HELOISE PATRÍCIA QUINTINO DE OLIVEIRA

**Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do
programa de melhoramento genético em um rebanho
Nelore**

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

Área de Concentração: Qualidade e
Produtividade Animal

Orientador: Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Pirassununga

2010

*Ao meu marido, Marcos,
Companheiro de todos os momentos, amigo e
pai maravilhoso, por me fortalecer, estimular,
encorajar e compartilhar todos meus momentos
com muita dedicação e amor. Te amo.*

*A meus pais Jonas e Maria Inêz,
por sempre me incentivarem
e pela total colaboração em minha
formação acadêmica e pessoal.
Obrigado e amo muito vocês.*

*As minhas pequenas, Beatriz e Laís,
um dia entenderão os momentos em
que a mamãe não pode brincar ou dar
atenção. Vocês são a razão do meu viver.
Amo-as demais.*

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por dar vida, saúde e força para enfrentar e realizar este momento de conquista e por sempre mostrar que está ao nosso lado.

Ao Prof. Dr. Joanir Pereira Eler, pela orientação, os ensinamentos valiosos e a amizade que levarei em meu coração e pela confiança depositada na realização deste trabalho.

Ao Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz, por ter me aberto as portas do GMAB, pela amizade e ensinamentos que contribuíram para minha formação pessoal e profissional.

Aos Professores Dr. Júlio César de Carvalho Balieiro e Dr. Gerson Barreto Mourão pelos “socorros” em muitos momentos, pela amizade, pelos ensinamentos tanto nos aspectos pessoais e profissionais. MUITÍSSIMO OBRIGADA.

A grande amiga e companheira de GMAB, Elisângela, pelo apoio em todos os sentidos, incondicionalmente. Sem você muita coisa não aconteceria.

À Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, pela importância na minha formação acadêmica e profissional.

A Agropecuária CFM Ltda, pelos dados fornecidos para a realização deste trabalho.

Aos amigos e companheiros atuais de GMAB, Fernanda, Jane, Marina, Priscila, Sandra, Diego, Mário, Vitor, pela convivência. A todos os demais amigos que passaram pelo GMAB nesta minha estada, saudades e reconhecimento pelo os ensinamentos deixados.

Aos funcionários e professores da FZEA que de alguma maneira contribuíram com o desenvolvimento deste ser humano e deste trabalho.

A todos que estiveram presentes direta ou indiretamente em alguma etapa deste trabalho ou colaboraram no enriquecimento da minha formação profissional e pessoal.

*A vida não é fácil para ninguém. Que importa?
Temos de ser perseverantes e,
Sobretudo, ter confiança em nós próprios.
Devemos acreditar que temos um dom
Para alguma coisa e que, custe o que custar,
Havemos de consegui-la” (Marie Curie)*

*“Viver é um dom... aceite-o.
Viver é uma aventura... desafie-a.
Viver é um mistério... desvende-o.
Viver é um jogo... dispute-o.
Viver é uma batalha... enfrente-a.
Viver é beleza... elogie-a.
Viver é um quebra-cabeça... resolva-o.
Viver é uma oportunidade... agarre-a.
Viver é um desafio... conheça-o.
Viver é uma surpresa... supere-a.
Viver é uma canção... cante-a.
Viver é um objetivo... alcance-o.
Viver é um dever... execute-o.
Viver é uma missão... concretize-a.
Viver é um conhecimento...
Aprenda a partir dele.”
(Autor desconhecido)*

Sumário

Lista de Figuras	ii
Lista de Tabelas	vi
Lista de abreviaturas e siglas	viii
Resumo	ix
Abstract	x
1. Introdução	11
2. Revisão Bibliográfica.....	12
2.1. Estrutura Genética de Populações.....	12
2.1.1. Endogamia.....	13
2.1.2. Tamanho Efetivo e variabilidade genética	16
2.2. Estudo do progresso genético de um programa de melhoramento.....	20
2.2.1. Programa de Melhoramento Genético Nelore CFM.....	24
3. Objetivos	26
4. Materiais e Métodos.....	27
5. Resultados e Discussão.....	32
5.1. Estudo da estrutura genética populacional.....	32
5.2. Avaliação do progresso genético dentro do programa de melhoramento do rebanho Nelore CFM.....	44
5. Conclusão.....	63
6. Referências Bibliográficas.....	64
7. Apêndice	71

Lista de Figuras

- Figura 1** - Quantificação do ganho genético em um programa de seleção.
(Adaptado de van der Werf, 2006). 22
- Figura 2** – Detalhes da contribuição de cada tipo de ascendente para a genealogia do rebanho Nelore CFM até a 5ª geração (P – pais; GP – avós; GGP – bisavós; etc.). 33
- Figura 3** – Evolução do número de animais endogâmicos e do coeficiente de endogamia dos animais endogâmicos por ano de nascimento para a população Nelore CFM. 37
- Figura 4** – Pais com maior número de progênes selecionadas na população Nelore CFM. 41
- Figura 5** – Mães com maior número de progênes selecionadas na população Nelore CFM. 42
- Figura 6** – Evolução do número de progênes nascidas, progênes filhos de touros e progênes filhos de RM na população Nelore CFM. 45
- Figura 7** – Tendência genética observada para peso à desmama de todas as progênes (PD PROG) e das progênes de pais conhecidos (PD TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 48
- Figura 8** – Tendência genética observada para ganho de peso da desmama ao sobreano de todas as progênes (GP345 PROG) e das progênes de pais conhecidos (GP345 TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 49

Figura 9 – Tendência genética observada para perímetro escrotal de todas as progênes (PE PROG) e das progênes de pais conhecidos (PE TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 49

Figura 10 – Tendência genética observada para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 50

Figura 11 – Tendência genética para Índice CFM para de todas as progênes (IND CFM PROG) e das progênes de pais conhecidos (IND CFM TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 50

Figura 12 – Tendência genética observada para peso à desmama de todas as progênes (PD PROG) e das progênes de pais conhecidos (PD TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 52

Figura 13 – Tendência genética observada para ganho de peso da desmama ao sobreano de todas as progênes (GP345 PROG) e das progênes de pais conhecidos (GP345 TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 52

Figura 14 – Tendência genética observada para perímetro escrotal de todas as progênes (PE PROG) e das progênes de pais conhecidos (PE TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 53

Figura 15 – Tendência genética observada para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 53

Figura 16 – Tendência genética observada para Índice CFM de todas as progênes (IND CFM PROG) e das progênes de pais conhecidos (IND CFM TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM. 54

Figura 17 – Tendência fenotípica para peso à desmama de todas as progênes (PD PROG) e das progênes de pais conhecidos (PD TO) no período de 1999 a 2005 para o rebanho Nelore CFM. 55

Figura 18 – Tendência fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano de todas as progênes (GP345 PROG) e das progênes de pais conhecidos (GP345 TO) no período de 1999 a 2005 para o rebanho Nelore CFM. 55

Figura 19 – Tendência fenotípica para perímetro escrotal de todas as progênes (PE PROG) e das progênes de pais conhecidos (PE TO) no período de 1999 a 2005 para o rebanho Nelore CFM. 56

Figura 20 – Tendência fenotípica para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) no período de 1999 a 2005 para o rebanho Nelore CFM. 56

Figura 21 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para peso à desmama para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005. 57

Figura 22 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para ganho de peso da desmama ao sobreano para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005. 58

Figura 23 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para perímetro escrotal para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005. 58

Figura 24 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para musculatura para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005. 59

Figura 25 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para Índice CFM para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005. 59

Figura 26 – Evolução da diferença esperada na progênie para peso à desmama para os RM's (PD RM) e os pais conhecidos (PD TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM. 60

Figura 27 – Evolução da diferença esperada na progênie para ganho de peso da desmama ao sobreano para os RM's (GP345 RM) e os pais conhecidos (GP345 TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM. 61

Figura 28 – Evolução da diferença esperada na progênie para perímetro escrotal para os RM's (PE RM) e os pais conhecidos (PE TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM. 61

Figura 29 – Evolução da diferença esperada na progênie para musculatura para os RM's (MUSC RM) e os pais conhecidos (MUSC TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM. 62

Figura 30 – Evolução da diferença esperada na progênie para Índice CFM para os RM's (IND CFM RM) e os pais conhecidos (IND CFM TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM. 62

Lista de Tabelas

- Tabela 1** - Número de observações (N), média, erro padrão (EP), mínimo e máximo das características avaliadas, separada por safra analisada, no estudo do progresso genético na população Nelore CFM. 30
- Tabela 2** - Estimativas dos componentes de (co)variâncias e herdabilidades para o peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), musculosidade (MUSC) e perímetro escrotal (PE), ambos medidos aos 18 meses, para o rebanho Nelore CFM. 31
- Tabela 3** – Porcentagem média de pedigree completo por geração (de a 1 a 6) a cada ano de nascimento, no período de 1995 a 2007, para a população Nelore CFM. 32
- Tabela 4** – Distribuição dos animais da população Nelore CFM em níveis de endogamia e ano de nascimento. 35
- Tabela 5** – Valores mínimo, máximo, média e desvio padrão para o coeficiente de endogamia (F) dos animais endogâmicos da população Nelore CFM por ano de nascimento. 36
- Tabela 6** – Tamanho efetivo populacional (N_e) calculado através da taxa de endogamia por ano de nascimento para a população Nelore CFM. 38
- Tabela 7** – Tamanho efetivo populacional por ano de nascimento dos indivíduos calculado via número de pais conhecidos da população Nelore CFM. 39
- Tabela 8** – Números de animais distribuídos em classes conforme identificação de ascendência na população Nelore CFM. 40

Tabela 9 – Contribuição individual e acumulada de genes dos ancestrais mais influentes na população Nelore CFM.	41
Tabela 10 – Intervalo de gerações (INTERV) em anos, DP (desvio-padrão) e EP (erro padrão) para os quatro passos genéticos do rebanho Nelore CFM.	43
Tabela 11 – Distribuição dos indivíduos da população Nelore CFM de acordo com o número equivalente de gerações completas traçadas.	43
Tabela 12 – Distribuição dos indivíduos da população Nelore CFM de acordo com o número máximo de gerações traçadas.	44
Tabela 13 – Número de progênes nascidas, número de progênes selecionadas, proporção de selecionados (p) e intensidade seletiva (i) distribuídos por sexo e por safra para o rebanho Nelore CFM.	46
Tabela 14 – Intensidade seletiva (i), intervalo de gerações médio (L), herdabilidade, desvio – padrão fenotípico e progresso genético anual esperado (ΔG_{ano} ESP) para as características componentes do Índice CFM no período de 1998 a 2005, para a população Nelore CFM.	47
Tabela 15 – Tendência genética (TEND GEN) e fenotípica (TEND FEN) observada de todas as progênes e progênes de pais conhecidos (TO), para as características componentes do Índice CFM e o próprio Índice no período de 1997 a 2007 para a população Nelore CFM.	47
Tabela 16 – Tendência genética observada de todas as progênes (TEND GEN) e progênes de pais conhecidos (TEND GEN TO), para as características componentes do Índice CFM e o próprio Índice no período de 1998 a 2007 para a população Nelore CFM.	51

Lista de abreviaturas e siglas

ABCZ = Associação Brasileira de Criadores de Zebu.

AR = coeficiente de parentesco médio.

CEIP = Certificado Especial de Identificação e Produção.

cm = centímetro

cm/ano = centímetro por ano.

ΔF = taxa de endogamia.

ΔG_{ano} = ganho genético anual

DEP = diferença esperada na progênie

F = coeficiente de endogamia.

F_{mat} = coeficiente de endogamia materno.

F_{max} = coeficiente de endogamia máximo.

f_e = número efetivo de fundadores.

f_a = número efetivo de ancestrais.

GP345 ou GPSOB = ganho de peso da desmama ao sobreano.

h^2 = herdabilidade.

i = intensidade de seleção.

Ind550 = Índice CFM.

kg = quilograma.

kg/ano = quilograma por ano.

L = intervalo de gerações.

MUSC = musculatura, medida em escores de 1 a 6.

N = tamanho da população, número de indivíduos de uma população.

N_e = tamanho efetivo populacional.

P205 = peso aos 205 dias de idade.

P365 = peso aos 365 dias de idade.

P550 = peso aos 550 dias de idade.

PD = peso à desmama.

PE = perímetro escrotal.

RM = reprodutores múltiplos.

σ_P = desvio-padrão fenotípico.

un = unidade.

un/ano = unidade por ano.

VG = valor genético.

Resumo

OLIVEIRA, H.P.Q. Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore. 2010. 76 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

O objetivo deste trabalho foi analisar a estrutura genética populacional e os efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore comercial, que visa a venda de reprodutores avaliados geneticamente. O banco de dados era composto pelos registros de produção de 417.552 animais, nascidos entre 1984 e 2007, e o de pedigree de 483.748 animais. Com o intuito de estudar a estrutura populacional, foram utilizados os softwares ENDOG v. 4.6 e POPREPORT para se calcular o coeficiente de endogamia (F), o coeficiente médio de parentesco individual (AR), número efetivo de ancestrais e de fundadores, número de ancestrais que contribuem com 50% da variabilidade genética da população e intervalo de gerações. O coeficiente de endogamia calculado para a população em estudo foi igual a 0,12% e o AR a 0,18%. Os números efetivos de ancestrais (f_a) e de fundadores (f_e) foram iguais a 64 e 147, respectivamente. Para a população estudada, 70 indivíduos explicam sua variabilidade genética. O intervalo de geração calculado para os quatro passos gaméticos pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha foram de 9,26, 7,30, 9,29 e 5,83 anos, respectivamente, quando se considera somente as progênes que se tornaram reprodutores no programa de melhoramento, e de 7,45, 7,40, 6,02, 5,93 anos, respectivamente, quando se considera todas as progênes nascidas. O progresso genético esperado para as características peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano ($GP345$), perímetro escrotal (PE) e musculatura era de 1,10 kg/ano, 1,05 kg/ano, 0,28 cm/ano e 0,04 un/ano, respectivamente. Entretanto, o progresso genético observado para as mesmas características foram iguais a 0,51 kg/ano, 1,03 kg/ano, 0,11 cm/ano e 0,03 un/ano, respectivamente.

Palavras – chave: endogamia, intervalo de gerações, progresso genético, tendência genética, tendência fenotípica.

Abstract

OLIVEIRA, H.P.Q. Study of population genetic structure and effects of breeding program in a Nellore herd. 2010. 76 f. Tesis (Doctorate) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2010.

The objective of the present research was to analyze the population genetic structure and the effects of breeding program in a Nellore commercial herd, aimed at the sale of breeders genetically evaluated. The database was composed by production records by 417552 animals, born between 1984 and 2007, and the pedigree records by 483748. For describe the population structure, to ENDOG v. 4.6 and POPREPORT were used to calculate inbreeding coefficient (F), average relatedness coefficients (AR), effective number of ancestors and founders, number of ancestors that contribute with 50% of genetic variability of population and generation intervals. The inbreeding coefficient calculated to the population in study is 0.12% and AR is 0.18%. The effective number of ancestors (f_a) and founders (f_e) was 64 and 147, respectively. For the population in study, 70 individuals explain 50% of genetic variability. The generation's intervals for the four paths genetic, sire-son, sire-daughter, dam-son, dam-daughter, was 9,26, 7,30, 9,29 e 5,83 years, respectively, when considered only progenies kept reproduction, and was 7,45, 7,40, 6,02, 5,93 years, respectively, when all born progenies are considered. The genetic progress waited to the characteristics weaning weight (WW), weight gain from weaning to 18 months (WG345), scrotal circumference (CE) and muscle were 1.10 kg.year⁻¹, 1.05 kg.year⁻¹, 0.28 cm.year⁻¹ and 0.04 unit.year⁻¹, respectively. However, the genetic progress observed to the same characteristics was 0.51 kg.year⁻¹, 1.03 kg.year⁻¹, 0.11 cm.year⁻¹ and 0.03 unit.year⁻¹, respectively.

Keywords: inbreeding, generation intervals, genetic trend, genetic progress, phenotypic trend.

1. Introdução

Todos os seres vivos estão sujeitos a uma seleção na sua vida.

Desde os primórdios dos tempos, a teoria da seleção natural preconizava que somente os mais fortes, adaptados ao ambiente em que viviam, sobreviveriam e contribuiriam para a formação das populações futuras.

Com a evolução da sociedade humana e a domesticação dos animais, isso não deixou de ser diferente, porém os que contribuem para as novas populações agora são escolhidos de acordo com o desejo do homem.

Conceitos como o do equilíbrio de Hardy-Weinberg e o de população ideal de Wright, existem apenas no papel. Populações que atendam esses preceitos são impossibilitadas de existir, seja pela seleção natural ou pela seleção coordenada pelo homem.

Ao se fazer seleção, escolher aqueles que deixarão descendentes em uma população promove-se um desequilíbrio na relação entre os indivíduos do sexo masculino e feminino, na proporção dos alelos e, conseqüentemente dos genótipos, presentes na população. Há, portanto, uma alteração na estrutura genética da população submetida à seleção.

Além disso, dentro de um programa de melhoramento genético, a seleção com objetivos claramente definidos busca o progresso genético nas características selecionadas, que deve sempre ser monitorado para se verificar se os objetivos estão sendo atingidos e promover eventuais correções quando necessário.

O valor genético de cada indivíduo é calculado utilizando informações de desempenho próprio e de seus parentes. Informações incorretas ou incompletas de parentesco diminuem a acurácia desses valores, interferindo diretamente no progresso genético do programa de seleção.

Este trabalho pretende caracterizar a estrutura genética e o progresso genético de um rebanho Nelore submetido a um programa de melhoramento genético que visa à venda de reprodutores avaliados geneticamente.

2. Revisão Bibliográfica

2.1. Estrutura Genética de Populações.

No modelo de população ideal descrito por Wright (1931) as alterações de frequência alélica seriam inexistentes, entretanto, as populações reais não seguem esse preceito, e vários são os fatores que comprometem esse modelo. Em se tratando de rebanhos comerciais, criados com objetivos econômicos específicos, as populações detêm certa estrutura populacional e alterações na frequência gênica.

Em seguida às alterações estruturais ocorrem reduções da variabilidade genética (que pode ser quantificada pelo coeficiente de endogamia) e do número de linhagens e de genomas fundadores (quantificados por meio do número efetivo de indivíduos fundadores e de genomas remanescentes) (FARIA et al., 2002a).

Mediante esta situação vários trabalhos foram realizados para averiguar a situação real de estrutura populacional e variabilidade genética de diversas raças e rebanhos em algumas espécies de animais domésticos, baseados em informações de pedigree, em sua maioria na Europa: bovinos de leite (MAGNEL; BOICHARD; VERRIER, 1996; GONZÁLES-RECIO; LÓPEZ DE MATORANA; GUTIÉRREZ, 2007), ovinos (GOYACHE et al., 2003; ALFONSO et al., 2006; ÁLVAREZ, et al., 2007), bovinos de corte (GUTIÉRREZ et al., 2003; RUIZ-FLORES et al., 2006), eqüinos (VALERA et al., 2005; ROYO et al., 2007; CERVANTES et al., 2008).

No Brasil, Faria (2002), em sua tese de doutorado descreveu a estrutura populacional das raças zebuínas registradas junto a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), dentre elas o Nelore, Nelore Mocho, Indubrasil, Gir, Guzará.

Oliveira (2009) estudou a estrutura populacional do rebanho Nelore Lemgruber, conhecido por seus animais de temperamento mais dóceis.

Existem à disposição dos pesquisadores que tenham interesse em estudos deste tipo alguns softwares que auxiliam na análise das informações de pedigree com automatização de cálculos e algoritmos. São eles PEDIG (BOICHARD, 2002), ENDOG (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005), POPREPORT (GROENEVELD et al., 2009).

Para tais estudos é necessário um pedigree bastante estruturado com informações reais e consistentes dos registros genealógicos, para que não haja

incoerência nos resultados. Dentre as informações que podem descrever a estrutura genética populacional baseada em informações de pedigree estão o coeficiente de endogamia individual (F) e populacional, tamanho efetivo populacional (N_e), número de fundadores e ancestrais, contribuição genética dos fundadores, entre outras.

2.1.1. Endogamia

Dois indivíduos são geneticamente relacionados quando possuem ancestrais comuns. A partir disto, o grau de endogamia dependerá da relação de parentesco existente entre seus ascendentes. Logo, a definição tecnicamente correta é de que endogamia corresponde ao acasalamento entre indivíduos mais aparentados que a média da população em que estão inseridos (LUSH, 1945).

O coeficiente de endogamia de um indivíduo quantifica a chance de que os dois genes presentes no mesmo loco dos cromossomos sejam idênticos por descendência, em outras palavras; que estes sejam cópias herdadas do mesmo gene em alguma geração anterior. Falconer e Mackay (1996) descreveram os efeitos da endogamia sobre a composição genética das populações que consistiram em decréscimos no número de indivíduos heterozigotos, redistribuições da variabilidade genética, aumento da chance de aparecimento de genes recessivos de efeitos deletérios e de perdas de genes por flutuações na frequência gênica, além de influenciar negativamente o desempenho populacional médio em características de interesse econômico.

A endogamia tem como principal efeito genético o aumento da homozigose e a produção de organismos mais uniformes, com diminuição da variação genética na habilidade de transmissão dos genes dos reprodutores.

O uso mais intenso de descendentes de certos touros foi prática comum nas raças zebuínas. A endogamia foi usada por criadores de elite para assegurar uniformidade racial e fixação de características peculiares a certas linhagens de touros famosos (SCHENKEL; LaGIOIA; RIBOLDI, 2002).

Como efeito fenotípico pode-se citar a detecção de doenças genéticas causadas pela presença em homozigose de alelos recessivos de efeitos deletérios e a depressão pela endogamia.

Depressão pela endogamia foi descrita por Dickerson em 1963, e é caracterizada pela diminuição, em relação à média, do desempenho produtivo e/ou

reprodutivo (desempenho fenotípico) dos animais provenientes de acasalamentos endogâmicos. (Mc PARLAND et al., 2008).

A depressão pela endogamia tem sido muito bem documentada em animais domésticos. Nicholas (1999) descreve que o desempenho quanto às características reprodutivas e de adaptabilidade diminui cerca de 1% da sua média para cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia, enquanto que as demais podem decrescer menos de 1% da sua média.

Em rebanhos de corte, os efeitos da endogamia sobre características produtivas e de importância econômica têm sido geralmente prejudiciais (DINKEL et al., 1968; BURROW, 1993; BURROW, 1998; Mc PARLAND et al., 2007; Mc PARLAND et al., 2008), porém poucos foram realizados com animais em condições tropicais. Keller e Brinks (1978) concluíram que os efeitos deletérios da endogamia podem ser mais pronunciados sob ambientes mais estressantes. Conforme Burrow (1998), em tais ambientes é possível que o sistema imunológico seja menos eficaz devido à endogamia, a magnitude dos efeitos da endogamia pode aumentar pela redução da resistência aos fatores estressantes que afetam a reprodução, crescimento, carcaça e qualidade da carne.

Segundo Alcalá, Franganillo e Córdoba (1995), taxas de endogamia superiores a 10% podem ser perigosas, pois colocam em evidência alguns genes recessivos indesejáveis.

No Brasil, estudos sobre os efeitos da endogamia sobre várias características de bovinos de corte têm sido realizados nas raças Tabapuã (PENNA et al., 1991), Caracu (MERCADANTE et al., 1997), Hereford (FERREIRA; VAN VLECK, 1998), Simental (MARQUES et al., 1998), entre outras.

Burrow (1998) estudou o efeito da endogamia para várias características em zebuínos adaptados ao ambiente tropical. Para um aumento de 1% na endogamia o decréscimo correspondente é de 0,04, 0,72, 1,07, 1,49 kg para pesos ao nascer, aos 6 meses, aos 12 meses e aos 18 meses, respectivamente. Também foi constatado que a endogamia reduz a taxa de prenhez, aumenta o período de gestação, e conseqüentemente, aumenta o intervalo entre partos.

Shimbo et al. (2000) relataram, para um rebanho Nelore, que o coeficiente de endogamia médio (F) dos 3300 animais endogâmicos foi de 3,81% e o coeficiente de endogamia materno médio (F_{mat}) foi de 2,67% (617 vacas endogâmicas), ambos de pequena magnitude. No mesmo trabalho foi constatado que para o aumento de

1% de endogamia havia um decréscimo nos animais endogâmicos de 0,3 kg no peso à desmama, 1,12 kg no peso ao sobreano, 0,73 kg no ganho de peso da desmama ao sobreano e 0,055 cm na circunferência escrotal.

Schenkel, LaGioia e Riboldi (2002) descreveram efeitos negativos da endogamia individual e materna sobre características de ganho de peso nas raças Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore e Tabapuã. Estes autores descreveram que para cada 10% de aumento na endogamia individual, o GMD205 e GMD550 foram reduzidos em 1,7% e 2,1% em relação à média. Outro fato que chamou a atenção desses pesquisadores é o coeficiente de endogamia ser maior nos machos do que nas fêmeas.

Faria et al. (2002a) descreveram coeficientes médios de endogamia para a população Nelore registrado junto a ABCZ de 0,90%, 1,03%, 1,60% e 2,13% para quatro diferentes períodos de nascimento dos animais.

Já no trabalho sobre a estrutura populacional da raça Nelore Mocho, Faria et al. (2002b) verificou um aumento de 0,55% para 0,98% no coeficiente médio de endogamia da população entre o primeiro e o último período de avaliação.

Trabalhando com o rebanho Nelore, linhagem Lemgruber, Oliveira (2009), encontrou coeficiente de endogamia médio para a população igual a 3,02% e para os animais endogâmicos igual a 4,89%. Mesmo o coeficiente médio apresentando valor considerado baixo, existe na população indivíduos que tem coeficiente de endogamia igual a 37,5%.

Gutiérrez et al. (2003) e Goyache et al. (2003) descreveram um novo parâmetro: o coeficiente de parentesco médio (AR), que é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente da população em todo o pedigree pertencer a um determinado animal. O AR pode ser interpretado como a representação do animal em todo pedigree, independentemente do conhecimento de sua linhagem própria. Segundo os autores supracitados, as vantagens da utilização do AR são: a) o custo computacional para calcular os coeficientes de AR é semelhante ao do cálculo do numerador da matriz de parentesco, uma vez que utiliza algoritmos comuns; b) o coeficiente AR de um fundador indica a sua contribuição genética para a população; c) o AR pode ser usado como um índice para manter o estoque genético inicial usando como reprodutores animais com o menor valor de AR; d) o AR, como uma alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia (F), podendo ser usado para prever a endogamia em longo prazo de

uma população, porque leva em conta a percentagem da genealogia completa proveniente de um fundador em nível da população. Além disso, o AR pode ser usado para calcular o tamanho efetivo da população fundadora como o inverso da soma dos coeficientes AR dos animais fundadores ao quadrado.

Gutiérrez et al. (2003) analisando a estrutura genética de oito raças de bovinos de corte na Espanha concluíram que embora alguns rebanhos apresentassem coeficientes de endogamia de média a alta magnitude, o coeficiente de parentesco médio pode não apresentar o mesmo comportamento, uma vez que depende diretamente da integralidade do pedigree, ou seja, dos registros corretos de parentesco entre os animais.

2.1.2. Tamanho Efetivo e variabilidade genética

O aumento do coeficiente de endogamia populacional significa que os animais estão cada vez mais aparentados entre si. O aumento do parentesco pode atingir níveis que impeçam o melhoramento genético, como descrito anteriormente, e gerando um limite para ganhos obtidos pela da seleção em função da diminuição da variabilidade genética.

Se as populações de animais domésticos seguissem o conceito de população ideal (WRIGHT, 1931) – em que os acasalamentos ocorrem ao acaso, há uma relação de igualdade entre indivíduos de ambos os sexos, não existem gerações sobrepostas (nonoverlapping) e ocorre variação aleatória no sucesso reprodutivo - a mudança genética ocorreria em uma taxa descrita pela função inversa do tamanho da população (N). Porém as populações reais quase nunca satisfazem tais condições, nem mesmo as dos animais selvagens.

Assim sendo, Wright (1931, 1938) desenvolveu o conceito de "tamanho efetivo da população" (N_e), que descreve o tamanho de uma população ideal que geraria a mesma taxa de mudança genética (quantificada pela taxa de endogamia) observada na população em estudo. Partindo das condições ideais, geralmente o N_e será inferior a N, e freqüentemente muito menor. O tamanho efetivo da população é inversamente proporcional à taxa de aumento da endogamia média da população, na verdade, $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$ (WRIGHT, 1931).

Em populações que utilizam intensivamente poucos reprodutores, populações fechadas, e os núcleos sob conservação genética, níveis elevados de endogamia

podem inviabilizar o sistema de produção animal ou mesmo conduzir à extinção, por seus efeitos prejudiciais sobre características relacionadas à adaptação e reprodução, tornando relevante a preocupação com os tamanhos efetivos e razões sexuais utilizados (CUNHA et al., 2003). Os mesmos autores sugerem que a imposição de acasalamentos restringindo aqueles entre indivíduos aparentados é uma estratégia de seleção válida.

Vários estudos têm sido feitos no intuito de manter e continuar a exploração da variabilidade genética. Nicholas (1980) propôs um N_e mínimo de 50 indivíduos por intervalo de geração médio, que implicaria em taxas de endogamia de no máximo 1% ao ano. Goddard e Smith (1990) sugeriram tamanho efetivo mínimo de 40 animais por geração, para maximizar o ganho genético em população selecionada para produção de leite, enquanto Meuwissen e Woollians (1994) recomendaram valores entre 31 e 250, para prevenir decréscimos no valor adaptativo (por exemplo, a taxa de sobrevivência a idade adulta).

Faria (2002) relatou diminuição do tamanho efetivo populacional para as diversas raças zebuínas estudadas. Este autor encontrou os seguintes tamanhos efetivos populacionais para os animais das raças indicadas registrados junto à ABCZ: Nelore, 68; Nelore Mocho, 125; Gir, 45; Gir Mocho, 24; Guzerá, 118; Indubrasil, 42; e, Sindi, 10. O autor conclui em seu trabalho que se este fato for mantido acarretará perda de variabilidade genética nas populações, indicando risco de extinção para algumas delas.

Cunha et al. (2006) frisaram que o decréscimo do tamanho efetivo pode estar associado ao aumento do nível de endogamia. De acordo com os autores, isso ocorre, principalmente, em razão do uso intensivo de alguns poucos touros melhoradores nos rebanhos e do aumento observado da variância do número de progênies por reprodutor em gerações sucessivas.

Oliveira (2009) analisando um rebanho da raça Nelore com 39.290 indivíduos na matriz de parentesco encontrou que o tamanho efetivo da população estudada é igual a 40.

Nas populações sob seleção, há uma escolha dos indivíduos que serão pais da próxima geração. Assim sendo, a super utilização de alguns reprodutores em detrimento de outros levará também a uma perda de variabilidade.

Boichard, Maignel e Verrier (1997) definiram novos parâmetros derivados da probabilidade de origem dos genes: número efetivo de fundadores e número de

ancestrais a fim de contribuir para o monitoramento da variabilidade genética de uma população.

Fundador é todo ancestral que possui pais desconhecidos. O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997). A determinação do número efetivo de fundadores, segundo os autores supracitados, é obtida por $f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$, em que f_e é o número efetivo de fundadores e $\sum_{k=1}^f q_k^2$ é o somatório da contribuição esperada (q_k) do k -ésimo fundador na população. A contribuição dos fundadores será equilibrada quanto maior for o número efetivo de fundadores.

Ancestral é todo animal ascendente, fundador ou não, que explica a variabilidade genética da população referência, que é definida pelos animais que possuem ambos os progenitores conhecidos. Assim, número efetivo de ancestrais representa o número mínimo de animais (fundadores ou não), necessário para explicar a total diversidade da população (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997). O número efetivo de ancestrais foi então determinado, conforme descrito no trabalho de Boichard, Maignel e Verrier (1997), computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por $f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$ em que, f_a = número efetivo de ancestrais e $\sum_{k=1}^f p_k^2$ = contribuição marginal do k -ésimo ancestral na população.

Faria et al. (2002b) relataram na raça Nelore mocho os parâmetros número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais decresceu durante ao longo do período avaliado, chegando aos valores no último período de 24.891 fundadores identificados, f_e de 144 e f_a de 98 indivíduos.

No estudo de estrutura populacional no rebanho Nelore Lemgruber, Oliveira (2009) relatou que o número de ancestrais na população referência era de 2.380, f_e de 25 e f_a de 21 indivíduos.

2.1.3. Intervalo de gerações.

O intervalo de gerações determina o tempo médio em que são transmitidos os genes dos pais para os filhos, e este pode ser calculado como a média da idade do progenitor por ocasião do nascimento dos filhos, do primeiro ao último. Este parâmetro reflete principalmente as decisões na taxa de descarte dos criadores.

O intervalo de gerações é calculado para os quatro passos genéticos (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha) separadamente. O intervalo de gerações médio de uma população é calculado por $\bar{L} = 1/4 (L_{MM} + L_{MF} + L_{FM} + L_{FF})$ conforme proposto por Rendel e Robertson (1950).

Os trabalhos de Herron e Pattie (1977), Toll e Barker (1979), Vassalo, Diaz e Garcia-Medina (1986), descrevem que as passagens de pai para filhos são menores que as de mãe-filhos.

A otimização do intervalo médio de gerações é fundamental em programas de melhoramento genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual para as características selecionadas, o que leva a menor retorno econômico no programa (FARIA et al., 2001). A utilização de reprodutores por tempo limitado proporciona redução no intervalo de gerações, além da possível redução na variância do tamanho de família que tende a minimizar decréscimos no tamanho efetivo da população.

Razook et al. (1993) descreveram intervalos médios de pais para filhos de 3,66 e 3,74 anos para rebanhos de seleção Nelore e Guzerá, respectivamente, onde os machos iniciam a vida reprodutiva com dois anos de idade e permanecem em serviço por duas estações de monta, visando acelerar o ganho genético anual.

Faria et al. (2002a) encontraram valores médios de 8,79; 8,74; 7,54; 7,50 anos para as passagens gaméticas de pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha, respectivamente, para o rebanho Nelore registrado junto a ABCZ. Os mesmos autores relataram que o tamanho efetivo populacional do rebanho Nelore registrado junto a ABCZ tem decrescido, e isto se deve pelo uso intenso e ou prolongado de uns poucos reprodutores.

Mercadante et al. (2004) relatou intervalos de geração de 3,7 anos para touros e 6,3 anos para vacas, no rebanho Nelore selecionado da Estação Experimental de Sertãozinho.

Oliveira (2009) descreveu valores médios de intervalos de gerações de 9,1; 8,7; 7,7; 7,6; e 8,3 para os quatro passos genéticos de pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha e intervalo médio total, respectivamente, para animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

2.2. Estudo do progresso genético de um programa de melhoramento.

Lush (1945) descreveu seleção como um processo de reprodução diferenciado pelo qual certos indivíduos são escolhidos para serem os pais da próxima geração. Seleção é a tecnologia primordial disponível para aumentar a frequência dos genes desejados dentro de uma população para alguma finalidade pretendida.

A decisão sobre quais serão esses animais pode ser baseado no fenótipo do animal, ou quando estamos falando de animais submetidos a um programa de melhoramento genético, no mérito genético de cada indivíduo, obtido por meio das avaliações genéticas. A estimativa dos valores genéticos é baseada em medidas de característica(s) no próprio animal ou em animais geneticamente aparentados ao indivíduo, como pais, irmãos ou progênie.

A precisão das predições de valores genéticos utilizados para seleção e, conseqüentemente, o progresso genético em programas de melhoramento animal, depende da qualidade da informação fenotípica e de pedigree disponível e da adequação do modelo adotado às características dos dados analisados.

Nos últimos 15 anos tem-se notado um aumento interessante do uso de animais geneticamente avaliados na população zebuína. Isso se deve ao aumento na capacidade de coleta e de processamentos de banco de dados de inúmeros rebanhos e com a intensificação do uso de biotecnologias reprodutivas (ALBUQUERQUE, MERCADANTE, ELER, 2006).

Animais geneticamente avaliados, melhor mérito genético, seleção, tudo isso para quê? A definição do objetivo de seleção é o principal passo para se estabelecer um programa de melhoramento genético em qualquer que seja a população animal. Ganhos na qualidade genética e, conseqüentemente, no desempenho fenotípico das características só serão obtidos se os objetivos de seleção forem adequados ao que se deseja e ao sistema de produção e forem claramente definidos.

Características de crescimento, como o peso corporal, medidas na fase inicial do desenvolvimento do animal, são importantes na determinação da eficiência econômica de qualquer sistema de produção de bovinos e podem ser recomendadas como critérios ou objetivos de seleção. No Brasil, os pesos a desmama, ao ano e ao sobreano são características normalmente utilizadas nos

programas de avaliação genética de reprodutores em virtude de suas importâncias para a eficiência dos setores produtivos.

Uma das maneiras de se realizar um acompanhamento é por meio do conhecimento de parâmetros genéticos e de estimativas de mudança genética, imprescindíveis para o estabelecimento de diretrizes que guiem os programas de melhoramento, avaliando o progresso genético ao longo do tempo para que os resultados sirvam de elementos orientadores para ações futuras (EUCLIDES FILHO; SILVA; FIGUEIREDO, 1997).

A mudança genética promovida por um programa de seleção irá depender basicamente de quanto os pais selecionados são melhores que a população, de quanto dessa superioridade pode ser transmitida para os descendentes e por quanto tempo esses animais selecionados serão utilizados, antes de serem substituídos. Essa mudança genética, ou melhor, o ganho genético de um programa de melhoramento, pode ser quantificado conforme a descrição da Figura 1.

Segundo van der Werf (2006), a equação do ganho genético (ou resposta a seleção) é conhecida como 'equação chave ou fundamental do melhoramento genético animal'.

A tendência genética é uma medida que permite avaliar a mudança ocasionada por um processo de seleção para determinadas características ao longo dos anos. A estimativa da tendência genética é, então, a melhor maneira de se observar o progresso genético, visto que a melhora no desempenho ponderal não significa obrigatoriamente melhoria genética (ZOLLINGER; NIELSEN, 1984; EUCLIDES FILHO; SILVA; FIGUEIREDO, 1997).

Os primeiros estudos de seleção com bovinos de corte foram caracterizados para pequenas populações, altos níveis de endogamia, falta de linhas controles para estimar tendências ambientais e daí relativamente poucas informações úteis sobre taxas de progressos genéticos ou parâmetros genéticos (DALTON; BAKER, 1980).

Koch, Gregory e Cundiff (1982) e Mrode (1988) relataram que alguns estudos em bovinos de corte, que contemplavam principalmente características de crescimento, demonstravam melhorias no design experimental, como aumento do tamanho populacional e manutenção de linhas controles (acasalamentos aleatórios) ou linhas de seleção divergentes para estimação mais acurada das tendências genéticas.

Figura 1 - Quantificação do ganho genético em um programa de seleção.
(Adaptado de van der Werf, 2006).

Na maioria dos rebanhos relatados em estudos de seleção, a pressão de seleção a qual são submetidos machos e fêmeas é bem diferente. Em machos essa pressão é muito maior, quando comparado a da fêmea, devido ao fato da sua contribuição com números de filhos em um rebanho serem maiores, seja pela proporção estabelecida no sistema de monta natural (um macho para 40 ou até 60 vacas) ou pela inseminação artificial. Isso levando a uma substituição desses reprodutores mais rapidamente. Já nas fêmeas, devido à dificuldade de reposição matrizes descartadas, essa pressão é bem menor. Esses fatores podem interferir diretamente no progresso genético de um rebanho.

A razão que levou pesquisadores a desenvolverem experimentos de seleção era simplesmente avaliar a resposta genética a seleção. Em cada geração os diferenciais de seleção são conhecidos e a resposta a seleção mensurada. Com isso, é possível estimar a ‘herdabilidade realizada’ para uma dada característica,

como a regressão da resposta acumulada sobre o diferencial de seleção acumulado. Tal termo foi definido por Falconer e Mackay (1996) para diferenciar-se da herdabilidade calculada através das análises de (co)variâncias entre parentes.

Smith (1985) relata que é possível se obter um ganho genético anual de um a três pontos percentuais da população avaliada, e em alguns estudos observaram-se modestos ganhos genéticos, principalmente para peso aos 365 dias de idade, porém importantes, pois são estáveis e cumulativos ao longo dos anos, sendo transmitidos de uma geração à outra. Quando há pequena variabilidade genética aditiva em dado rebanho, observam-se pequenos ganhos genéticos.

De acordo com Euclides Filho et al. (2000) tendências genéticas próximas de zero e até mesmo negativas, em bovinos, não são incomuns, principalmente quando resultam de avaliações conduzidas com o uso de dados provenientes de rebanhos comerciais cujos critérios de seleção não são bem definidos, e, principalmente, não são uniformes.

Porém, Ferraz e Johnson (1993) trabalhando com rebanhos de suínos, afirmam que seleção em rebanhos comerciais pode ser efetiva e que maior progresso pode ser obtido quando os valores genéticos são estimados com parâmetros específicos para a população.

Bijma e Woolliams (1999) mostraram vantagem seletiva por causa do aumento do número de progênie de pais jovens, com diminuição do intervalo de gerações, aumento da herdabilidade e da intensidade de seleção na população estudada.

No estudo realizado por Van Melis, Eler, Ferraz (2001) na raça Nelore, com dados de animais nascidos entre 1984 e 1999, foram apontados ganhos genéticos de 0,669 e 0,475 kg/ano e 0,021 un/ano para as características peso à desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano e escore de musculosidade aos 18 meses, respectivamente.

Ferraz Filho et al. (2002) relataram tendências genéticas dos efeitos genéticos direto foram iguais a 0,13; 0,21 e 0,28 kg/ano, para P205, P365 e P550, respectivamente, em animais da raça Tabapuã.

Lima et al. (2005) trabalhando com dados de um rebanho Nelore Mocho na região de Goiás, estimaram tendência genética de 0,53 kg/ano para peso à desmama.

No trabalho de Oliveira (2009) foi relatada tendência genética de 0,82; 1,21 kg/ano e 0,10 cm/ano, para peso à desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano e perímetro escrotal, respectivamente. Já a tendência fenotípica para as mesmas características foi de 0,89; 0,45 kg/ano e 0,28 cm/ano, respectivamente.

2.2.1. Programa de Melhoramento Genético Nelore CFM

Segundo informações de Joseph Purgly, em palestra no primeiro simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal (PURGLY, 1996), o programa de melhoramento genético da Agropecuária CFM iniciou-se em 1980 com a identificação do rebanho, principalmente das matrizes e selecionando as mesmas baseado na produção de bezerros mais pesados a desmama.

Assim, iniciou-se a reprodução dessas vacas selecionadas ($\pm$ 40.000 cabeças) com touros melhoradores para características de peso à desmama e peso ao sobreano, com o objetivo de produzir reprodutores para aumentar a produtividade do rebanho comercial ($\pm$ 140.000 cabeças) (PURGLY, 1996).

O controle efetivo dos dados de produção iniciou-se em 1984. Segundo o autor supracitado, todos os dados coletados, identificações dos animais, datas de nascimento e desmame, pesos ao nascer, desmame e sobreano, bem como grupos de manejo foram informados em sistemas de análise desenvolvido por programadores da Nova Zelândia sob supervisão de geneticistas. Desde o início do programa, a característica perímetro escrotal (PE) era também utilizada no programa de seleção.

A partir da safra de 1992, foi iniciada a avaliação dos escores visuais de conformação, precocidade e musculosidade, a fim de se identificar animais com maior capacidade em depositar músculo (carne) e precocidade em depositar gordura.

A partir de 1995 as análises genéticas passaram a utilizar o modelo animal.

O índice CFM, objetivo de seleção do rebanho, é calculado com base na seguinte equação, na qual os valores são padronizados (cada DEP é dividida pelo desvio-padrão genético da característica) (SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009..., 2009):

$ICFM = 2 PD + 4 GPSOB + 2 MUSC + 2 PE$, em que:

PD = DEP para peso à desmama;

GPSOB = DEP para ganho de peso da desmama ao sobreano;

MUSC = DEP para o escore visual de musculosidade, medida ao sobreano;

PE = DEP para perímetro escrotal, medido ao sobreano.

Para se comparar dois animais pelo Índice CFM, o de maior índice tem maior valor genético agregado (ponderado) que um de valor mais baixo.

O rebanho é submetido à reprodução com utilização de inseminação artificial e monta natural. O programa faz uso também de reprodutores múltiplos (RM). Esse é um manejo freqüentemente empregado em grandes rebanhos selecionadores e comerciais quando o número de fêmeas é muito grande e o número de pastos e piquetes insuficiente.

Embora apresente diversas vantagens ao produtor em termos de manejo, o sistema de reprodutores múltiplos, em que um grupo de vacas é exposto a um grupo de touros em uma mesma estação de monta, traz desvantagens ao melhoramento genético do rebanho, uma vez que a paternidade desconhecida diminui a acurácia das avaliações genéticas e, conseqüentemente, a resposta à seleção.

Segundo Cardoso et al. (2003) uma maneira de otimizar a utilização desses reprodutores seria formar grupos de animais, tão próximos geneticamente quanto possível, e da determinação e seleção de seus acasalamentos com as fêmeas disponíveis no rebanho.

O rebanho Nelore CFM é explorado para a venda de reprodutores geneticamente avaliados possuidores de CEIP – Certificado Especial de Identificação e Produção, aprovado pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, sob portaria, nº 267, de 04 de maio de 1995. Os touros geneticamente superiores são comercializados em leilões ou vendidos nas fazendas.

Os animais do programa de melhoramento genético da Agropecuária CFM estão alocados em propriedades localizadas na região oeste de São Paulo e no Mato Grosso do Sul, pertencentes à Empresa. O sistema de criação a campo é adotado nas fazendas do grupo, com suplementação de sal mineralizado à vontade. Os animais são, sistematicamente, vacinados contra febre aftosa, brucelose, carbúnculo, pneumoenterite e raiva, fazendo-se também, o controle de ecto e endoparasitas e tuberculose.

Anualmente é publicado o Sumário de Touros CFM, resultante das avaliações genéticas do rebanho.

No último Sumário publicado, o progresso genético obtido na população para as características componentes do Índice CFM foram 0,48 kg/ano para peso à desmama (PD); 1,24 kg/ano para ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345); 0,03 un/ano para musculatura (MUSC); e, 0,15 cm/ano para perímetro escrotal (SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009..., 2009)

3. Objetivos

- Caracterizar a estrutura genética da população do Programa de Melhoramento Genético Nelore CFM, através dos cálculos de coeficientes de endogamia, tamanho efetivo populacional, intervalo de gerações e demais parâmetros.
 - ✓ Hipótese: os parâmetros relacionados com a estrutura genética populacional estarem interferindo negativamente sobre o progresso genético das características utilizadas no Índice CFM.
- Comparar a tendência genética esperada, calculada por meio de pressão de seleção e herdabilidade das características do Índice CFM, com a observada, calculada através da média do valor genético dos indivíduos.
 - ✓ Hipótese: o ganho genético predito é igual ao ganho genético observado no programa de Melhoramento Genético do Rebanho Nelore CFM.

4. Materiais e Métodos.

Os dados utilizados neste estudo 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), em Pirassununga, São Paulo.

O banco de dados refere-se às informações do programa de melhoramento genético animal da Agropecuária CFM Ltda. São dados referentes às características de produção, crescimento e reprodução de animais da raça Nelore, provenientes de rebanhos que estão alocados em propriedades localizadas na região Oeste de São Paulo e no Mato Grosso do Sul pertencentes a empresa.

O arquivo de dados utilizado para as análises é o mesmo que originou a avaliação genética desse rebanho em 2009, e consistia dos registros de produção de 417.552 animais, nascidos a partir de 1984.

A partir desses dados foi traçado o arquivo de pedigree com informação de parentesco de 483.748 animais. A diferença entre o número de animais no pedigree e o do banco de dados é pequena devida à utilização de RM's, uma vez que grande parte da população não possui pai conhecido.

4.1. Análise da estrutura genética populacional.

O estudo da estrutura genética da população Nelore CFM foi realizado com o auxílio dos softwares ENDOG v. 4.6 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005) e POPREPORT (GROENEVELD et al., 2009). Tais softwares utilizam um conjunto de informações sobre cada indivíduo para estimar os parâmetros relevantes que caracterizam a estrutura populacional.

Foram calculados os coeficientes de endogamia (F) e de parentesco médio (AR) e observados sua evolução ao longo do tempo.

O AR é calculado da seguinte forma: fixa o valor 1 para todos os animais fundadores da população, $\frac{1}{2}$ para cada filho desse animal, $\frac{1}{4}$ para cada neto, e assim por diante, de acordo com o tamanho da população (N) (GUTIÉRREZ et al., 2005).

O software ENDOG v. 4.6 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005) inclui informações específicas sobre a qualidade do pedigree, ou seja, a descrição da

integridade de cada ancestral na genealogia até a 5ª geração parental e o índice de integridade de MacCluer et al. (1983).

Foram calculados também outros parâmetros de indicam a probabilidade de origem dos genes na população, entre eles, número efetivo de ancestrais, número efetivo de fundadores, conforme descrito por Boichard, Maignel e Verrier (1997), número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi calculado de acordo com Falconer e Mackay (1996) de duas maneiras distintas. A primeira utilizou-se a taxa de endogamia por geração em que $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$ e que $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, onde F_t e F_{t-1} representam a endogamia média da progênie e de seus pais, respectivamente. Na segunda, calculou-se N_e baseado no número de reprodutores por geração em que $N_e = \frac{4 N_m N_f}{N_m + N_f}$, onde N_m e N_f representam o número de reprodutores machos e fêmeas.

Foi calculado também, para cada indivíduo, o número equivalente de gerações completas e o número máximo de gerações de cada animal do pedigree. A primeira é definida como as gerações que separam a progênie da geração mais distante que tenham ambos ancestrais conhecidos. O segundo é o número de gerações que separa o indivíduo do seu antepassado mais distante. A equivalente geração completa é computada como a soma de todos os ancestrais conhecidos, ou seja, a soma de $(1/2)^n$ onde n é o número de gerações que separa o indivíduo a cada ancestral conhecido (MAIGNEL et al., 1996).

O intervalo de gerações foi calculado de duas formas: o primeiro definido como a idade média dos pais no nascimento de seus descendentes mantidos para a reprodução (INT) (JAMES, 1977) e o segundo, é a idade média dos pais no nascimento de sua prole, usado para reprodução ou não. Ambos os parâmetros são computados para as quatro passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha).

4.2. Avaliação do progresso genético dentro do programa de melhoramento Nelore CFM.

As características escolhidas para a avaliação do progresso genético deste programa de melhoramento foram as quatro características que compõem o Índice CFM utilizado na seleção dos animais:

1) Peso à Desmama (PD) – peso, em kg, medido na desmama do bezerro demonstrando o potencial que o animal tem para desmamar, independentemente da produção leiteira da mãe;

2) Ganho de Peso da Desmama ao Sobreano (GP345) – ganho de peso, em kg, medido pela diferença entre o peso ao sobreano e o peso à desmama;

3) Perímetro Escrotal (PE) – esta medida, expressa em cm, é tomada nos machos na época da pesagem aos 18 meses de idade. É correlacionada com idade à puberdade, qualidade e quantidade de sêmen, fertilidade e desenvolvimento ponderal e precocidade sexual das filhas e irmãos dos tourinhos;

4) Musculatura (MUSC) - esta medida, expressa em unidade (un), é tomada na época da pesagem aos 18 meses de idade e são baseadas nos escores de avaliação visual, com notas variando de 1 a 6. O objetivo da seleção para esta característica é a obtenção de animais adequados à competitiva indústria da carne bovina.

Para a realização das análises genéticas e posterior estudo do progresso genético dentro do programa de melhoramento, foram considerados os animais nascidos nas safras de 1997 a 2007. A data de início em 1997 foi considerada para que fosse comparado com a avaliação realizada para o Sumário de Touros Nelore CFM 2009 (2009). No caso do estudo da evolução das DEP's de reprodutores foi considerado o ano de início 1999, para que fosse evitado qualquer efeito residual das avaliações anteriores nos reprodutores nascidos e utilizados no programa, uma vez que em 1995 quando a avaliação genética do programa transferiu-se para o Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia – FZEA/USP houve uma readequação do objetivo de seleção e implementação do Índice CFM. A data final em 2007, pois os animais nascidos neste ano já possuíam as medidas tomadas aos 18 meses em 2009.

O banco de dados utilizado para a análise apresenta a configuração descrita na Tabela 1, para cada característica em cada safra analisada.

Tabela 1 - Número de observações (N), média, desvio padrão (DP), mínimo e máximo das características avaliadas, separada por safra analisada, no estudo do progresso genético na população Nelore CFM.

Característica	Safra	N	Média	DP	Mínimo	Máximo
PD (kg)	1999	12.612	185,88	28,09	70	317
	2000	10.884	179,78	30,76	72	285
	2001	12.886	168,18	28,01	70	285
	2002	12.566	167,31	28,24	64	317
	2003	16.630	168,40	30,68	61	293
	2004	15.953	168,62	27,93	61	289
	2005	15.492	179,39	28,62	60	301
	2006	14.416	178,95	26,97	60	282
	2007	13.814	182,61	27,79	61	302
GP345 (kg)	1999	6.179	99,14	35,80	-150,20	261,72
	2000	6.403	103,17	29,48	-49,29	245,21
	2001	8.024	113,40	27,93	-29,66	227,28
	2002	8.277	98,00	26,20	-30,47	312,61
	2003	10.635	112,66	32,64	-46,00	280,84
	2004	10.619	116,24	35,03	-8,35	255,05
	2005	9.248	108,23	34,72	-27,21	240,62
	2006	8.908	113,69	34,47	-67,24	272,86
	2007	8.165	111,01	26,20	-27,53	241,85
PE (cm)	1999	3.159	24,77	3,05	11,00	38,00
	2000	3.592	25,72	3,10	10,00	37,00
	2001	3.689	25,30	2,99	16,20	38,00
	2002	3.343	24,24	2,80	15,00	37,50
	2003	4.260	26,41	3,09	15,00	42,00
	2004	4.102	27,38	3,17	17,00	37,00
	2005	4.283	27,88	3,05	16,00	39,00
	2006	3.570	28,65	3,03	10,00	38,50
	2007	3.002	28,38	3,11	17,00	41,00
MUSC (un)	1999	5.893	3,23	0,93	1	6
	2000	6.427	3,42	0,99	1	6
	2001	8.111	3,48	0,94	1	6
	2002	8.030	3,71	1,07	1	6
	2003	10.634	3,48	0,95	1	6
	2004	10.633	3,34	1,00	1	6
	2005	9.291	3,38	1,00	1	6
	2006	8.683	3,19	1,00	1	6
	2007	8.216	3,18	1,09	1	6

A avaliação genética foi realizada utilizando a metodologia de modelos mistos, considerando-se um modelo bi-caráter completo, específico para cada característica, incluindo sempre, o peso à desmama como característica relacional ou característica âncora.

O modelo utilizado incluiu os efeitos fixos (grupo de contemporâneos e idade), efeitos genéticos aditivos direto e materno (exceto para MUSC), de ambiente permanente (somente para peso à desmama) e efeito aleatório de grupo de manejo a desmama (para GP345, PE e MUSC).

Foi utilizado um único conjunto de parâmetros genéticos para todas as safras, necessários para a predição das DEP's. A herdabilidade e as correlações genéticas para todas as características estudadas foram obtidas com a utilização do sistema MTDFREML (BOLDMAN; VAN VLECK, 1995) e estão descritos na Tabela 2.

Para a solução das equações de modelos mistos, utilizou-se o conjunto de softwares ABTK (GOLDEN et al., 1992) e TKBLUP (GOLDEN et al., 1995).

Tabela 2 - Estimativas dos componentes de (co)variâncias^a e herdabilidades^b para o peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), musculosidade (MUSC) e perímetro escrotal (PE), ambos medidos aos 18 meses, para o rebanho Nelore CFM.

Variável	σ_a^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_{pe}^2	σ_{gmd}^2	σ_e^2	σ_p^2	h^2	h_m^2
PD (kg ²)	84,16	24,15	0,87	56,47	-	189,51	355,16	0,28	0,07
GP345 (kg ²)	101,67	31,38	-31,84	-	55,67	251,43	408,31	0,25	-
MUSC (un ²)	0,14	-	-	-	0,023	0,40	0,56	0,24	-
PE (cm ²)	2,73	0,81	-0,38	-	0,27	3,57	7,00	0,51	-

^a σ_a^2 = variância genética aditiva direta, σ_m^2 = variância genética aditiva materna, σ_{am} = covariância entre os efeitos genéticos aditivos direto e materno, σ_{pe}^2 = variância de ambiente permanente, σ_{gmd}^2 = variância de grupo de manejo à desmama, σ_p^2 = variância fenotípica. ^b h^2 = herdabilidade direta, h_m^2 = herdabilidade materna.

O ganho genético predito foi calculado utilizando a fórmula descrita na Figura 1 (página 22), com a proporção de indivíduos selecionados em cada safra, intervalo de gerações do estudo da estrutura genética da população e com os parâmetros genéticos descritos na Tabela 2.

A tendência genética do efeito aditivo direto e a fenotípica foram estimadas pela regressão da média dos valores genéticos estimados e dos valores observados para cada característica, respectivamente, sobre o ano de nascimento do animal.

5. Resultados e Discussão.

5.1. Estudo da estrutura genética populacional.

Foram avaliados 483.748 animais no pedigree referente aos animais nascidos entre 1984 e 2007. A estimativa do coeficiente de endogamia do indivíduo depende da identificação dos ancestrais até as mais remotas gerações passadas. Quanto mais completo for o conhecimento sobre os ancestrais de todos os indivíduos que compõem a população, mais real será a estimativa do coeficiente de endogamia (F).

Assim sendo, na Figura 2 pode-se visualizar a contribuição dos registros dos ancestrais conhecidos até a 5ª geração para a população como um todo. Já na Tabela 3, temos a contribuição do pedigree completo a cada geração traçada para cada ano de nascimento dos animais.

Tabela 3 – Porcentagem média de pedigree completo por geração (de a 1 a 6) a cada ano de nascimento, no período de 1995 a 2007, para a população Nelore CFM.

Ano de nascimento	Nº de animais	1ª ger.	2ª ger.	3ª ger.	4ª ger.	5ª ger.	6ª ger.
1995	14.109	57,8	48,8	38,1	29,3	23,5	19,6
1996	11.001	72,9	61,3	48,4	37,9	30,5	25,4
1997	10.130	63,9	55,6	44,4	35,0	28,2	23,6
1998	10.695	58,0	51,8	42,8	34,3	27,8	23,2
1999	13.129	56,8	52,1	45,4	37,7	30,9	25,9
2000	12.023	60,6	55,0	47,3	39,1	32,1	26,9
2001	13.746	47,9	43,9	38,3	31,8	26,2	21,9
2002	12.681	44,6	40,4	35,2	29,7	24,7	20,8
2003	16.778	38,3	35,1	31,4	27,2	23,0	19,4
2004	16.082	40,5	37,3	33,6	29,2	24,7	20,9
2005	15.534	41,2	38,2	34,7	30,5	26,1	22,2
2006	14.449	32,1	30,0	27,6	24,6	21,3	18,1
2007	14.843	32,8	30,8	28,5	25,7	22,4	19,2

Figura 2 – Detalhes da contribuição de cada tipo de ascendente para a genealogia do rebanho Nelore CFM até a 5ª geração (P – pais; GP – avós; GGP – bisavós; etc.)

Nota-se um decréscimo no registro de genealogias com o passar das gerações, da terceira geração em diante de 20 a pouco mais de 40% dos ancestrais são conhecidos. Tal fato colabora para estimação não exata de parâmetros de estrutura de população. Também é possível verificar na Tabela 3, que após o ano 2000 houve um decréscimo de registro de pais conhecidos (1ª geração).

Quando se visualiza a população como um todo na Figura 2, nota-se que na primeira geração, há uma grande diferença nos registros de pais (24,12%) e de mães (87,15%) conhecidos. Isso é o primeiro sinal do uso dos lotes de reprodutores múltiplos (RM's) em grande quantidade das fêmeas do rebanho.

O coeficiente de endogamia médio para a população estudada é 0,12%. Valor muito abaixo dos descritos na para a população Nelore e Nelore Mocho registrada junto à ABCZ, de 2,13% e 0,98%, respectivamente (FARIA et al. 2002a; FARIA et al. 2002b); e para a população Nelore Lemgruber, 3,02% relatado por Oliveira (2009).

É possível distribuir os indivíduos da população em níveis de endogamia por ano de nascimento. Na Tabela 4, pode-se visualizar a grande maioria dos indivíduos na classe 1, que corresponde a F entre 0 e 5%. Um único indivíduo nascido em 2000 apresentou F maior que 30%, seu F é igual ao coeficiente de endogamia máximo ($F_{\max}$) da população Nelore CFM de 31,4%, valor esse menor que o $F_{\max}$ de 37,5%, relatado por Oliveira (2009) no rebanho Nelore Lemgruber.

Outro fato observado na Tabela 4 é a diminuição do número de animais nas classes de $F > 5\%$. Isso pode estar acontecendo por dois motivos. Primeiro, os envolvidos no programa de melhoramento estarem atentos aos acasalamentos de forma a evitar aqueles que produzam progênie endogâmicas, mas um segundo fator pode ser a diminuição das informações dos ancestrais conhecidos como demonstrado na Tabela 3.

Porém ao analisar outro resultado (Tabela 5), vê-se que o número de animais endogâmicos tem aumentos e diminuições com o passar dos anos, ao mesmo tempo em que o coeficiente de endogamia médio é mantido baixo. Embora haja um aumento visível do número de animais endogâmicos a partir de 1998, a proporção de animais endogâmicos em relação a população total não ultrapassa 1%, diferente do observado por Faria et al. (2002a) na população Nelore registrada junto a ABCZ que no período estudado de 20 anos, essa relação passou de 10% para 73%.

Tabela 4 – Distribuição dos animais da população Nelore CFM em níveis de endogamia e ano de nascimento.

Ano de nascimento	Classes*						
	1	2	3	4	5	6	7
1995	13.996	72	32	-	6	3	-
1996	10.885	67	42	2	2	3	-
1997	9.923	108	83	1	10	5	-
1998	10.434	146	80	-	30	5	-
1999	12.780	194	87	-	57	11	-
2000	11.570	269	124	6	29	24	1
2001	13.576	120	42	1	4	3	-
2002	12.530	87	54	5	3	2	-
2003	16.685	67	24	2	-	-	-
2004	15.978	75	26	2	1	-	-
2005	15.425	89	19	-	1	-	-
2006	14.419	23	7	-	-	-	-
2007	14.737	85	18	1	2	-	-

* Classes: 1 = 0 – 5%; 2 = 6 – 10%; 3 = 11 – 15%; 4 = 16 – 20%; 5 = 21 – 25%; 6 = 26 – 30%; 7 = 31 – 35%.

Tabela 5 – Valores mínimo, máximo, média e desvio padrão (DP) para o coeficiente de endogamia (F) dos animais endogâmicos da população Nelore CFM por ano de nascimento.

Ano de nascimento	Nº de Animais Endogâmicos	F			
		Mínimo	Máximo	Média	DP
1995	1.140	0,0002	0,2656	0,0156	0,0325
1996	1.086	0,0001	0,2607	0,0175	0,0325
1997	1.742	0,0001	0,2578	0,0195	0,0369
1998	2.507	0,0002	0,2832	0,0188	0,0380
1999	3.437	0,0001	0,2849	0,0197	0,0413
2000	3.333	0,0001	0,3140	0,0231	0,0414
2001	3.316	0,0001	0,2578	0,0105	0,0227
2002	2.649	0,0001	0,2578	0,0134	0,0253
2003	3.679	0,0001	0,1691	0,0088	0,0156
2004	3.853	0,0001	0,2500	0,0101	0,0165
2005	3.867	0,0001	0,2500	0,0100	0,0157
2006	2.999	0,0001	0,1394	0,0086	0,0121
2007	3.578	0,0001	0,2500	0,0103	0,0167

Na Figura 3, observa-se a evolução no decorrer do tempo do número de animais endogâmicos que se mostra crescente (cerca de 200 animais por ano), e do coeficiente de endogamia dos animais endogâmicos (F_{end}) que apresenta um decréscimo ao longo dos anos estudados (cerca de 0,0009 por ano).

Figura 3 – Evolução do número de animais endogâmicos e do coeficiente de endogamia dos animais endogâmicos por ano de nascimento para a população Nelore CFM.

O coeficiente de parentesco médio (AR) para a população Nelore CFM é de 0,18%, apresentando comportamento semelhante ao do coeficiente de endogamia da população. O valor é considerado baixo conforme descrito por Gutiérrez et al. (2003) e está diretamente relacionado com a integralidade das informações do pedigree.

Com resultado dos coeficientes de endogamia, pode-se então proceder ao cálculo do tamanho efetivo populacional (N_e) baseado na taxa de endogamia (ΔF) conforme descrito por Falconer e Mackay (1996). O N_e é uma medida de diversidade genética dentro da população. Na Tabela 6, tem-se o tamanho efetivo populacional calculado por meio da taxa de endogamia por ano de nascimento dos animais.

Por esse método só é possível calcular o N_e se o coeficiente de endogamia da progênie for maior que o dos pais, isso explica o fato dos anos de 2003, 2006 e 2007 não possuírem valor para o parâmetro N_e . Os valores de N_e calculados através do ΔF , são relativamente grandes pois os níveis de endogamia são muito baixos e podem estar superestimados, já que a ausência de informações sobre as relações de parentesco, subestima a taxa de endogamia.

Tabela 6 – Tamanho efetivo populacional (N_e) calculado através da taxa de endogamia por ano de nascimento para a população Nelore CFM.

Ano de nascimento	F médio		ΔF	N_e
	Indivíduo	Pais		
1995	0,0013	0,0003	0,0010	500
1996	0,0017	0,0004	0,0013	385
1997	0,0033	0,0005	0,0028	179
1998	0,0044	0,0007	0,0037	135
1999	0,0052	0,0009	0,0043	116
2000	0,0064	0,0014	0,0050	100
2001	0,0025	0,0023	0,0002	2500
2002	0,0028	0,0025	0,0003	1667
2003	0,0019	0,0027	-0,0007	-
2004	0,0024	0,0023	0,0001	5000
2005	0,0025	0,0022	0,0003	1667
2006	0,0018	0,0022	-0,0003	-
2007	0,0025	0,0025	0,0000	-

Porém quando se compara com o tamanho efetivo populacional calculado pelo segundo método proposto por Falconer e Mackay (1996), que considera o número de pais e mães conhecidos (Tabela 7), vemos que para os mesmos anos, o N_e é bem menor, embora deva estar mais próximo do cenário real para a população em estudo. Isso porque o número que está aquém da realidade é o de pais, já que há grande utilização de lotes RMs na reprodução da população.

Mesmo com a ressalva dos valores de N_e serem reais ou não, eles são maiores que as recomendações existentes na literatura para se evitar o aumento da endogamia e se manter a variabilidade genética da população (NICHOLAS, 1980; GODDARD; SMITH, 1990; MEUWISSEN; WOOLLIANS, 1994). E são maiores que os valores encontrados para o rebanho Nelore registrado, 68 indivíduos (FARIA, 2002) e, para o rebanho Nelore Lemgruber, 40 indivíduos (OLIVEIRA, 2009).

Tabela 7 – Tamanho efetivo populacional por ano de nascimento dos indivíduos calculado via número de pais conhecidos da população Nelore CFM.

Ano de nascimento	Número de			N _e
	Indivíduos	Pais	Mães	
1995	14.109	112	13.389	444
1996	11.001	118	10.521	467
1997	10.130	146	9.817	575
1998	10.695	96	9.893	380
1999	13.129	125	12.614	495
2000	12.023	172	11.024	677
2001	13.746	179	13.177	706
2002	12.681	139	12.461	550
2003	16.778	145	16.548	575
2004	16.082	134	15.617	531
2005	15.534	93	14.804	370
2006	14.449	67	14.412	267
2007	14.843	289	14.772	1.134

Além do F e do N_e, é importante caracterizar a contribuição dos ancestrais e fundadores de uma população. Na Tabela 8, tem-se a distribuição dos indivíduos da população Nelore CFM de acordo com a identificação de sua ascendência.

A população referência é definida pelo número de animais que tem ambos os progenitores conhecidos. São 116.353 indivíduos que totalizam 24,05% do pedigree, sendo que o número de ascendentes desta população referência é 37.050. Este número é determinado segundo a metodologia de Boichard, Maignel e Verrier (1997), e são animais ascendentes, fundadores ou não, que explicam a variabilidade genética da população referência.

O número efetivo de ancestrais na população referência (f_a) é igual a 64, número menor que o relatado por Faria et al. (2002) na população Nelore registrada (98) e maior que o relatado por Oliveira (2009) na população Nelore Lemgruber (21).

Os animais fundadores são todos os animais que não possuem ambos os progenitores conhecidos e totalizam 31,59% do pedigree avaliado e o número efetivo de fundadores na população referência (f_e) é de 147 indivíduos. O f_e calculado para a população Nelore CFM é maior que os calculados para a

população Nelore registrada, 144 (FARIA et al., 2002b), e para a população Nelore Lemgruber, 25 (OLIVEIRA, 2009).

Tabela 8 – Números de animais distribuídos em classes conforme identificação de ascendência na população Nelore CFM.

Classes*	Nº de indivíduos	Porcentagem em relação ao total
1	116.353	24,05%
2	214.609	44,36%
3	152.786	31,59%
Total	483.748	100,00%

* Classe 1 = animais com ambos os progenitores conhecido; Classe 2 = animais com um dos progenitores desconhecido; Classe 3 = animais com ambos os progenitores desconhecidos.

O número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética da população é igual a 70. Na Tabela 9 pode-se acompanhar a contribuição individual e acumulada dos ancestrais mais influentes na população em estudo. Comparando com o trabalho de Faria et al. (2002a), notamos que a proporção do primeiro maior contribuinte deste estudo é menor (8,33%) que o do estudo dos autores citados (13,84%). Essa relação, também se repete ao compararmos a contribuição dos primeiros 50 ancestrais: 47,68% para a população Nelore CFM frente a 55,58% para a população Nelore registrada (FARIA et al, 2002a) e 58,73% para a população Nelore Lemgruber (OLIVEIRA, 2009). Isso implica que nas populações citadas menos ancestrais estão contribuindo para a sua variabilidade genética, quando comparada com a população Nelore CFM.

Coincidentemente, o ancestral com maior contribuição genética na população Nelore CFM é o reprodutor (Figura 4) que deixou maior número de filhos selecionados no programa de melhoramento. Tal fato não se repete com o segundo ancestral considerado na contribuição de genes para a população.

Nesse caso o indivíduo PO002376 não foi utilizado como reprodutor no rebanho, porém seus filhos e netos sim e esses possuíam a informação de pai conhecido. Assim chega-se ao ancestral e fundador PO002376 e calcula-se a sua contribuição genética com o rebanho.

Tabela 9 – Contribuição individual e acumulada de genes dos ancestrais mais influentes na população Nelore CFM.

Ancestrais considerados	Contribuição Individual (%)	Contribuição Acumulada (%)
1° (AR358287)	8,33	8,33
2° (PO002376)	6,46	14,79
3° (EL544693)	3,47	18,26
4° (PO398750)	2,04	20,30
5° (PO192370)	1,95	22,25
Primeiros 10 ancestrais	-	30,22
Primeiros 50 ancestrais	-	47,68

A variabilidade genética da população depende de quais e quantos reprodutores realmente estão contribuindo com seus genes. Dessa forma, nas Figuras 4 e 5 têm-se os 10 reprodutores machos e fêmeas, respectivamente, que contribuíram com o maior número de progênie selecionadas para pais das gerações subseqüentes na população Nelore CFM.

Figura 4 – Pais com maior número de progênie selecionadas na população Nelore CFM.

Figura 5 – Mães com maior número de progênie selecionadas na população Nelore CFM.

O intervalo de gerações pode ser apresentado de duas formas: na forma da idade média dos pais quando nascem os filhos que foram posteriormente utilizados como reprodutores (INT) ou na forma de idade média dos pais quando nascem os filhos, quer fiquem em reprodução ou não (AGE). Na Tabela 10 estão representados os intervalos nas quatro vias possíveis (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha) e o intervalo entre gerações total.

Os valores de AGE obtidos para a população Nelore CFM são menores que os descritos por Faria et al (2002a) para a população Nelore registrada e por Oliveira (2009) para a população Nelore Lemgruber.

Porém os mesmos valores para os passos genéticos pai-filho e pai-filha são muito maiores que os descritos por Razook et al. (1993) e Mercadante et al. (2004) para o rebanho Nelore selecionado da Estação Experimental de Sertãozinho. Os valores para os passos genéticos mãe-filho e mãe-filha são menores que o intervalo de gerações médio de 6,3 anos para vacas, descrito por Mercadante et al. (2004).

Os intervalos de gerações superiores para os passos genéticos pai-filho e pai-filha estão relacionados diretamente com a manutenção dos pais por mais tempo em reprodução, diferindo dos estudos realizados por Herron e Pattie (1977), Toll e Baker (1979) e Vassalo, Diaz e Garcia-Medina, em que as passagens de pai para filhos são menores que as das mães para filhos.

Tabela 10 – Intervalo de gerações (INTERV) em anos, DP (desvio-padrão) e EP (erro padrão) para os quatro passos genéticos do rebanho Nelore CFM.

Tipo	N	INTERV	DP	EP
INT Pai – Filho	1.378	9,2691	12,7759	0,3442
INT Pai – Filha	30.396	7,3048	5,7975	0,0333
INT Mãe - Filho	1.331	9,2970	13,0363	0,3573
INT Mãe - Filha	91.206	5,8321	3,2044	0,0127
INT médio total	124.311	6,2674	4,4697	0,0127
AGE Pai – Filho	59.602	7,4576	5,2998	0,0217
AGE Pai – Filha	57.047	7,4072	5,3829	0,0225
AGE Mãe – Filho	211.215	6,0221	3,2838	0,0071
AGE Mãe – Filha	210.278	5,9280	3,1553	0,0069
AGE médio total	538.142	6,2912	3,8298	0,0052

Quando se analisa, o intervalo de gerações (INT) nota-se que os machos demoram mais de 9 anos para serem substituídos por reprodutores jovens. Tal fato pode contribuir para um retardamento do progresso genético do programa de melhoramento da população em questão.

Nas Tabelas 11 e 12 têm-se o número equivalente de gerações e o número máximo de gerações calculados para a população Nelore CFM. Nota-se que no caso do número de gerações completas que é calculado com informação de ambos os ancestrais conhecidos, há um grande número de indivíduos pertencentes a geração zero pela ausência de informações no pedigree.

Tabela 11 – Distribuição dos indivíduos da população Nelore CFM de acordo com o número equivalente de gerações completas traçadas.

Geração completa	Número de indivíduos
0	367.395
1	71.509
2	33.432
3	20.710
4	701
5	1

Tabela 12 – Distribuição dos indivíduos da população Nelore CFM de acordo com o número máximo de gerações traçadas.

Geração máxima	Número de indivíduos
0	61.823
1	156.190
2	75.288
3	25.149
4	24.539
5	24.234
6	33.134
7	33.191
8	28.758
9	16.429
10	4.618
11	355
12	37
13	3

5.2. Avaliação do progresso genético dentro do programa de melhoramento do rebanho Nelore CFM.

Com o objetivo de quantificar a evolução do número de progênies nascidas do uso de lotes de reprodutores múltiplos (RM's), foi construído o gráfico exibido na Figura 6. Nessa figura visualiza-se um aumento do uso de lotes de RM's na reprodução do rebanho, chegando ao fato de se nascer atualmente no programa mais progênies de RM's, com pai desconhecido, do que progênies de pais com identificação conhecida (touro). Tal fato leva a diminuição da integralidade do pedigree, comprometimento nos parâmetros de estrutura genética populacional calculados e na acurácia dos valores genéticos preditos e, conseqüentemente menor progresso genético num programa de seleção.

Figura 6 – Evolução do número de progênies nascidas, progênies filhos de touros e progênies filhos de RM na população Nelore CFM.

Com o objetivo de estimar qual seria o progresso genético esperado para o programa de melhoramento do rebanho Nelore CFM, foi calculada a intensidade de seleção para machos e fêmeas, por meio da contagem do número de progênies nascidas em cada safra que foram utilizadas como reprodutores no programa em safras posteriores, conforme mostra a Tabela 13.

Tabela 13 – Número de progênie nascidas, número de progênie selecionadas, proporção de selecionados (p) e intensidade seletiva (i) distribuídos por sexo e por safra para o rebanho Nelore CFM.

Safra	Nº progênie nascidas		Nº progênie selecionadas		Proporção de selecionados (p)		Intensidade seletiva (i)	
	M	F	M	F	M	F	M	F
1998	4.882	4.741	203	2.719	0,0416	0,5735	2,6454	0,6844
1999	5.742	6.875	270	3.959	0,0470	0,5759	2,5520	0,6804
2000	5.610	5.326	335	3.272	0,0597	0,6143	2,5119	0,6226
2001	6.562	6.419	279	3.898	0,0425	0,6073	2,5872	0,6335
2002	6.435	6.137	306	3.346	0,0476	0,5452	2,5235	0,7272
2003	8.445	8.194	294	4.527	0,0348	0,5525	2,5852	0,7160
2004	7.970	7.994	219	4.470	0,0275	0,5592	2,5475	0,7055
2005	7.854	7.680	-	301*	-	0,0392**	-	-
2006	7.421	7.028	-	-	-	-	-	-
2007	7.555	7.287	-	-	-	-	-	-

Observação: Os animais nascidos de 2005 em diante ainda não aparecem como reprodutores utilizados no programa, exceto as fêmeas postas em reprodução aos 14 meses.

* Número de fêmeas que nasceram em 2005 e foram expostas ao macho aos 14 meses e pariram na safra 2007.

** Intensidade seletiva das fêmeas expostas ao macho aos 14 meses e pariram na safra 2007.

Com a intensidade seletiva (i) calculada, o intervalo de gerações (INT) calculado no estudo de estrutura genética da população, como mostrado na Tabela 13, o coeficiente de herdabilidade e desvio-padrão fenotípico para cada característica componente do Índice CFM (Tabela 2) pode-se calcular o progresso genético com a utilização da fórmula do ganho genético anual descrito na Figura 1. A média desses resultados, para cada característica, será o progresso genético esperado para o período estudado.

Na tabela 14, tem-se o progresso genético anual esperado para o período avaliado de 1998 a 2005, para as características peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), perímetro escrotal (PE) e musculatura (MUSC), componentes do Índice CFM.

Tabela 14 – Intensidade seletiva (i), intervalo de gerações médio (L), herdabilidade, desvio – padrão fenotípico e progresso genético anual esperado (ΔG_{ano} ESP) para as características componentes do Índice CFM no período de 1998 a 2005, para a população Nelore CFM.

Característica	i		L (anos)		h^2	σ_P	ΔG_{ano} ESP
	M	F	M	F			
PD (kg)	2,5647	0,6814	9,2828	6,2002	0,28	18,8457	1,11 kg/ano
GP345 (kg)	2,5647	0,6814	9,2828	6,2002	0,25	20,2067	1,06 kg/ano
PE (cm)	2,5647	0,6814	9,2828	6,2002	0,51	2,6458	0,28 cm/ano
MUSC (un)	2,5647	0,6814	9,2828	6,2002	0,24	0,7483	0,04 un/ano

Ao confrontar o progresso genético obtido na Tabela 15 com o progresso genético obtido através da regressão das médias dos valores genéticos observados ajustados para a base (animais nascidos no início do programa até o ano de 1997) sobre o ano de nascimento dos animais pode-se notar que o ganho genético realizado no programa de melhoramento, no período de 1997 a 2007, está próximo ou igual para as características PD e MUSC, acima para GPSOB e abaixo para PE.

Tabela 15 – Tendência genética (TEND GEN) e fenotípica (TEND FEN) observada de todas as progênes e progênes de pais conhecidos (TO), para as características componentes do Índice CFM e o próprio Índice no período de 1997 a 2007 para a população Nelore CFM.

Característica	TEND GEN	TEND GEN TO	TEND FEN	TEND FEN TO
PD (kg/ano)	1,0921	1,0343	0,1817	0,2542
GP345 (kg/ano)	1,2888	1,3238	0,0076	0,8041
PE (cm/ano)	0,1566	0,1541	0,2015	0,2886
MUSC (un/ano)	0,0402	0,0503	-0,0609	-0,0362
INDICE CFM (un/ano)	1,1543	1,1961	—	—

Porém neste método de regressão, ao considerar o ano 1997 (base) como ponto zero há uma superestimativa no coeficiente angular da linha de tendência,

elevando, portanto o ganho genético, porque a metodologia de análise genética considera grupos genéticos como um fator de ajuste para os grupos RM's.

Também na Tabela 15 é possível comparar o progresso genético e fenotípico de cada característica para todas as progênes nascidas e para as progênes de pais conhecidos (touro) em cada ano estudado. Observa-se uma diferença entre os grupos de progênes, onde as progênes de pais conhecidos têm um progresso um pouco maior comparado com todas as progênes, exceto na tendência genética para peso à desmama.

Nas Figuras de 7 a 11 estão apresentados os gráficos das tendências genéticas para todas as progênes e para as progênes de pais conhecidos (TO) para as características peso à desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano, perímetro escrotal, musculatura e índice CFM no período estudado de 1997 a 2007.

Figura 7 – Tendência genética observada para peso à desmama de todas as progênes (PD PROG) e das progênes de pais conhecidos (PD TO) nascidas no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 8 – Tendência genética observada para ganho de peso da desmama ao sobreano de todas as progênies (GP345 PROG) e das progênies de pais conhecidos (GP 345 TO) nascidas no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 9 – Tendência genética observada para perímetro escrotal de todas as progênies (PE PROG) e das progênies de pais conhecidos (PE TO) nascidas no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 10 – Tendência genética observada para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) nascidas no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 11 – Tendência genética para Índice CFM de todas as progênes (IND CFM PROG) e das progênes de pais conhecidos (IND CFM TO) para o período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Para comparar e verificar o efeito negativo da inclusão do ponto zero, considerando a base genética, foi traçada uma nova regressão excluindo o ponto relativo ao ano de 1997. Na Tabela 16, pode-se avaliar as tendências genéticas e fenotípicas para todas as características estudadas. Observa-se que os progressos genéticos obtidos são menores que os preditos para as características peso à desmama, perímetro escrotal e musculatura e maior para ganho de peso da desmama ao sobreano. E que para todas elas, quando consideramos somente as progênes de pais conhecidos o progresso genético é maior em relação a todas as progênes nascidas.

Tabela 16 – Tendência genética observada de todas as progênes (TEND GEN) e progênes de pais conhecidos (TEND GEN TO), para as características componentes do Índice CFM e o próprio Índice no período de 1998 a 2007 para a população Nelore CFM.

Característica	TEND GEN	TEND GEN TO
PD (kg/ano)	0,5095	0,8435
GP345 (kg/ano)	1,0277	1,1937
PE (cm/ano)	0,1071	0,1262
MUSC (un/ano)	0,0310	0,0453
INDICE CFM (un/ano)	0,8146	1,0524

Esta forma, sem adicionar o ponto “zero” referente à população base, é a que deve ser utilizada para mostrar o real progresso genético das características no programa de melhoramento genético. Nas Figuras 12 a 16 tem-se a apresentação gráfica desse progresso genético.

Figura 12 – Tendência genética observada para peso à desmama de todas as progênies (PD PROG) e das progênies de pais conhecidos (PD TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 13 – Tendência genética observada para ganho de peso da desmama ao sobreano de todas as progênies (GP345 PROG) e das progênies de pais conhecidos (GP345 TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 14 – Tendência genética observada para perímetro escrotal de todas as progênes (PE PROG) e das progênes de pais conhecidos (PE TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 15 – Tendência genética observada para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 16 – Tendência genética observada para Índice CFM de todas as progênes (IND CFM PROG) e das progênes de pais conhecidos (IND CFM TO) nascidas no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Pode-se notar nas figuras acima que a distância entre a tendência genética de todas as progênes e das progênes de pais conhecidos, para todas as características estudadas, aumenta coincidentemente com o aumento do número de progênes nascidas filhas de RM, observado na Figura 6.

Ao comparar os ganhos realizados com os trabalhos encontrado na literatura sobre o assunto os valores obtidos para todas as características no período de 1998 a 2007 para o rebanho Nelore CFM estão dentro dos valores de ganhos genéticos obtidos em outros rebanhos (FERRAZ FILHO et al., 2002; LIMA et al., 2005; OLIVEIRA, 2009) e no mesmo rebanho contemplando outros períodos de avaliação (VAN MELIS et al., 2001; SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009..., 2009).

Nas figuras (Figuras 17 a 20) que seguem estão apresentados os gráficos das tendências fenotípicas de todas as progênes e das progênes de pais conhecidos (TO) para as características peso à desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano, perímetro escrotal, musculatura e índice CFM no período estudado de 1997 a 2007.

Figura 17 – Tendência fenotípica para peso à desmama de todas as progênes (PD PROG) e das progênes de pais conhecidos (PD TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 18 – Tendência fenotípica para ganho de peso da desmama ao sobreano para todas as progênes (GP345 PROG) e das progênes de pais conhecidos (GP345 TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 19 – Tendência fenotípica para perímetro escrotal de todas as progênes (PE PROG) e das progênes de pais conhecidos (PE TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

Figura 20 – Tendência fenotípica para musculatura de todas as progênes (MUSC PROG) e das progênes de pais conhecidos (MUSC TO) no período de 1997 a 2007 para o rebanho Nelore CFM.

A tendência fenotípica para as características peso à desmama e ganho de peso da desmama ao sobreano é menor quando comparado com a tendência genética. Já para a característica musculatura, a tendência fenotípica é inversa a tendência genética, mostrando que o ambiente pode ter influenciado negativamente a expressão dessas características.

Com o intuito de investigar os motivos que levaram aos ganhos genéticos observados na população Nelore CFM serem menores que os ganhos genéticos preditos foram traçados gráficos (Figuras 21 a 20) com as DEP's (diferença esperada na progênie) dos reprodutores, touros e vacas, no período estudado de 1999 a 2005. Para os reprodutores machos, foi considerada a média aritmética das DEP's para cada ano e as médias ponderadas para o número de progênes.

Nota-se que para todas as características estudadas, peso à desmama, ganho de peso da desmama ao sobreano, perímetro escrotal, musculatura e Índice CFM, a evolução das DEP's dos reprodutores, touros e vacas, é crescente e positiva, conforme os objetivos de seleção propostos para o programa.

Figura 21 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para peso à desmama para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005.

Figura 22 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para ganho de peso da desmama ao sobreano para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005.

Figura 23 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para perímetro escrotal para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005.

Figura 24 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para musculatura para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005.

Figura 25 – Evolução das DEP's (diferença esperada na progênie) para Índice CFM para reprodutores do rebanho Nelore CFM no período de 1999 a 2005.

Com a evolução das diferenças esperadas na progênie (DEP's) para os reprodutores conhecidos seguindo os objetivos de seleção vem a pergunta, por quê o ganho genético observado é menor que o predito? Tal fato pode estar relacionado com o alto valor encontrado para intervalo entre gerações para a população estudada, porém também pode refletir o aumento da utilização dos lotes de reprodutores múltiplos (RM's). Isso se a DEP's dos animais utilizados nos lotes de RM's forem menores que a dos touros, já que o número de filhos desses RM's tem aumentado no programa.

Nas Figuras 26 a 30 comparam-se as DEP's médias de touros e de RM's, pais dos animais nascidos em cada ano estudado. Pode-se notar que as maiores diferenças estão nas características peso à desmama e musculatura.

Figura 26 – Evolução da diferença esperada na progênie para peso à desmama para os RM's (PD RM) e os pais conhecidos (PD TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM.

Figura 27 – Evolução da diferença esperada na progênie para ganho de peso da desmama ao sobreano para os RM's (GP345 RM) e os pais conhecidos (GP345 TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM.

Figura 28 – Evolução da diferença esperada na progênie para perímetro escrotal para os RM's (PE RM) e os pais conhecidos (PE TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM.

Figura 29 – Evolução da diferença esperada na progênie para musculatura para os RM's (MUSC RM) e os pais conhecidos (MUSC TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM.

Figura 30 – Evolução da diferença esperada na progênie para Índice CFM para os RM's (IND CFM RM) e os pais conhecidos (IND CFM TO) dos animais nascidos no período de 1999 a 2007 do rebanho Nelore CFM.

5. Conclusão

O coeficiente de endogamia (F) de 0,12% é baixo, podendo estar relacionado com as informações de parentesco disponíveis no pedigree da população. As informações de parentesco são escassas da segunda geração em diante. Somente 24,05% dos indivíduos do pedigree da população Nelore CFM possui ambos os pais conhecidos. O coeficiente de parentesco médio (AR) também é baixo, 018%, podendo, da mesma forma, estar subestimado.

O tamanho efetivo populacional tem se mantido dentro dos valores sugeridos para manutenção da variabilidade genética da população.

O intervalo de gerações é grande, principalmente quando se considera o tempo de substituição dos touros dentro do rebanho e pode estar refletindo negativamente no progresso genético do programa de melhoramento genético.

O progresso genético observado no rebanho no período de 1998 a 2007 é menor que o predito, embora tenha sido realizada a seleção efetiva nos reprodutores, machos e fêmeas. Tal fato pode sugerir que o aumento da utilização de lotes RM's como pais tenha contribuído negativamente para o progresso genético de rebanho.

6. Referências Bibliográficas

ALBUQUERQUE, L.G.; MERCADANTE, M.E.Z.; ELER, J.P. Recent studies on the genetic basis for selection of *Bos indicus* for beef production. In: WORKD CONGRES ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte/MG. **Proceedings...** Belo Horizonte: SBMA/EMBRAPA/UFMG, 2006.

ALCALÁ, A.M.; FRANGANILLO, A.R.; CÓRDOBA, M.V. Analisis genético de los niveles de consanguinidad em la raza Retinta. **Archive Zootecnica**, v. 44, p. 257-265, 1995.

ALFONSO, L. et al. The effects of selective breeding against scrapie susceptibility on the genetic variability of the Latxa Black-Faced sheep breed. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 38, p. 495-511, 2006.

ÁLVAREZ, I. et al. Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 111, p. 204 – 212, 2007.

BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J.A. Prediction of genetic contributions and generation intervals in populations with overlapping generations under selection. **Genetics**, Austin, v. 151, p. 1197 – 1210, 1999.

BOICHARD, D. PEDIG: A fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier, França. **Proceedings...** Montpellier: WCGALP, 2002.

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

BURROW, H.M. The effects of inbreeding in beef cattle. **Animal Breeding Abstracts**, Edinburgh, v. 61, p. 737 -751, 1993.

BURROW, H.M. The effects of inbreeding on productive and adaptive traits and temperamente of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 55, p. 227 – 243, 1998.

CARDOSO, V. et al. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em população Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 4, p. 834 – 842, 2003.

CERVANTES, I. et al. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 113, p. 24 – 33, 2008.

CUNHA, E.E. et al. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1297 – 1303, 2003.

CUNHA, E.E. et al. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v.58, p. 381 – 387, 2006.

DALTON, D.C.; BAKER, R.L. Selection experiments with beef cattle and sheep. In: CONFERENCE ON SELECTION EXPERIMENTS IN LABORATORY AND DOMESTIC ANIMALS, 1980, Farnham Royal, UK, **Proceedings...** Farnham Royal: CAB, 1980, p. 131 – 143.

DICKERSON, G.E. Experimental evaluation of selection theory in poultry. In: Genetics Today, Internacional Congress of Genetics, 11., Hague, Holand. **Proceedings...** p. 747 – 761, 1963.

DINKEL, C.A. et al. Effects of inbreeding on growth and conformation of beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 27, p. 313 – 322, 1968.

EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; FIGUEIREDO, G. Tendências genéticas na raça Guzerá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, 1997. p. 173.

EUCLIDES FILHO, K. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, p. 787 – 791, 2000.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quatitative Genetics**. 4 ed. New York: Longman. 1996, 464p.

FARIA, F.J.C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Sindi registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, p. 1989 – 1994, 2001.

FARIA, F.J.C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002. 177p. Tese (Doutorado) – Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2002.

FARIA, F.J.C. et al. Endogamia na Raça Nelore. In: SIMPÓSIO NELORE NATURAL, 6, 2002, Ribeirão Preto. **Anais...** Ribeirão Preto: ABCZ, 2002a.

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, 2002b.

FERRAZ, J.B.S.; JOHNSON, R.K. Animal model estimation of genetic parameters and response to selection for litter size and weight, growth, and backfat in closed seedstock populations of Large White and Landrace swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 71, p. 850 – 858, 1993.

FERRAZ FILHO, P.B. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos a desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 31, n. 2, p. 635 – 640, 2002.

FERREIRA, G.B.; VAN VLECK, D.V. Influência da consangüinidade e do efeito materno na estimativa de parâmetros genéticos em características produtivas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., Botucatu, 1998. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998, p. 535 – 537.

FISHER, R.A. **The genetical theory of natural selection**. Oxford, Reino Unido: Clarendon Press, 1930.

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

GONZÁLEZ-RECIO, O.; LÓPEZ DE MATURANA, E.; GUTIÉRREZ, J.P. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 5744 – 5752, 2007.

GOYACHE, F. et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 120, p. 95 – 103, 2003.

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

GUTIÉRREZ, J.P. et al. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 35, p. 43 – 64, 2003.

GUTIÉRREZ, J.P. e GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 122, p. 378 – 386, 2005.

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

JAMES, J.W. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. **Animal Production**, Bletchley, v. 24, p. 109 – 112, 1977.

KELLER, D.G.; BRINKS, J.S. Inbreeding by environment interactions for weaning weight in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 46, p. 48 – 53, 1978.

KOCH, R.M.; GREGORY, K.E.; CUNDIFF, L.V. Critical analysis of selection methods and experiments in beef cattle and consequences upon selection programs applied. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2., 1982, Madrid. **Proceedings...** Madrid: WCGALP, 1982, v. 5, p. 514 – 526.

LIMA, A.E.S. et al. Efeitos genéticos diretos e maternos e suas tendências em pesos a desmama de bovinos da raça Nelore Mocha, na região pecuária de Goiás. **Archives of Veterinary Science**, Curitiba, v. 10, n. 2, p. 69 – 74, 2005

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

MacCLUER, J.W. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**, Washington, v. 74, n. 6, p. 394 – 399, 1983.

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

MARQUES, L.F.A. et al. Efeitos da endogamia nos pesos pré-desmama da raça Simental no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998, p. 491 – 492.

Mc PARLAND, S. et al. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, p. 322 – 331, 2007.

Mc PARLAND, S. et al. Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 86, p. 3338 – 3347, 2008.

MERCADANTE, M.E.Z. et al. Níveis de endogamia de animais da raça Caracu da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: SBZ, 1997, p. 214 – 217.

MERCADANTE, M.E.Z. et al. **Programa de Seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. Boletim Científico, Campinas, n. 12, 2004.**

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

MRODE, R.A. Selection experiments in beef cattle. Part 1. A review of design and analysis. **Animal Breeding Abstracts**, Edinburgh, v. 56, p. 67 – 73, 1988.

NICHOLAS, F.W. Size of population required for artificial selection. **Genetics Research**, Cambridge, v. 35, p. 85 – 105, 1980.

NICHOLAS, F.W. **Introdução a genética veterinária**. Porto Alegre: Artes Médicas Sul, 1999. p. 243 – 252.

OLIVEIRA, P.S. **Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber**. 2009. 96 p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2009.

PENNA, V.M. et al. Evolução da endogamia em um rebanho Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 28., João Pessoa, 1991. **Anais...** João Pessoa: SBZ, 1991, p. 548.

PURGLY, J. GENEPLAN: Programa de Seleção Genética do Nelore CFM. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 1., 1996, Ribeirão Preto, SP. **Anais...** Viçosa, MG: SBMA, 1996. p. 164 – 166.

RAZOOK, A.G. et al. Intensidades de seleção e repostas direta e correlacionadas em 10 anos de progênes de bovinos das raças Nelore e Guzerá selecionadas para peso pós-desmame. **Boletim de Indústria Animal**, Nova Odessa, v. 50, n. 2, p. 147 – 163, 1993.

RENDEL, J.M.; ROBERTSON, A. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. **Journal of Genetics**, Bangalore, v. 50, p. 1 – 8, 1950.

ROYO, L.J. et al. Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 107, p. 162 – 169, 2007.

RUIZ-FLORES, A. et al. Levels and effects of inbreeding on growth and reproductive traits in Tropicarne and Brown Swiss cattle. **Agrociencia**, Montecillo, v. 40, p. 289 – 301, 2006.

SCHENKEL, F.S.; LaGIOIA, D.R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande: SBMA/EMBRAPA, 2002.

SHIMBO, M.V. et al. Efeito da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO PECUÁRIA 2000 – PERSPECTIVAS PARA O III MILÊNIO, 2000, Pirassununga, **Anais...** Pirassununga: FZEA/GMA, 2000.

SMITH, C. Rates of genetic change in farm livestock. **Research Development Agricultural**, v. 1, n. 2, p. 79 – 85, 1985.

SUMÁRIO DE TOUROS NELORE CFM 2009. **Agro-Pecuária CFM**, São José do Rio Preto: Agro-Pecuária CFM, 2009. 54 p.

TOOL, 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**, Victoria, v. 30, p. 767 – 777, 1979.

VALERA, M. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 95, p. 57 – 66, 2005.

VAN DER WERF, J. **Teoria da seleção e componentes de mudança genética**. In: KINGHORN, B.; VAN DER WERF, J.; RYAN, M. (Ed.) Melhoramento Animal: uso de novas tecnologias. Piracicaba: FEALQ, 2006. p. 39 – 58.

VAN MELIS, M.H.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Tendências genéticas para características produtivas e de avaliação visual em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 2001.

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**, Amsterdam, v. 15, p. 285 – 288, 1986.

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

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

ZOLLINGER, W.A.; NIELSEN, M.K. An evaluation of bias in estimated breeding values for weaning weight in Angus beef cattle field records. I. Estimates of within herd genetic trend. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 58, p. 545 – 549, 1984.

7. Apêndice

APENDICE A – Distribuição dos reprodutores por idade, por ano de nascimento de suas progênies.

Ano	Idade dos reprodutores															Média
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	>16	
1995	8	29	13	10	6	8	2	5	2	2	1	-	-	1	4	6,1
1996	5	38	21	11	12	3	8	3	4	-	3	1	-	1	1	5,1
1997	12	46	20	17	11	10	5	5	3	3	-	1	-	-	1	4,7
1998	10	20	21	11	11	5	3	4	2	1	2	-	-	-	1	5,0
1999	12	29	16	22	14	8	4	2	2	4	2	1	1	-	2	5,4
2000	11	52	27	15	21	10	12	3	2	2	4	2	2	1	4	5,5
2001	11	46	25	14	23	18	7	12	4	2	4	2	2	1	3	5,8
2002	13	33	10	18	14	7	11	8	6	1	1	3	2	2	2	6,0
2003	11	29	30	16	14	7	11	5	5	1	3	2	2	1	2	5,6
2004	7	32	23	15	10	9	5	7	6	3	4	1	2	1	2	5,8
2005	12	10	8	10	15	7	2	4	3	4	2	4	4	-	2	6,5
2006	9	2	2	11	13	5	4	4	3	3	2	4	1	-	2	7,0
2007	55	93	45	17	28	19	19	6	3	-	1	1	1	-	1	4,3

APENDICE B – Distribuição das matrizes por idade, por ano de nascimento de suas progênies.

Ano	Idade das matrizes															Média
	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	>16	
1995	1726	2865	2455	1678	944	738	761	607	428	571	268	145	85	19	31	5,3
1996	1295	1568	1753	1571	1160	583	493	581	428	327	407	167	94	46	34	5,7
1997	1071	1630	1421	1301	1188	919	515	366	414	326	232	243	96	50	20	5,7
1998	1761	1513	1653	1053	887	843	677	344	243	298	219	153	140	54	37	5,4
1999	1950	1749	2022	1399	1341	1156	849	679	374	262	297	221	141	104	59	5,6
2000	1496	1670	1762	1584	1084	733	689	599	480	260	162	190	143	76	78	5,6
2001	1926	2052	1694	1654	1398	1049	696	808	600	458	212	160	181	119	105	5,7
2002	1807	1946	1785	1212	1131	987	823	579	687	518	396	223	116	105	117	5,9
2003	2746	2918	2522	1644	1170	1184	944	746	650	675	494	357	191	109	154	5,7
2004	2671	2449	2145	1932	1227	898	896	795	654	496	527	373	259	127	147	5,8
2005	2438	2266	2181	1560	1471	1009	726	687	616	559	375	375	258	160	112	5,8
2006	3386	2400	1779	1359	1126	1161	694	520	474	437	350	211	205	125	124	5,3
2007	3006	2944	2360	1330	1135	911	861	557	401	343	295	223	142	129	132	5,2

APÊNDICE C - Número de progênes nascidas, número de progênes filhos de touros (pais conhecidos), número de touros utilizados como reprodutor, número de progênes filhos de RM's, número de grupos de RM's utilizados como reprodutor em cada safra no programa de melhoramento do rebanho Nelore CFM.

Safra	nº de prog. nascidas	nº de filhos de touros	nº de touros	nº de filhos de RM	nº de RM
1999	12617	7434	117	5038	95
2000	10936	7235	154	3622	80
2001	12981	6459	151	6281	133
2002	12572	5700	139	6730	115
2003	16639	6363	143	10163	135
2004	15964	6500	134	9261	131
2005	15534	6408	93	8693	115
2006	14449	4635	67	9179	412
2007	14843	4872	289	9608	116

APENDICE D - Número de progênes nascidas (N), média de DEP's para as características peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), perímetro escrotal (PE), musculatura (MUSC) e Índice CFM (Ind550) distribuídos de acordo com a safra de nascimento para o rebanho Nelore CFM.

Safra	N	PD	GP345	PE	MUSC	Ind550
1999	12617	3,610	3,210	0,470	0,090	3,125
2000	10936	3,920	3,190	0,490	0,100	3,276
2001	12981	3,720	3,230	0,520	0,080	3,151
2002	12572	3,370	3,790	0,540	0,100	3,415
2003	16639	3,010	3,980	0,470	0,100	3,341
2004	15964	3,220	3,930	0,500	0,120	3,519
2005	15534	3,210	4,210	0,500	0,118	3,601
2006	14449	3,900	4,660	0,590	0,152	4,229
2007	14842	5,140	4,260	0,580	0,160	4,366

APENDICE E - Número de progênie nascidas (N), média de DEP's para as características peso à desmama (PD), ganho de peso da desmama ao sobreano (GP345), perímetro escrotal (PE), musculatura (MUSC) e Índice CFM (Ind550) separados por sexo da progênie distribuídos de acordo com a safra de nascimento para o rebanho Nelore CFM.

Safra	N / sexo		PD		GP345		PE		MUSC		Ind550	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
1999	5742	6875	3,79	3,46	3,38	3,07	0,5	0,45	0,1	0,09	3,304	2,975
2000	5610	5326	3,97	3,87	3,23	3,14	0,5	0,48	0,110	0,100	3,320	3,230
2001	6562	6419	3,71	3,72	3,25	3,21	0,52	0,51	0,08	0,08	3,167	3,134
2002	6435	6137	3,34	3,40	1,59	1,62	0,53	0,54	0,100	0,100	3,387	3,445
2003	8445	8194	3,01	3,01	3,97	3,99	0,47	0,47	0,100	0,100	3,339	3,343
2004	7970	7994	3,21	3,23	3,9	3,97	0,5	0,5	0,120	0,120	3,499	3,539
2005	7854	7680	3,22	3,21	4,21	4,2	0,5	0,49	0,118	0,118	3,613	3,588
2006	7421	7028	3,9	3,9	4,65	4,68	0,59	0,59	0,151	0,157	4,215	4,244
2007	7555	7287	4,92	5,37	4,1	4,44	0,54	0,62	0,157	0,163	4,188	4,500