	-	1	-	-
1993	817	268	47	12	-	3	-	-
1994	795	185	45	22	4	2	-	-
1995	870	297	56	20	9	3	-	1
1996	893	311	92	31	2	2	-	-
1997	737	354	73	29	-	-	-	-
1998	962	461	70	20	-	1	-	-
1999	897	363	69	10	1	1	-	-
2000	777	410	78	21	1	1	-	-
2001	800	433	82	40	3	8	1	-
2002	593	232	45	11	1	1	-	-
2003	627	421	90	16	1	-	1	-
2004	797	434	53	9	-	5	-	-
2005	584	418	68	8	2	3	-	-
2006	728	451	39	19	-	-	-	-
2007	586	445	43	16	-	1	-	-

1=0-5%, 2=6-10%, 3=11-15%, 4=16-20%, 5=21-25%, 6=26-30%, 7=31-35%, 8=35-40%

Observa-se na Tabela 13 o número total de animais, touros e matrizes assim como o número de indivíduos endogâmicos (End) e seus respectivos coeficientes médios de endogamia.

Tabela 13 - Número total (Total), dos indivíduos endogâmicos (End) e endogamia média dos indivíduos endogâmicos (F médio)

Ano	Animais			Touros			Matrizes		
	Total	End	F médio	Total	End	F médio	Total	End	F médio
1983	1054	305	0,0154	25	8	0,0443	1034	46	0,0029
1984	1595	482	0,0263	24	7	0,0280	1583	83	0,0031
1985	1429	400	0,0111	26	5	0,0150	1361	107	0,0047
1986	1278	447	0,0164	37	11	0,0228	1254	118	0,0052
1987	1836	773	0,0189	50	14	0,0139	1748	179	0,0051
1988	1504	915	0,0290	50	17	0,0140	1488	203	0,0071
1989	1415	878	0,0216	44	18	0,0161	1384	208	0,0071
1990	1391	873	0,0283	44	18	0,0140	1371	273	0,0097
1991	1434	877	0,0208	63	25	0,0141	1378	341	0,0108
1992	1136	781	0,0255	56	24	0,0161	1114	394	0,0148
1993	1147	881	0,0346	50	20	0,0133	1121	439	0,0168
1994	1053	898	0,0357	53	27	0,0151	1026	463	0,0158
1995	1256	1125	0,0414	65	36	0,0187	1156	580	0,0187
1996	1331	1203	0,0435	61	39	0,0246	1216	675	0,0203
1997	1193	1144	0,0484	62	40	0,0264	1089	640	0,0209
1998	1514	1462	0,0453	69	45	0,0263	1393	928	0,0241
1999	1341	1312	0,0443	69	51	0,0282	1269	907	0,0270
2000	1288	1258	0,0502	75	57	0,0303	1217	891	0,0276
2001	1367	1341	0,0534	79	63	0,0343	1309	1046	0,0314
2002	883	820	0,0464	57	46	0,0349	854	736	0,0350
2003	1156	1134	0,0532	62	51	0,0357	1084	952	0,0359
2004	1298	1243	0,0478	75	60	0,0355	1185	1059	0,0381
2005	1083	1071	0,0533	84	66	0,0343	1055	967	0,0382
2006	1237	1216	0,0499	82	70	0,0354	1214	1135	0,0415
2007	1091	1029	0,0516	90	80	0,0386	1074	1015	0,0404

Nas tabelas 14 e 15 observa-se a descrição estatística por ano do coeficiente de endogamia para todos os animais e para os animais endogâmicos, respectivamente.

Tabela 14 – Estatística descritiva para o coeficiente de endogamia (F) considerando todos os animais por ano

Ano	Nº Animais	<i>F</i>			
		Min	Max	Média	DP
1983	1054	0	0,2813	0,0154	0,0392
1984	1595	0	0,3125	0,0263	0,0647
1985	1429	0	0,2656	0,0111	0,0290
1986	1278	0	0,2500	0,0164	0,0360
1987	1836	0	0,2656	0,0189	0,0372
1988	1504	0	0,2881	0,0290	0,0418
1989	1415	0	0,2051	0,0216	0,0291
1990	1391	0	0,1973	0,0283	0,0342
1991	1434	0	0,2500	0,0208	0,0290
1992	1136	0	0,2852	0,0255	0,0325
1993	1147	0	0,2969	0,0346	0,0373
1994	1053	0	0,2578	0,0357	0,0394
1995	1256	0	0,3750	0,0414	0,0414
1996	1331	0	0,2539	0,0435	0,0400
1997	1193	0	0,1992	0,0484	0,0373
1998	1514	0	0,2676	0,0453	0,0332
1999	1341	0	0,2793	0,0443	0,0317
2000	1288	0	0,2598	0,0502	0,0338
2001	1367	0	0,3125	0,0534	0,0414
2002	883	0	0,2705	0,0464	0,0337
2003	1156	0	0,3335	0,0532	0,0336
2004	1298	0	0,2834	0,0478	0,0315
2005	1083	0	0,2859	0,0533	0,0326
2006	1237	0	0,1949	0,0499	0,0273
2007	1091	0	0,2816	0,0516	0,0296

Tabela 15 - Estatísticas descritivas para o coeficiente de endogamia (Fend) considerando apenas os animais endogâmicos por ano

Ano	Nº Animais	<i>Fend</i>			
		Min	Max	Média	DP
1983	305	0,0005	0,2813	0,0531	0,0575
1984	482	0,0005	0,3125	0,0869	0,0926
1985	400	0,0001	0,2656	0,0398	0,0432
1986	447	0,0020	0,2500	0,0468	0,0477
1987	773	0,0001	0,2656	0,0450	0,0459
1988	915	0,0001	0,2881	0,0476	0,0446
1989	878	0,0005	0,2051	0,0349	0,0301
1990	873	0,0002	0,1973	0,0450	0,0334
1991	877	0,0001	0,2500	0,0340	0,0304
1992	781	0,0001	0,2852	0,0371	0,0333
1993	881	0,0004	0,2969	0,0451	0,0366
1994	898	0,0001	0,2578	0,0418	0,0395
1995	1125	0,0002	0,3750	0,0463	0,0411
1996	1203	0,0002	0,2539	0,0482	0,0394
1997	1144	0,0001	0,1992	0,0505	0,0367
1998	1462	0,0001	0,2676	0,0469	0,0326
1999	1312	0,0002	0,2793	0,0453	0,0314
2000	1258	0,0010	0,2598	0,0514	0,0333
2001	1341	0,0020	0,3125	0,0544	0,0411
2002	820	0,0010	0,2705	0,0499	0,0323
2003	1134	0,0039	0,3335	0,0543	0,0330
2004	1243	0,0015	0,2834	0,0499	0,0305
2005	1071	0,0004	0,2859	0,0539	0,0323
2006	1216	0,0020	0,1949	0,0508	0,0268
2007	1029	0,0010	0,2816	0,0548	0,0275

A tabela 16 apresenta o tamanho efetivo populacional calculado com base no número de touros e matrizes conhecidas por ano e a tabela 17 apresenta o tamanho efetivo populacional calculado com base na taxa de endogamia (ΔF).

Tabela 16 - Tamanho efetivo populacional calculado com base no número de touros e matrizes da raça Nelore, linhagem Lemgruber, nascidos em um determinado ano

Ano	Número de				N _e
	Progênie	Touros	Matrizes	Pais	
1983	1054	25	1034	1059	98
1984	1595	24	1583	1607	95
1985	1429	26	1361	1387	102
1986	1278	37	1254	1291	144
1987	1836	50	1748	1798	194
1988	1504	50	1488	1538	193
1989	1415	44	1384	1428	171
1990	1391	44	1371	1415	171
1991	1434	63	1378	1441	241
1992	1136	56	1114	1170	213
1993	1147	50	1121	1171	191
1994	1053	53	1026	1079	202
1995	1256	65	1156	1221	246
1996	1331	61	1216	1277	232
1997	1193	62	1089	1151	235
1998	1514	69	1393	1462	263
1999	1341	69	1269	1338	262
2000	1288	75	1217	1292	283
2001	1367	79	1309	1388	298
2002	883	57	854	911	214
2003	1156	62	1084	1146	235
2004	1298	75	1185	1260	282
2005	1083	84	1055	1139	311
2006	1237	82	1214	1296	307
2007	1091	90	1074	1164	332

Tabela 17 - Tamanho efetivo populacional calculado com base na taxa de endogamia por ano de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Ano	F médio					N _e
	Progênie	Touro	Matriz	Pais	ΔF	
1983	0,0154	0,0443	0,0029	0,0038	0,0116	43
1984	0,0263	0,0280	0,0031	0,0035	0,0229	22
1985	0,0111	0,0150	0,0047	0,0049	0,0062	81
1986	0,0164	0,0228	0,0052	0,0057	0,0108	46
1987	0,0189	0,0139	0,0051	0,0054	0,0136	37
1988	0,0290	0,0140	0,0071	0,0073	0,0219	23
1989	0,0216	0,0161	0,0071	0,0074	0,0143	35
1990	0,0283	0,0140	0,0097	0,0098	0,0187	27
1991	0,0208	0,0141	0,0108	0,0109	0,0100	50
1992	0,0255	0,0161	0,0148	0,0148	0,0109	46
1993	0,0346	0,0133	0,0168	0,0166	0,0183	27
1994	0,0357	0,0151	0,0158	0,0157	0,0203	25
1995	0,0414	0,0187	0,0187	0,0187	0,0231	22
1996	0,0435	0,0246	0,0203	0,0205	0,0235	21
1997	0,0484	0,0264	0,0209	0,0212	0,0278	18
1998	0,0453	0,0263	0,0241	0,0242	0,0216	23
1999	0,0443	0,0282	0,0270	0,0271	0,0177	28
2000	0,0502	0,0303	0,0276	0,0278	0,0230	22
2001	0,0534	0,0343	0,0314	0,0316	0,0225	22
2002	0,0464	0,0349	0,0350	0,0350	0,0118	42
2003	0,0532	0,0357	0,0359	0,0359	0,0179	28
2004	0,0478	0,0355	0,0381	0,0380	0,0102	49
2005	0,0533	0,0343	0,0382	0,0379	0,0160	31
2006	0,0499	0,0354	0,0415	0,0411	0,0092	54
2007	0,0516	0,0386	0,0404	0,0403	0,0118	42

A oscilação observada no tamanho efetivo da população (N_e) na tabela 16 deve-se ao desbalanceamento existente entre o número de touros e matrizes, pois quanto maior a diferença entre o número de touros e matrizes em um determinado ano menor será o N_e. A oscilação observada no N_e na tabela 17 deve-se a variação na taxa de incremento da endogamia ao longo dos anos. Observa-se que quanto maior o incremento de endogamia menor é o N_e.

A tabela 18 apresenta os resultados do coeficiente do relacionamento genético aditivo médio (r_{ga}), da endogamia (F), da taxa de RGA (Δf) e da taxa de endogamia (ΔF) média da progênie de todos os acasalamentos possíveis entre os indivíduos. Faz-se necessário calcular o ΔF das progênies de todos os acasalamentos possíveis para que se possa computar o r_{ga} dos indivíduos da população.

Tabela 18 - Relacionamento genético aditivo (r_{ga}) médio, taxa de relacionamento genético aditivo (Δf), coeficiente de endogamia (F) e taxa de endogamia (ΔF)

Ano	r_{ga}			F		Intervalo Geração
	Nº Animais	Média	Δf	Média	ΔF	
1983	1054	0,0327	0,0269	0,0154	0,0146	8
1984	1595	0,0476	0,0448	0,0263	0,0243	11
1985	1429	0,0389	0,0324	0,0111	0,0098	9
1986	1278	0,0394	0,0127	0,0164	0,011	8
1987	1836	0,0324	0,0054	0,0189	0,0135	9
1988	1504	0,0417	0,0131	0,029	0,0221	9
1989	1415	0,0393	0,0007	0,0216	0,0121	9
1990	1391	0,0433	-0,0040	0,0283	0,0016	9
1991	1434	0,0366	-0,0072	0,0208	0,0093	9
1992	1136	0,0397	0,0072	0,0255	0,0103	9
1993	1147	0,0458	0,0072	0,0346	0,0238	8
1994	1053	0,0550	0,0162	0,0357	0,0196	8
1995	1256	0,0500	0,0182	0,0414	0,0229	8
1996	1331	0,0514	0,0101	0,0435	0,0149	8
1997	1193	0,0586	0,0159	0,0484	0,0207	7
1998	1514	0,0503	0,0143	0,0453	0,0250	7
1999	1341	0,0506	0,0051	0,0443	0,0100	6
2000	1288	0,0555	0,0164	0,0502	0,0253	8
2001	1367	0,0607	0,0157	0,0534	0,0195	8
2002	883	0,0528	0,0029	0,0464	0,0052	7
2003	1156	0,0603	0,0108	0,0532	0,0123	8
2004	1298	0,0554	0,0043	0,0478	0,0045	8
2005	1083	0,0587	0,0039	0,0533	0,0183	11
2006	1237	0,0549	0,0048	0,0499	0,0048	8
2007	1091	0,0557	0,0054	0,0516	0,0076	8
2008	101	0,0485	-0,0074	0,0443	-0,0062	8

Na figura 5 observa-se a relação existente entre o r_{ga} e o F . Ambos os parâmetros se comportam semelhantemente ao longo dos anos. O mesmo ocorre com a ΔF quando considerado todos os acasalamentos possíveis e o Δf (Figura 6).

Figura 5 - Comparação entre o relacionamento genético aditivo (r_{ga}) médio e coeficiente de endogamia (F) por ano de nascimento

Figura 6 - Comparação entre a taxa de endogamia e o incremento no relacionamento genético aditivo por ano de nascimento

O coeficiente médio do relacionamento genético aditivo e da endogamia entre 1983 e 2008 foram 0,0483 e 0.0367 respectivamente com aumento de 48,5% para r_{ga} e de 188% para o F entre o primeiro e o último ano. No entanto, a taxa de incremento para ambos parâmetros ao longo dos anos não seguiu a mesma tendência (Figura 6). A Δf e ΔF por geração para todos os animais do rebanho foram 0.0106 e 0.0137 respectivamente e decréscimo médio de -0,00103 para r_{ga} e de -0.000596 para F por ano. O N_e baseado no Δf e ΔF foram 38 e 40, respectivamente. Como citado anteriormente, a discrepância entre esses dois N_e indicam o desvio na aleatoriedade dos acasalamentos.

5.3 Parâmetros genéticos

As estimativas dos componentes de variância genética aditiva direta, variância fenotípica e residual (ambiente temporário) para peso ao nascer (PN), peso aos 120 dias de idade (P120), peso à desmama (PD), peso ao ano (PES12), ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias (GP345), ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias (GP224), perímetro escrotal (PE), temperamento (TEMP), e repelência (REP) para bovinos da raça Nelore linhagem Lemgruber estão sumariados na Tabela 19.

Tabelas 19 - Estimativas de componentes de variância por meio de análises multi-características para PN, P120, PD, PES12, GP345, GP224, PE, TEMP e REP de animais da raça Nelore linhagem Lemgruber

Característica	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
PN	2,99	12,17	7,91
P120	94,59	303,495	175,45
PD	166,07	539,91	314,28
PES12	184,10	869,03	592,22

Continua...

...Conclusão

Característica	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
GP345	186,65	964,99	777,33
GP224	254,91	851,03	596,12
PE	2,93	7,17	4,24
TEMP	0,11	0,55	0,45
REP	0,09	0,55	0,46

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância genética aditiva, $\hat{\sigma}_p^2$ = variância fenotípica, $\hat{\sigma}_e^2$ = variância residual

As estimativas de herdabilidade e das correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente são apresentadas na tabela 20.

TABELA 20. Estimativas¹ de herdabilidade (h^2)², e correlações genéticas³ e fenotípicas⁴ entre as características PN, P120, PD, PES12, GP345, GP224, PE, TEMP e REP de animais da raça Nelore linhagem Lemgruber

Características	Características								
	PN	P120	PD	PES12	GP345	GP224	PE	TEMP	REP
PN	0,24 (0,019)	0,65 (0,051)	0,62 (0,053)	0,62 (0,047)	0,16 (0,026)	0,21 (0,024)	0,18 (0,027)	0,04 (0,041)	-0,04 (0,028)
P120	0,35	0,31 (0,019)	0,97 (0,008)	0,86 (0,016)	0,12 (0,044)	0,24 (0,042)	0,31 (0,030)	0,11 (0,037)	-0,15 (0,055)
PD	0,32	0,85	0,31 (0,017)	0,92 (0,011)	0,21 (0,037)	0,33 (0,033)	0,34 (0,020)	0,20 (0,035)	-0,27 (0,044)
PES12	0,25	0,68	0,68	0,21 (0,012)	0,40 (0,045)	0,38 (0,041)	0,31 (0,026)	0,21 (0,046)	-0,30 (0,044)
GP345	0,11	0,10	0,10	0,55	0,19 (0,010)	0,94 (0,012)	0,44 (0,023)	0,20 (0,023)	0,01 (0,032)
GP224	0,17	0,20	0,28	0,41	0,83	0,30 (0,014)	0,45 (0,017)	0,16 (0,023)	0,04 (0,037)
PE	0,12	0,38	0,43	0,62	0,47	0,49	0,41 (0,011)	0,06 (0,019)	-0,05 (0,027)
TEMP	0,06	0,07	0,10	0,09	0,14	0,12	0,11	0,19 (0,016)	-0,37 (0,071)
REP	-0,04	-0,13	-0,15	-0,18	-0,11	-0,05	-0,05	-0,09	0,17 (0,025)

1= erro padrão entre parênteses 2= diagonal em negrito, 3= acima da diagonal, 4= abaixo da diagonal, PN= peso ao nascimento, P120= peso aos 120 dias de idade, PD= peso à desmama, PES12= peso aos 12 meses de idade, GP345= ganho de peso pós desmama, de 205 aos 550 dias, GP224= ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias, PE= perímetro escrotal, TEMP= temperamento, REP= repelência

A estimativa de h^2 observada de 0,24 para o PN neste trabalho, é inferior às relatadas por MACHADO et al. (1999) de 0,48, LOPES et al. (2005), de 0,56 e por

REZENDE et al. (2005) de 0,29 para a raça Nelore. No entanto, tanto o PN como as outras características de crescimento analisadas apresentaram variabilidades genéticas aditivas suficientes para que a resposta à seleção com base no fenótipo seja positiva.

As correlações genéticas entre P120 e PD e entre PD e PES12 são consideradas altas (0,97 e 0,92). Essas estimativas sugerem que ao selecionar qualquer uma dessas características, automaticamente deverá haver resposta correlacionada, favorável, nas demais. Com isso, pode-se afirmar que a seleção poderá ser feita em idades mais jovens desde que, seja levado em consideração o efeito materno, principalmente em características ponderais mensuradas antes da desmama. As estimativas do efeito aleatório materno para as características PN, P120 e PD neste estudo foram 0,05, 0,07 e 0,07, respectivamente.

Os coeficientes de herdabilidade obtidos para as características GP345 e GP224 (0,19 e 0,30) sugerem que é possível obter resposta à seleção dessas características. As correlações genéticas e fenotípicas observadas entre essas duas características são consideradas elevadas (0,94 e 0,83), indicando que a seleção para o progresso de uma delas implicará em respostas positivas correlacionadas na outra.

Quanto à característica TEMP, a herdabilidade estimada neste estudo é bastante semelhante à encontrada por Figueiredo et al. (2005) na raça Nelore (0,17), porém muito abaixo de 0,46 que foi a encontrada por Hearnshaw e Morris (1984).

Diversos estudos apontam correlação genética favorável entre temperamento e ganho de peso pós-desmama, em que animais mais dóceis tendem a apresentar maiores taxas de ganho de peso (FORDYCE et al., 1985; BURROW e DILLON, 1991; BORBA et al., 1997). Correlação genética igual a -0,47 entre escore de

temperamento e ganho de peso, foi observada por Silveira et al. (2006) em uma escala na qual os valores mais altos de escore para TEMP, representavam animais mais agressivos.

No presente estudo, escores mais altos de TEMP indicam animais mais dóceis e as correlações genéticas encontradas entre essa característica e PN, P120, PD, PES12, GP345 e GP244 foram 0,04, 0,11, 0,20, 0,21, 0,20, 0,16 respectivamente. Nota-se que apesar da magnitude das correlações entre essas características serem consideradas baixas, o sentido positivo das correlações indicam incremento nas características de desempenho de acordo com o temperamento do animal sugerindo que animais mais dóceis podem apresentar melhores resultados. Figueiredo et al. (2005) relataram estimativa de correlação genética entre escore de temperamento e PD, PES12 e GP345 de 0,36, 0,44 e 0,20 respectivamente, em que os escores mais altos representavam animais mais dóceis.

As estimativas de herdabilidade para TEMP (0,19) e REP (0,17) observadas neste estudo refletem a importância do efeito do ambiente sobre essas características e diferem das estimadas por Burrow (2001) que encontrou valores de 0,40 e 0,42 respectivamente utilizando modelo animal, e de 0,44 para ambas as características quando utilizou modelo animal incluindo efeito materno.

Entre TEMP e REP, observou-se uma correlação genética negativa considerável, igual a -0,37. Considerando que neste estudo, o escore de REP varia de 1 (maior infestação de ectoparasitas) à 5 (animais mais repelentes), e o escore de TEMP varia de 1 (animais mais reativos ou agressivos) a 5 (animais mais dóceis) pode-se concluir que quanto maior for o escore de temperamento menor será o escore de repelência, ou seja, animais reativos ou agressivos apresentam maior repelência aos ectoparasitas.

Correlações genéticas (-0,15, -0,27, -0,30) e fenotípicas (-0,13, -0,15, -0,18) entre REP e os pesos P120, PD e P12 encontradas neste estudo indicam que animais com pesos mais elevados nessas idades apresentaram maior infestação por ectoparasitas. No entanto, a correlação genética entre essas características é de média a baixa magnitude, o que permite que sejam encontrados animais com valores genéticos interessantes para essas características.

Os animais de um rebanho sob as mesmas condições de manejo estão sujeitos às mesmas infestações por ectoparasitas. No entanto, como já citado, verificou-se que, em média, animais mais reativos apresentaram maior repelência aos ectoparasitas e menores pesos nas diferentes idades. Desconsiderando o efeito aditivo direto para ganho de peso dos animais, a associação entre essas características pode ser explicada pelo fato de que animais mais reativos dispendem mais tempo e energia para se manterem com menores níveis de infestações o que os torna menos infestados, porém ganham menos peso. Essa suposição, apesar da necessidade de maiores estudos para sua comprovação, não deve ser descartada.

Quanto ao PE, a estimativa de herdabilidade encontrada (0,41) sugere que essa característica apresenta variabilidade genética aditiva suficiente para responder de modo favorável à seleção. Além disso, podem-se observar correlações genéticas e fenotípicas bastante favoráveis entre PE e as características P120, PD, PES12, GP345 e GP244. Já as correlações genéticas e fenotípicas entre PE e TEMP (0,06) e entre PE e REP (-0,05) são consideradas baixas. Segundo Faria (2006) as estimativas de herdabilidade para PE em várias idades variam de 0,31 à 0,77. BERGMANN et al. (1996) ao relatarem vários resultados da literatura, mostraram que o PE apresenta estimativa de herdabilidade alta (em média 0,50) para animais criados em países de clima temperado.

5.4 *Tendência genética*

Segundo Euclides Filho et al. (2000) para se avaliar as tendências genéticas de uma população é preciso considerar o trajeto histórico, especialmente com respeito aos programas de seleção adotados. Sendo assim, é necessário frisar que todo o rebanho da raça Nelore linhagem Lemgruber, adquirido pelos proprietários da Fazenda Mundo Novo em 2001, foi deslocado da cidade de Brotas/SP para a cidade de Uberaba/MG passando por um drástico processo de adaptação. Os reflexos deste período de transição podem ser visualizados através dos gráficos nas figuras seguintes, entre os anos de 2000 à 2002, que ilustram as tendências genéticas e fenotípicas de todas as características.

As tendências genéticas e fenotípicas de todas as características em estudo se encontram na tabela 21.

Tabela 21 - Tendências genéticas e fenotípicas de características ponderais e de adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber no período de 1996 à 2007.

Característica	Tendência genética	Tendência fenotípica
PN (kg)	+0,07	+0,06
P120 (kg)	+0,51	-0,64
PD (kg)	+0,82	+0,89
P12 (kg)	+1,11	-1,30
GP345 (kg)	+1,21	+0,45
GP244 (kg)	+1,45	+1,49
PE (cm)	+0,10	+0,28
TEMP (un)	+0,02	-0,04
REP (un)	-0,003	-0,09

As figuras seguintes descrevem as tendências genéticas e fenotípicas para as características PN, P120, PD, PES12, GP345, GP224, PE, TEMP e REP em unidade de cada características (Figuras 7 a 24). Todos os animais nascidos até 1996 foram agrupados, pois correspondem à base genética atual, com exceção para a característica REP em que a base genética se refere a todos os animais que nasceram até o ano de 2001. Como a mensuração dessa característica teve início somente a partir do ano de 2002, os valores genéticos para os animais que nasceram antes deste ano, foram estimados através de informações de parentes presentes na matriz de parentesco.

Figura 7 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso ao nascimento no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 8 - Tendência fenotípica para peso ao nascimento no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 9 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso aos 120 dias de idade no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 10 - Tendência fenotípica para peso aos 120 dias de idade no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 11 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso à desmama no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 12 - Tendência fenotípica para peso à desmama no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 13 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para peso aos 12 meses no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 14 - Tendência fenotípica para peso aos 12 meses no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 15 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para ganho de peso da desmama ao sobreano no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 16 - Tendência fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 17 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para ganho de peso na prova à pasto da ABCZ, em 224 dias no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 18 - Tendência fenotípica para o ganho de peso na prova a pasto da ABCZ, em 224 dias no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 19 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para perímetro escrotal no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 20 - Tendência fenotípica para perímetro escrotal no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 21 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para temperamento no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 22 - Tendência fenotípica para temperamento no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 23 - Tendência genética dos efeitos genéticos direto para repelência no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Figura 24 - Tendência fenotípica para repelência no período de 1996 a 2007, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber

Com exceção do observado na característica REP, as estimativas das mudanças genéticas ao longo dos anos de seleção foram positivas, ou seja, houve um incremento genético na população representado pelo aumento dos valores genéticos dos animais em função do ano de seu nascimento.

Apesar do aumento observado para PN ser considerado pequeno, esse ganho genético deve ser monitorado nos programas de melhoramento e considerado durante o estabelecimento das estratégias de seleção dos touros, de modo a evitar um aumento significativo dessa característica com conseqüentes problemas de dificuldade de parto.

O baixo desempenho fenotípico observado para as características P120, PES12, GP345 e TEMP em comparação com a tendência genética estimada ao longo dos anos demonstraram que há uma deficiência na expressão de todo o potencial genético para essas características. Este fato pode ser explicado por uma baixa intensidade de seleção aplicada ou ainda por fatores ambientais inadequados que não satisfazem as necessidades fisiológicas dos animais.

De todas as características estudadas, a REP foi a única que apresentou tendência genética negativa. Tendo em vista que o objetivo de seleção para essa característica seria um aumento nos valores genéticos dos animais pois, escores mais altos representam animais mais repelentes, faz-se necessário adotar uma estratégia de seleção mais eficiente ou até mesmo introduzir novos animais que venham contribuir para o aumento da variabilidade genética aditiva dessa característica no rebanho. De acordo com Euclides Filho et al. (1997) tendências genéticas próximas de zero e até mesmo negativas não são incomuns na literatura principalmente quando resultam de avaliações realizadas com dados provenientes de rebanhos comerciais, cujos critérios de seleção não são bem definidos.

6 Conclusão

O estudo detalhado da estrutura populacional do rebanho da raça Nelore da Fazenda Mundo Novo, linhagem Lemgruber, aponta o envelhecimento da população de reprodutores e matrizes, com conseqüente intervalo de gerações elevado, fatos que comprometem o ganho genético por ano e que devem merecer atenção dos proprietários.

Além disso, apesar da endogamia média do rebanho não ser considerada alta, verificou-se contínuo incremento de endogamia ao longo dos anos, alta porcentagem de indivíduos endogâmicos e reduzido tamanho efetivo da população. Essas observações exprimem a necessidade de intervenção na seleção dos indivíduos para reprodução, de modo que se possam evitar problemas futuros como a redução no limite de seleção em decorrência das perdas na variabilidade genética causadas pelo aumento da endogamia.

Os parâmetros genéticos estimados para as características em estudo permitem concluir que a variabilidade genética aditiva existente é suficiente para a obtenção do ganho genético em resposta à seleção. No entanto, as tendências genéticas e fenotípicas estimadas demonstram a necessidade de ajustes, tanto nas estratégias de seleção adotadas, para a obtenção de maiores ganhos nos valores genéticos das características, como também nos fatores ambientais que possam possibilitar ao máximo a expressão do potencial genético dos animais.

7 Referências Bibliográficas

A HISTÓRIA do Nelore Lemgruber da Fazenda Mundo Novo (Grupo Manah). **Revista dos Criadores**, São Paulo, n.759, abr., 1993.

AVILA, V.S. de. Análisis de los componentes de la respuesta a la selección en un núcleo con generaciones superpuesta seleccionado mediante BLUP, bajo un modelo animal. **Revista de la Facultad de Agronomía de Buenos Aires**, Buenos Aires, v.16, n.1-2, p.39-48, 1997.

BAGHERWAL, S., KHAN, F.H., SINGH, A. Influence of non-genetic factors on cumulative part yields in Jersey cows. **Indian Veterinary Journal**, Chennai, v.70, n.2, p.126-128, 1993.

BARON, E.E. et al. Parentage testing and effect of misidentification on the estimation of breeding value in Gir cattle. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.25, p.389-394, 2002.

BERGMANN, J.A.G. et al. Estimativas de parâmetros genéticos do perímetro escrotal e do peso corporal em animais da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.48, p.69-78, 1996.

BOICHARD, D. Pedig: A Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2007. Disponível em: <http://www-sgqa.jouy.inra.fr/IMG/pdf/User_s_Guide.pdf>. Acesso em: 11 nov. 2009.

BOICHARD, C.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic and Selection Evolution**, Jouy-en-Josas, v.29, p.5-23, 1997.

BORBA, L.H.F.; PIOVESAN, U.; PARANHOS DA COSTA, M.J.R. Uma abordagem preliminar no estudo de associação entre escores de reatividade e características produtivas de bovinos de corte. **Anais de Etologia**, v.15, p.388, 1997.

BOURDON, R.M.; BRINKS, J.S. Calving date versus calving interval as a reproductive measure in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Savoy, v.57, n.6, p.1412-417, 1983.

BRASIL. Ministério da Agricultura. Secretaria Nacional de Produção Agropecuária. **Projeto de melhoramento genético de zebuínocultura: PROZEBU**. Brasília, 1984-1988. 168p.

BREDA, F.C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, n.6, p.2017-2025, 2004.

BRISBANE, J.R., GIBSON, J.P. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.91, p.421-431, 1995.

BURROW, H.M. Variances and covariances between productive and adaptive traits and temperament in a composite breed of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, v.70, n.3, p.213-233, 2001.

BURROW, H.M.; DILLON, R.D. The relationship between temperament and livewieghts and commercial carcass traits of *Bos Indicus* crossbreeds. Queensland—Austrália, 14p. 1991.

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

CABALLERO A., TORO M.A., Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetic Research**, Cambridge . v.75, p.331–343, 2000.

CARDOSO, E.P. **Publicação eletrônica** [mensagem pessoal]. Mensagem recebida por < primedvet@usp.br > em 26 jun. 2008.

CARDOSO, Fernando Flores, CARDELLINO, Ricardo Alberto and CAMPOS, Leonardo Talavera. Componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para caracteres produtivos à desmama de bezerros Angus criados no Estado do Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.1, p.41-48, jan./fev. 2001.

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

CIPEC Agropecuária. Fazenda Mundo Novo. Disponível em: < <http://www.fazendamundonovo.com/> >. Acesso em: 21 set. 2008.

CYRILLO, J.N.S.G. et al.. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos Nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.30, n.1, p.56-65, 2001.

ELER, J. P., SILVA, J. A., FERRAZ, J. B., DIAS, F., OLIVEIRA, H. N., EVANS, J. L., GOLDEN, B. L. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers, **Journal of Animal Science**, v. 80, n. 4, p. 951-954, 2002.

ELER, J. P., SILVA, J. A., FERRAZ, J. B., DIAS, F., GOLDEN, B. L. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 82, n. 9, p. 2519-2527, 2004.

EUCLIDES FILHO, K. et al. Tendências genéticas na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. v.35, n.4, p.787-791, 2000.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ, p 279, 1987.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman Group Ltd. 1996. 464p.

FARIA, F.J.C. **Estrutura genética de populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002, 117p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais – Escola de Veterinária, 11 de outubro de 2002.

FARIA, F.J.C. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.54, p.501-509, 2002.

FARIA, F.J.C. et al. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Guzará. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001. p.480-481.

FARIA, L.C. **Estudo genético quantitativo de características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Brahman no Brasil**. 2006, 117f. Dissertação

(Mestrado em Genética e Melhoramento animal) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

FERRIANI, L. **Estimativas de herdabilidade das características de carcaça e crescimento e de suas correlações genéticas em animais da raça Nelore**. 2006, 42 f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

FIGUEIREDO, L.G. et al. Análise genética do temperamento em uma população da raça Nelore. **Livestock Research for Rural Development**, Cali, v.17, p.84, 2005.

FORDYCE, G. et al. Temperament and brusing of Bos indicus cross cattle. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Australian. v.25, p.283-288, 1985.

GARNERO, A.V. et al. Influência da incorporação de dados de progênes na classificação de touros da raça nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.31, n.2, p.918-923, 2002.

GODDARD, M.G., SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v.73, p.1113-1122, 1990.

GRESSLER, M.G.M. et al. Aspectos genéticos do peso à desmama e de algumas características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.57, n.4, p.533-538, 2005.

GROENEVELD, E. Strategie und Logistik zur verantwortungsvollen Verwaltung der genetischen Diversität in der Nutztierzüchtun. **Züchtungskunde** 75: 317-323. ISSN 0044-5401, 2003.

GROENEVELD, E. et al. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.8, n.3, p.1158-1178, 2009a.

GROENEVELD, E. et al. Real time report for managing breeding population. In: Annual Meeting of the European Association for Animal Production, 15, 2009. **Book of Abstract of the 60th**... Barcelona, Spain. p.129, 24-27 Aug. 2009b.

GRUNDY, B., HILL, W.G. A method for reducing inbreeding with best linear unbiased prediction. **Animal Production**, v.56, p.427, 1993.

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

HEARNshaw, H.; MORRIS, C.A. Genetic and environmental effects on a temperament score in beef cattle. **Australian Journal of Agricultural Research**, Melbourne, v. 35, p. 723-733, 1984.

HERRON, N.D.; PATTIE, W.A. Studies of the Australian Ilawarra Shorthorn breed of dairy cattle. II. **Australian Journal of Agricultural Research** , v.28, p.1119-1132, 1977.

HITÓRIA da raça Nelore. **Zebu para o mundo**. Disponível em: <http://www.zebuparaomundo.com/zebu/index.php?option=com_content&task=view&id=13&Itemid=26>. Acesso em: 30 jul. 2007.

KIMURA, M.; CROW, J.F. The effective population number. **Evolution**, v.17, n.3, p.279-288, 1963.

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

KOURY FILHO, W. Mitos e realidades sobre consangüinidade ou endogamia – parte 2. **Canal Lagoa**, Sertãozinho, Ano VI, n.14, ago. 2003.

KOVAC, M. & GROENEVELD, E. 2003. VCE-6 **User's Guide and Reference Manual** version 6.0 Department of Animal Sciences, University of Ljubljana, Slovenia.

KOOTS, K.R.; GIBSON, J.P.; SMITH, C. et al. Analyses of published genetic parameters estimates for beef production traits. 1-Heritability. **Animal Breeding Abstract**, v.62, p.309-338, 1994.

KRIESE, L.A.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. Age adjustment factors, heritabilities and genetic correlations for scrotal circumference and related growth traits in Hereford and Brangus bulls. **Journal of Animal Science**, Savoy. v. 69, p. 478-489, 1991.

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

LEDIC, I.L., ROSA, A.N., NOBRE, P.R.C. et al. 1985. Estimativa de controle de desenvolvimento ponderal-raça Tabapuã. Campo Grande: **EMBRAPA-CNPGC**. 48p. (Documentos, 29).

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

LÔBO, R.B.; MADALENA, F.E.; VIEIRA, A.R. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. **Animal Breeding Abstracts**, v.68, p.433-462, 2000.

LÔBO, R.B.; REYES, A.; FERRAZ, J.B.S. et al., Bivariate animal model analysis of growth weights and scrotal circumference of Nelore cattle in Brazil. In: WORD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 5., 1994, Guelph, Canada. **Proceedings...** Guelph, Canada, p.199-202, 1994.

LOPES, J.S.; SOUZA, P.R.S.; RORATO, P.R.N.; WEBWE, T.; BOLIGON, A.A.; DORNELES, C.K.P., Efeitos ambientais e genéticos sobre ao nascer e peso ajustado para 205 dias de bovinos Nelore na Região Sul do Brasil. In: Reunião Anual da SBZ, 42. 2005. Goiânia – Goiás, **Anais...** Goiânia: SBZ, 25 a 28 de julho de 2005. CD-ROM.

LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State College, p.443, 1945.

MACCLUER, J.W., BOYCE, A.J., DYKE, B., WEITKAMP, L.R., et al., Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**. 74: 394-399, 1983.

MACHADO, P.F.A.; AQUINO, L.H.; GONÇALVES, T.M., Estimativas de parâmetros genéticos e critérios de seleção em características ponderais de bovinos Nelore. **Ciência e Agrotecnica**, v.23, n.1, p.197-204, 1999.

MAGNABOSCO, C.D.U. **Estimativas da mudança genética na produção de leite em um rebanho da raça Gir**. 1990. 74f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, 1990.

MAGNABOSCO, C. de U., CORDEIRO, C. M. T., TROVO, J. B. de F.; MARIANTE, A. S.; LÔBO, R. B.; JOSAHKIAN, L. A. **Catálogo de linhagens do germoplasma zebuino: raça Nelore**. Brasília. Embrapa CENARGEN, 1997. 52p. (Documentos, 23).

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

MARTIN, L.C.; BRINKS, J.S.; BOURDON, R.M. et al. Genetic effects on beef heifer puberty and subsequent reproduction. **Journal of Animal Science**, Savoy. v.70, p.4006-4017, 1992.

MARTINS, G. A.; MARTINS FILHO, R.; LIMA, F. A. M., et al. Influência de fatores genéticos e de meio sobre o crescimento de bovinos da raça Nelore no Estado do Maranhão. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35. 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998. p. 431-433

MERCADANTE, M.E.Z.; LOBO, R.B.; REYES, A. Parâmetros genéticos para características de crescimento em zebuínos de carne. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.3, p.45-89, 1995.

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

MOSER, D.W.; BERTRAND, J.K.; BENYSHEK, L.L. et al. Effects of selection for scrotal circumference in Limousin bulls on reproductive and growth traits of progeny. **Journal of Animal Science**, Savoy. v.74, p. 2052-2057, 1996.

NICHOLAS, F. W. **Veterinary Genetics**. New York: Oxford University Press. P.580, 1988.

NIZAMANI, A.H., BERGER, P.J. Estimates of genetic trend for yield traits of the registered Jersey population. **Journal of Dairy Science**, Savoy. v.79,n.3, p.487-494, 1996.

OLIVEIRA, J.H.F. de; MAGNABOSCO, C. de U.; BORGES , A.M. de S.M. Nelore: Base genética e evolução seletiva no Brasil. **EMBRAPA Cerrados**, Planaltina, DF (Brazil). 2002. 54 p. no. 49.

PEREIRA FILHO, J. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação**, 2005. 47f. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2005.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4. ed. Belo Horizonte : FEPMZ Editora, 2004. 609 p.

PEREIRA, J.C.C. Saiba o valor correto de cada termo usado para o melhoramento genético. **DBO - Nelore**, Mar., p.19-34, 1994.

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

QUEIROZ, S.A.; LÔBO, R.B. Genetic relationship, inbreeding and generation interval in registered Gir cattle in Brazil. **Journal of Animal Breeding and Genetics** v.110, p.228-233, 1993.

REZENDE, F.M.; FIGUEIREDO, L.G.G.; MOURÃO, G.B.; BALIEIRO, J.C.C.; CINTRA, D.C.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S., Estimativas de parâmetros genéticos para vigor ao nascimento e algumas características de desenvolvimento ponderal em bovinos da Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 42., 2005, Goiânia – Goiás, **Anais...** Goiânia, SBZ, 2005. 1 CD-ROM.

ROMAN, R.M., WILCOX, C.J., LITTELL, R.C. Genetic Trends for milk yield of Jerseys and correlated changes in productive and reproductive performance. **Journal of Dairy Science**, Savoy. v.82, n.1, p.196-204, 1999.

ROSO, V.M.; FRIES, L.A. Um programa para planejar acasalamentos em bovinos de corte. In.: Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2., 1998, Uberaba. **Anais...** Uberaba: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, p.359-360, 1998.

RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; BONILHA NETO, L.M. et al. Intensidades de seleção e repostas diretas e correlacionadas em 10 anos de progênes de bovinos das raças Nelore e Guzerá selecionadas para peso pós desmame. **Boletim da Indústria Animal**, v.2, p.147-163, 1993.

REIS FILHO, J. C. **Endogamia na raça Gir**. Viçosa, 2006. 61 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia – Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, 2006.

SÖLKNER, J.; FILIPCIC, L.; HAMPSHIRE, N. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigree. **Animal Science**. v.67, p. 249-256, 1998.

SPIRONELLI, A. L. G. **Reatividade de bovinos dos grupos genéticos Braford e Nelore e suas influências nas contusões e rendimento de carcaça**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia – Genética e Melhoramento Animal) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Universidade Estadual Paulista, 2006.

SILVEIRA, I. D. B.; FISHER, V.; SOARES, G. J. D. Relação entre o genótipo e o temperamento de novilhos em pastejo e seu efeito na qualidade da carne. **Revista Brasileira Zootecnia**, Viçosa. v.35, n. 2, p. 519-526, 2006.

TOLL, G.L.; BARKER, J.S.F. Genetic history of the pedigree Poll Hereford breed in Australia: Effect of the importation ban. **Australian Journal of Agricultural Research** v.30, p.767-777, 1979.

VASSALO, J.M.; DIAZ, C.; GARCIA-MEDINA, J. R. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. **Livestock Production Science** v.15, p.285-288, 1986.

VALERA, M.; MOLINA, A.; PIRES, L. et al. A. Importância do livro de genealógico na conservação de linhas, estirpes e raças eqüinas. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias**. Lisboa Abril/Junho, 1999.

VAN RADEN, P.M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. **Journal of Dairy Science**, Savoy, v.75, p.3136-3144, 1992.

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, 2002.

VERCESI FILHO, A. E. ; FARIA, F. J. C. ; MADALENA, F. E. ; JOSAHKIAN, L. A. . Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latinoamericano de Produccion Animal**, v.10, n.2, p.86-92, 2002.

Voisinet, B.D., T. Grandin, J.D. Tatum, S.F. O'Connor and J.J. Struthers. Feedlot cattle with calm temperaments have higher average daily gains than cattle with excitable temperaments. **Journal of Animal Science**, Savoy. v.75, p.892-896, 1997.

WIGGANS, G.R.; VAN RADEN, P.M.; ZUURBIER, J. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Savoy. v.78, p.584-1590, 1995.

WRAY, N. R., THOMPSON, R. **Genetic resources.**, v.55, p.41-54, 1990.

WRAY, N. R., GODDARD, M. E. Increasing long term response to selection. **Genetics Selection Evolution**, v.26, p.431-451, 1994.

WRIGHT, SEWALL. Evolution in Mendelian Populations. **Genetics** v.16, p.97-159, 1931.

YOUNG, C.W.; SEYKORA, A.J. Estimates of inbreeding and relationship among registered Holstein females in the United States. **Journal of Dairy Science**, Savoy. v.79, p.502-505, 1996.