

UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE ARAGUAÍNA
COORDENAÇÃO DO CURSO DE ZOOTECNIA

JONAS COSTA DOTTA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE
CRIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA**

ARAGUAÍNA
2015

JONAS COSTA DOTTA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE
CRIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA**

Monografia apresentada ao curso de Zootecnia da
Universidade Federal do Tocantins, para obtenção de
grau de Bacharel em Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. Alencariano José da Silva Falcão
Coorientação: Prof. Dra. Ana Carolina Müller Conti

Araguaína
2015

Dados Internacionais de Catalogação

Biblioteca UFT - EMZV

D725e Dotta, Jonas Costa

Estrutura populacional e depressão endogâmica em características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados no bioma Amazônia. / Jonas Costa Dotta. -- Araguaína: [s.n.], 2015.

47 f.

Orientador: Prof. Dr. Alencariano José da Silva Falcão.

Co-orientador: Profa. Dra. Ana Carolina Müller Conti

Monografia (Graduação Zootecnia) - Universidade Federal do Tocantins, 2015.

1. Zootecnia. 2. Endogamia. 3. Nelore. 4. Bioma Amazônia. I. Título

CDD 636



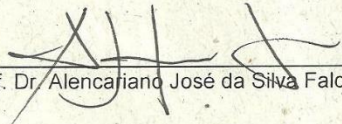
UNIVERSIDADE FEDERAL DO TOCANTINS
CAMPUS UNIVERSITÁRIO DE ARAGUAÍNA
ESCOLA DE MEDICINA VETERINÁRIA E ZOOTECNIA
COLEGIADO DE ZOOTECNIA
COORDENAÇÃO DE TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

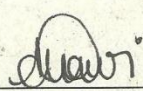


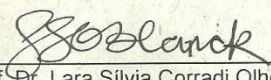
ATA DE DEFESA DO TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

Aos 10 dia(s) do mês de setembro de 2015 realizou-se a Defesa do Trabalho de Conclusão de Curso do acadêmico Jonas Costa Dotta, matrícula nº. 2011110430 do Curso de Zootecnia da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal do Tocantins, intitulado ESTRUTURA POPULACIONAL E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE CRIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA realizado sob a orientação do Professor orientador Alencariano José da Silva Falcão e tendo como banca avaliadora, os professores Ana Carolina Müller Conti e Lara Sílvia Corradi Olhê Blanck.

Atribuíram a média final 10,0 dez (.....) pelo trabalho, tendo sido considerado aprovado..... Nada mais tendo a constar, assinam esta Ata o professor orientador e os demais componentes da banca.


Prof. Dr. Alencariano José da Silva Falcão


Prof. Dr. Ana Carolina Müller Conti


Prof. Dr. Lara Sílvia Corradi Olhê Blanck

Coordenação de Trabalho de Conclusão de Curso / EMVZ / UFT
Rodovia BR 153, Km 112, Caixa Postal 132, CEP: 77804-970, Araguaína/TO.
Fone: (63) 2112-2151

Aos meus pais, exemplos de vida,
perseverança e união. Meu porto seguro,
fonte de apoio e incentivadores
incondicionais.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade de conviver esses momentos únicos ao lado das pessoas que me acompanharam nessa jornada de quase cinco anos. Pelos sonhos realizados. Pelos momentos de alegrias. Pela superação dos momentos difíceis.

Aos meus pais, Armino e Vilma, pelo apoio essencial ao longo desses anos, pelos conselhos, pela confiança depositada, por sempre estarem prontos e dispostos a ajudar no que fosse necessário.

Ao meu irmão, Gabriel, pela compreensão, em muitos momentos. Pelas conversas, piadas e momentos de 'amor-e-ódio' vivido por irmãos. Além da ajuda computacional necessária.

A Universidade Federal do Tocantins, por proporcionar a oportunidade de crescimento acadêmico, profissional e como pessoa.

Ao professor Dr. Alencariano José da S. Falcão, pela orientação essencial para o desenvolvimento dessa pesquisa. Pela paciência, confiança, dedicação e amizade ao longo desse tempo. Seus ensinamentos serão levados para a vida.

A professora Dr.^a Ana Carolina Müller Conti, pela ajuda e contribuição, pelos conselhos e ensinamentos.

A Prof.^a Dr.^a Lara Sílvia Corradi O. Blanck, pela participação na banca examinadora.

Ao corpo docente dessa instituição que me acompanharam desde o primeiro período e que direta ou indiretamente contribuíram para esse momento.

Aos funcionários dessa instituição que direta ou indiretamente contribuíram para este trabalho.

Aos amigos conquistados ao longo desses anos e que serão levados para a vida, de modo especial a Alíria, Ana Carla e Higor Patrick, pelos momentos únicos ao lado de vocês. A todos os demais amigos que fizeram parte da minha vida.

A Hildivane, pelo carinho e amor dedicado ao longo desses anos e pelos momentos de compreensão necessários para esse momento.

A minha família em geral, que me apoiaram nesses anos, e torceram por esse momento.

Ao Ms. Mário Henrique M. A. da Silva, Dr. Paulo L. S. Carneiro, aos demais da Universidade Estadual da Bahia e ao Dr. Mario L. Santana Jr., pela ajuda e ensinamentos no uso de programas essenciais para este trabalho.

A Associação Brasileira dos Criadores de Zebu, pela disponibilização do banco de dados dos animais estudados.

Pesquisa desenvolvida com o auxílio do CENAPAD-SP.

Que os vossos esforços desafiem as
impossibilidades, lembrai-vos de que
as grandes coisas do homem foram
conquistadas do que parecia
impossível.

Charles Chaplin

RESUMO

Este trabalho teve como objetivo investigar a diversidade genética, a estrutura populacional, além dos efeitos da endogamia sobre característica de crescimento da raça nelore criados no bioma Amazônia. O banco de dados usado para as análises continha registro de 1.402.287 animais, nascidos entre os anos de 1950 a 2012. A estrutura da população e sua diversidade genética foram investigados através de parâmetros estimados com as informações e os registros de pedigree disponibilizados pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu. A inferência sobre os efeitos da endogamia foi realizada por comparação de modelos usando a metodologia Bayesiana, o Critério de Informação de Deviance (DIC) foi a estatística de teste utilizada. A integralidade do *pedigree* foi de 73,75%; 32,89%; e 11,69%, na primeira, segunda e terceira geração, respectivamente. O número efetivo de fundadores e de ancestrais, na população referência, foi 639 e 617, respectivamente. Foi assumido um efeito “gargalo” praticamente nulo, cuja estimativa foi de 1,04. Um contingente de 829 animais, fundadores ou não, explicou 50% da variabilidade genética da população. O intervalo de geração médio, 7,46 anos, pode ser considerado alto. O coeficiente médio de endogamia, entre os 18.647 animais endogâmicos, foi de 8,74%, sendo maior na segunda geração em estudo. O tamanho efetivo da população variou entre 16,15 e 1.810,8 animais ao longo dos períodos avaliados. As estimativas dos pesos a desmama, ao ano e ao sobreano foram de 178,4 Kg, 233 Kg e 292,14 Kg, respectivamente. A comparação entre os modelos com ou sem endogamia possibilitou concluir que a inclusão desse efeito explica melhor a variação das características estudadas. Assim é importante monitorar os acasalamentos afim de evitar que a endogamia possa diminuir o desempenho dos rebanhos.

Palavras-chaves: Estrutura populacional; endogamia; Intervalo de geração; tamanho efetivo da população; características de crescimento.

ABSTRACT

This study aimed to investigate the genetic diversity, population structure, addition to the effects of inbreeding on the growth characteristics of the breed Nelore created in the Amazon biome. The database used for analyzes contained records of 1,402,287 animals born between the years 1950-2012. The population structure and genetic diversity were investigated by estimated parameters with the information and pedigree records made available by the Brazilian Association of Zebu creators. Inferences about the effects of inbreeding were carried out by comparing models using Bayesian methodology, the Deviance Information Criterion (DIC) was the test statistic used. The completeness of the pedigree was 73.75%; 32.89%; and 11.69% in the first, second and third generation respectively. The effective number of founders and ancestors, the reference population, was 639 and 617, respectively. Assuming an effect "bottleneck", virtually nil, estimated at 1.04. A contingent of 829 animals, founders or not, explained 50% of the genetic variability of the population. The mean generation interval, 7.46 years, can be considered high. The average coefficient of inbreeding among the 18,647 inbred animals was 8.74%, being higher in the second generation in the study. The effective population size ranged between 16.15 and 1810.8 animals over the evaluated periods. Estimates of weights at weaning, a year and to yearling were 178.4 kg, 233 kg and 292.14 kg respectively. The comparison between models with or without inbreeding allowed the conclusion that the inclusion of this effect explains better the variation of the studied traits. Therefore, it is important to monitor the mating to prevent that an increase in inbreeding can result in decreased performance of the herds.

Keywords: Population structure; inbreeding; generation interval; effective population size; growth characteristics.

LISTA DE ILUSTRAÇÃO

- Figura 1. Integralidade do *pedigree* nas 5 primeiras gerações do gado Nelore criado no bioma Amazônia.....27
- Figura 2. Estrutura do *pedigree* pela linha paterna e materna do gado Nelore criado no bioma Amazônia.....27
- Figura 3. Quantidade de animais endogâmicos e coeficiente médio de endogamia (F), por ano, da raça Nelore criado no bioma Amazônia36
- Figura 4. Tamanho efetivo da população (N_e) e coeficiente médio de endogamia (F), por ano, de bovinos Nelores criados no bioma Amazônia39

LISTA DE TABELA

| | |
|---|----|
| Tabela 1. Aspectos gerais da população | 26 |
| Tabela 2. Parâmetros populacionais da raça Nelore criados no bioma Amazônia.... | 28 |
| Tabela 3. Descrição dos 10 principais ancestrais (fundadores ou não) que explicam a variabilidade genética da população da raça Nelore em bioma Amazônia | 30 |
| Tabela 4. Intervalo médio de geração (IG) das quatro passagens gaméticas para bovinos Nelore criados no bioma Amazônia | 31 |
| Tabela 5. Descrição dos animais estudados da raça Nelore criados no bioma Amazônia quanto ao coeficiente médio de endogamia (F) | 32 |
| Tabela 6. Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada..... | 33 |
| Tabela 7. Coeficiente médio de endogamia (F) na população, porcentagem de indivíduos endogâmicos (%), média do coeficiente médio de endogamia para animais endogâmicos (%), coeficiente de parentesco médio (R) por geração máxima de Nelores criados no bioma Amazônia | 34 |
| Tabela 8. Número de reprodutores (Touros/Vacas), média de filhos por reprodutor por ano (Filhos/touro, Filhos/vaca) e tamanho efetivo da população (N_e), por períodos, de bovinos Nelore criados em bioma Amazônia..... | 38 |
| Tabela 9. Descrição dos animais estudados referente ao peso a desmama (P250), peso ao ano (P365) e peso ao sobreano (P550)..... | 40 |
| Tabela 10. Valores do Critério de Informação da Deviance (DIC) para os modelos com endogamia e sem endogamia | 41 |

LISTA DE ABREVIATURAS

| | |
|------------|---|
| ΔF | Aumento no coeficiente de endogamia individual; |
| σ | Desvio padrão; |
| ABCZ | Associação Brasileira dos Criadores de Zebu; |
| F | Coeficiente de endogamia individual; |
| f_a | Número efetivo de ancestrais; |
| f_e | Número efetivo de fundadores; |
| GC | Grupo de contemporâneo; |
| I | Integralidade do pedigree; |
| IG | Intervalo de Geração; |
| N_e | Tamanho efetivo da população; |
| P_{205} | Peso à desmama, ajustado aos 205 dias; |
| P_{365} | Peso ao ano, ajustado aos 365 dias; |
| P_{550} | Peso ao sobre ano, ajustado aos 550 dias; e |
| \bar{R} | Coeficiente de parentesco médio; |

SUMÁRIO

| | |
|--|----|
| 1 Introdução | 12 |
| 2 Revisão da literatura | 14 |
| 2.1 Endogamia e coeficiente de endogamia | 14 |
| 2.2 Parâmetros populacionais..... | 16 |
| 2.3 Inferência bayesiana | 19 |
| 3 Materiais e métodos | 21 |
| 3.1 Edição dos dados..... | 21 |
| 3.2 Estrutura populacional | 22 |
| 3.3 Depressão endogâmica | 24 |
| 4 Resultados e discussão..... | 26 |
| 5 Conclusão | 43 |
| Referências | 44 |

1 INTRODUÇÃO

Na atual conjuntura econômica do país, temos que a agricultura e a pecuária são os seguimentos de suma importância para o Brasil. No ano de 2014, o Produto Interno Bruto brasileiro chegou a 5,521 trilhões de reais (IBGE, 2015), sendo que a agropecuária correspondeu por aproximadamente R\$ 262 bilhões desse total.

Segundo estimativas do Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada (CEPEA/USP, 2014) esse valor pode chegar em R\$ 1,1 trilhões quando leve-se em consideração o agronegócio brasileiro, que engloba a participação do setor da agropecuária, como também os da agroindústria e prestação de serviços voltados para o campo, desse total aproximadamente 32%, R\$ 378,3 bilhões, foram de responsabilidade da pecuária.

O rebanho da bovinocultura de corte brasileira é constituído, pela sua maioria, de animais das raças zebuínas (*Bos taurus indicus*) com grande participação da raça Nelore e/ou animais com alta mestiçagem com tal raça, anelorados.

As raças oriundas do subgrupo *indicus* são animais de alta rusticidade e fácil adaptabilidade em diversas regiões, principalmente em climas tropicais, explicando assim a grande disseminação da raça Nelore na pecuária nacional. Entretanto, esses animais são limitados quanto a características de produção, quando comparados as raças taurinas (*Bos taurus taurus*).

Buscando o aprimoramento das raças zebuínas, os programas de melhoramento tendem a selecionar e fazer uso dos melhores animais dentro da própria raça, como também o cruzamento entre as subespécies zebuínas e taurinas, visando aumentar a produtividade, sem perder a rusticidade, algo essencial para a produção brasileira.

A diversidade genética em uma população é importante para a sua conservação, visto que a perda de tal diversidade reduz a capacidade das populações se adaptarem a mudanças ambientais. Dessa forma, uma população com extensa variabilidade genética tem mais chance de manter-se adaptada, ao menos alguns indivíduos, em caso de mudanças ambientais severas. Entende-se como alteração ambiental não apenas mudanças climáticas, secas ou chuvas intensas por exemplo, mas também como o ataque de endo e ectoparasitas ou qualquer outra situação que retire o animal da sua zona de conforto. Havendo diversidade genética na população,

existe a possibilidade de selecionar os indivíduos que apresentem maior adaptabilidade e produção.

Sendo assim, a diversidade genética é uma condição necessária para o melhoramento genético de características de indicadores de qualidade, resistência a doenças, ou no aumento da produtividade na pecuária (REIST-MARTI et al., 2003).

Objetivou-se neste trabalho investigar a diversidade genética e a estrutura populacional, como também, avaliar os efeitos da endogamia sobre características de crescimento de animais da raça Nelore criados no Bioma Amazônia.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 Endogamia e Coeficiente de endogamia

Nas últimas décadas, os métodos propostos para aumentar a acurácia de predição dos valores genéticos, por um lado, resultaram em elevada taxa de ganho genético, mas também elevaram as taxas de endogamia por geração. Do ponto de vista da conservação dos recursos genéticos animal, esta é uma situação preocupante, pois, como está amplamente relatado na literatura (CAROLINO; GAM, 2008; FALCÃO et al., 2001; THOMPSON; EVERETT; HAMMERSCHMIDT, 2000) a endogamia reduz as características associadas a fertilidade e a adaptação dos animais.

Falconer e Mackay (1996) definem a endogamia como sendo o acasalamento de indivíduos que são relacionados por ascendência. Lush (1945) contextualiza endogamia como um sistema de acasalamento que consiste na união de indivíduos cujo o grau de parentesco médio entre si é maior do que o grau de parentesco médio existente na população considerada.

Indivíduos aparentados têm um ou mais ancestrais em comum pelos pais do indivíduo endogâmico (CROW; KIMURA, 1970). Esse tipo de acasalamento é capaz de alterar a constituição genética da população e foi usada, de forma eficaz, com a seleção nos primeiros criatórios de animais domésticos com o intuito de estabelecer populações que serviriam de base para o melhoramento animal (FALCÃO et al., 2001).

O acasalamento de indivíduos com certo grau de parentesco tem como efeito primário provocar o aumento de pares de genes em homozigose, diminuindo assim a incidência de pares de genes em heterozigose, o que favorece a manifestação de genes em homozigose recessiva, geralmente relacionados à alguma degeneração na média do mérito genético individual (FALCÃO et al., 2001).

Já é preconizado pela literatura que a endogamia tende a reduzir as taxas de crescimento do animal além de afetar, de maneira adversa, o desempenho reprodutivo. Oliveira et. al. (2011) reportam que, mesmo tento fatores negativos em características produtivas e/ou reprodutivas como também para o ganho genético em programas de seleção, a endogamia é utilizada com a finalidade de produzir proles

semelhantes aos pais, uma vez que esses possuem menos variações em seus gametas.

O conhecimento da diversidade genética de uma dada população é a base para o sucesso em programas de seleção e conservação de recursos genéticos. Segundo Falconer; Mackay (1996) a redução da diversidade genética em certas populações, está associada a várias circunstâncias adversas, entre elas a depressão endogâmica, que pode ser quantificada como sendo a redução na média do valor fenotípico de uma característica, principalmente as relacionadas com fatores reprodutivos e fisiológicos, além do aumento da instabilidade na resposta à seleção.

Segundo Wright (1922 apud FALCONER; MACKAY, 1996, p. 49) o coeficiente de endogamia é a correlação entre os gametas que se unem. Já para Falconer (1987), tal coeficiente é a probabilidade de dois alelos, em qualquer loco, serem idênticos por descendência.

As primeiras metodologias para estimar tal coeficiente, consistiam em delimitar a amostragem dos animais na população em estudo e procurar os ancestrais em comum. Atualmente usa-se recursos de algoritmos computacionais, permitindo estimar, de maneira mais eficaz, a endogamia de grandes conjuntos de dados (BOLDMAN et al., 1995; MEUWISSEN; LUO, 1992).

Pode-se considerar que o crescimento é uma das mais importantes formas de produção animal, pois está diretamente relacionado a reprodução, lactação e a engorda, diversos estudos com diferentes raças mostram que a endogamia tende a reduzir as taxas de crescimento, afetando no desempenho do animal (FALCÃO et al., 2001; QUEIROZ; ALBUQUERQUE; LANZONI, 2000).

Shimbo et al. (2000) observaram que os níveis da endogamia individual, em um rebanho da raça Nelore, afetaram negativamente todas as características estudadas, peso ao desmame, peso ao sobreano, ganho de peso da desmama ao sobreano e peso ao nascimento. Os autores estimaram que o aumento de 1% do coeficiente de endogamia diminuiu 0,30 Kg no peso a desmama, sendo que o efeito da endogamia sobre o peso ao nascimento apresentou comportamento quadrático negativo com coeficientes angular de 0,065 (linear) e -0,005 (quadrático). Falcão et al. (2001) reportaram uma redução no mérito genético individual para o peso ao nascer de bovinos da raça Pardo Suíço decorrente da endogamia direta, possivelmente, devido à redução na variância genética aditiva.

Carrillo; Siewerdt (2010) quantificaram os efeitos da endogamia direta e materna sobre características pré-desmama em um rebanho fechado da raça Angus. Foram observaram depressão devido à endogamia sobre o peso ao nascimento como também no peso a desmama e ganho de peso, os autores reportaram que o ganho genético obtido para o peso ao nascimento, o peso a desmama e o ganho de peso se anulariam com endogamia acumulada de 0,187, 0,056 e 0,065 respectivamente.

2.2 Parâmetros populacionais

O estudo do progresso genético ligado ao da estrutura populacional tem por objetivo traçar o histórico do melhoramento da raça como também auxiliar nas decisões que permitam obter maiores ganhos genéticos (CARNEIRO et al., 2009).

No estudo genético das populações, diversas ferramentas podem ser usadas para avaliar a diversidade genética para fins de conservação, entre elas o tamanho efetivo da população (N_e), cujo conceito foi desenvolvido por Wright (1931) . O tamanho efetivo da população pode ser definido como o número de indivíduos, em uma população idealizada, que se acasalam, e contribuem para a consanguinidade ou a taxa da endogamia apropriada da próxima geração (FALCONER; MACKAY, 1996). Tal população ideal leva em consideração alguns pressupostos detalhados pelos próprios autores, como: a exclusão da migração, seleção e/ou mutação; as gerações não se sobrepõem; a quantidade de indivíduos que se acasalam, em cada geração é a mesma; os acasalamentos ocorrem ao acaso sendo permitido a autofecundação.

Diversas metodologias para o cálculo do tamanho efetivo da população têm sido criadas, levando em consideração a população ideal, porém, com algumas variações nos pressupostos (FALCONER; MACKAY, 1996; LEROY et al., 2013).

O tamanho efetivo da população pode ser estimado pela variação do coeficiente de endogamia (MUNIZ et al., 2012). De tal modo que o N_e é inversamente proporcional a taxa de endogamia média da população em estudo (PAIVA, 2010).

Diferentes metodologias para o cálculo do N_e foram comparadas por Leroy et. al (2013) mostrando que os indicadores do tamanho efetivo da população pode seguir diferentes tendências, dependendo da espécie em estudo como também da estrutura genética da raça. Os autores sugeriram novas pesquisas para aperfeiçoar os métodos.

Segundo Paiva (2010), alterações no tamanho efetivo da população podem ocorrer quando altera-se a proporção de machos e fêmeas no rebanho, ou seja, quando reprodutores são acasalados com várias fêmeas ocorre a redução no tamanho efetivo da população proporcionalmente ao aumento na relação fêmea-macho.

A estimativa da contribuição dos fundadores poderia ser medida pelo número de fundadores que contribuíram para a produção da mesma variabilidade genética esperada na população estudada, denominada como número efetivo de fundadores (f_e) (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997). Levando em conta que, quando maior o número de fundadores, maior será a variabilidade genética da população atual.

Tal índice ignora potenciais gargalos no pedigree, podendo, em determinadas situações, levar a superestimativa do f_e (MEDEIROS, 2011), para superar tais limitações Boichard; Maignel; Verrier. (1997) propusessem o cálculo do número efetivo de ancestrais (f_a) que representa o número mínimo de indivíduos, fundadores ou não, necessários para explicar a diversidade genética da população em estudo.

O intervalo de geração também é levado em conta nos parâmetros populacionais, podendo ser definido como a idade média dos pais ao nascimento de sua progênie. Oliveira (2010) define como sendo o tempo médio em que são transmitidos os genes dos pais para os filhos, segundo o autor, o intervalo de geração é calculado em quatro passos genéticos, pai-filho; pai-filha; mãe-filho; mãe-filha, de modo separado, sendo levado em consideração a média da idade do progenitor quando ocorre o nascimentos da primeira à última progênie.

O intervalo de geração tem grande importância em estudos de parâmetros populacionais e em programas de melhoramento genético, pois a redução dessa característica possibilita obter maiores ganhos genéticos (FARIA et al., 2001).

Para o estudo que visa avaliar os parâmetros genéticos e populacionais de certa população, tais como o tamanho efetivo da população, a diversidade genética, a taxa de endogamia do rebanho, entre outras características imprescindíveis, é de fundamental importância a utilização de pedigree dos rebanhos, tendo em vista, entre outros fatores, a vantagem do baixo custo operacional além da facilidade de acesso, quando confrontadas com outras metodologias trabalhosas como o uso de marcadores moleculares (FARIA et al., 2001; MALHADO et al., 2009; VERCESI FILHO et al., 2002).

Ao analisarem a diversidade genética da população de bovinos da raça Hereford, nascidos entre os anos de 1900 a 2001, Cleveland et al. (2005) observaram o tamanho efetivo da população como sendo 85, sendo que no ano de 2001 a endogamia média da população estabilizou-se em 9,8%, com aproximadamente 95% dos animais endogâmicos.

Avaliando o histórico do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordestino, Malhado et al. (2009) afirmam que o reduzido número de ancestrais na população estudada, resultou em baixa da variabilidade genética nas características de crescimento.

Oliveira et al. (2011) estudando a estrutura populacional de um rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lengruher nascidos entre 1951 e 2007, utilizando o pedigree de 17.646 animais, concluíram que o número de ancestrais com contribuição na população referência foi de 2.380 animais, sendo que apenas sete explicam 50% da variabilidade genética do grupo, o número efetivo de fundadores encontrados foi de 25 e de 21 quando analisados o número de ancestrais na população. Na população estudada, aproximadamente 62% dos animais eram endogâmicos, com coeficiente médio de endogamia de 4,89%. Os autores concluíram que o aumento contínuo da endogamia reduz a variabilidade genética do rebanho.

Amaral et. al (2011), estudando os parâmetros populacionais do rebanho Nelore mocho no Nordeste brasileiro, utilizando registros genealógicos de 45.785 animais, nascidos entre os anos de 1960 e 2009, observaram aumento no tamanho efetivo da população nos últimos anos do estudo, chegando ao maior valor entre 1992-1998 com 338 animais, havendo contribuição para o menor incremento de endogamia no rebanho. Os autores salientam que, para continuar havendo progresso genético é de suma importância que se reduza o intervalo de geração, aumente o tamanho efetivo da população e o controle dos acasalamentos que possam gerar animais endogâmicos.

Analisando registros de 2.558 animais da raça Gir mocha, nascidos entre 1954 e 2005, na região Nordeste do Brasil, Muniz et. al (2012) observaram que o intervalo de geração médio foi de 7,54 anos, considerado alto pelos autores, e frisam que isso pode resultar em diminuição do ganho genético anual. Já o tamanho efetivo da população chegou a 20 animais no último período estudado, sendo menor que os apresentados em rebanhos de conservação, sendo sugerido pelos autores medidas de conservação e expansão dos rebanhos.

O tamanho efetivo da população como também o número efetivo de fundadores e ancestrais, 188; 551; 393 respectivamente, encontram-se acima dos níveis críticos no rebanho da raça Girolando no Brasil, nascidos entre 1979 e 2008, segundo pesquisa realizada por Canaza-Cayo et. al (2014), com pedigree de 26.969 animais. Segundo os autores esse resultado mostra que as práticas de acasalamento para evitar a endogamia e garantir a variabilidade genética foram adequadas e aconselham a manter o monitoramento dos parâmetros populacionais a fim de prevenir problemas futuros.

2.3 Inferência bayesiana

A inferência estatística bayesiana sobre determinado vetor de parâmetros θ baseia-se em proposições probabilísticas condicionais a valores observados y , escritas como a distribuição a posteriori de θ , podendo ser escrita como, $p(\theta | y)$ (GELMAN et al., 2013).

Para obter-se a distribuição a posteriori de θ , há a necessidade de iniciar com um modelo que forneça a distribuição de probabilidade conjunta de θ e y , sendo resumida como um produto de duas densidades:

$$p(\theta, y) = p(\theta)p(y|\theta),$$

onde $p(\theta)$ é a distribuição a priori, θ ; e $p(y|\theta)$, é a distribuição amostral.

Simplemente condicionando-se ao valor conhecido de y , utilizando-se a propriedade básica de probabilidades condicionais, conhecida como Regra de Bayes, sendo a densidade a posteriori expressa como:

$$p(\theta|y) = \frac{p(\theta, y)}{p(y)} = \frac{p(\theta)p(y|\theta)}{p(y)},$$

onde $p(y) = \sum_{\theta} p(\theta)p(y|\theta)$, com o somatório abrangendo todos os valores possíveis de θ (ou $p(y) = \int_{\theta} p(\theta)p(y|\theta) d\theta$ para o caso de θ contínuo).

Uma forma equivalente de expressão anterior omite o fator $p(y)$, o qual não depende de θ e, com y fixo, pode ser considerado constante, fornecendo a densidade a posteriori não-normalizada, que é dada pela parte da direita da expressão

$$p(\theta|y) \propto p(\theta)p(y|\theta).$$

Deste modo, a Regra de Bayes pode ser utilizada para combinar a informação contida nos dados com a probabilidade a priori.

Dentro do paradigma bayesiano, não há distinção entre a estimação de efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios, ou estimação de componentes de variância, pois todo e qualquer parâmetro do modelo é tratado como uma variável aleatória. Dessa maneira, trabalhando-se nesse contexto como modelos lineares mistos, tem-se θ como um vetor de quantidades não-observáveis, englobando tanto efeitos fixos quanto aleatórios, bem como os componentes de variância.

Para inferir com relação a qualquer elemento de θ , a distribuição a posteriori conjunta dos parâmetros $p(\theta|y)$, deve ser integrada em relação a todos os outros elementos que a constituem. Assim, se o interesse do pesquisador se concentra sobre determinado subconjunto de θ , θ_1 , tem-se a necessidade da obtenção da distribuição $p(\theta_1|y)$ dada por:

$$p(\theta_1|y) = \int_{\theta \neq \theta_1} p(\theta|y) d\theta_{\theta \neq \theta_1}$$

Essa operação, para obtenção da chamada distribuição a posteriori marginal do parâmetro (ou vetor) de interesse, em geral, é impossível de ser efetuada analiticamente com modelos mais complexos.

Algumas soluções para esse tipo de problema são sugeridas como a aproximação normal (ou mesmo utilizando a distribuição de t de Student) ao redor da moda de $p(\theta|y)$ (TANNER, 1993 apud ROSA, 1998, pag. 07), ou a utilização do método de Monte Carlo, de modo mais específico, Cadeias de Markov, para a simulação de valores de distribuição estacionária que converge para $p(\theta|y)$ (GELFAND & SMITH, 1990 ROSA, 1998, pag. 07).

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Edição dos dados

Os registros genealógicos e de desempenho de bovinos da raça Nelore, criados em fazendas do Bioma Amazônia, foram cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Estes dados fazem parte do Controle de Desenvolvimento Ponderal da raça Nelore da ABCZ. Os pedigrees dos animais foram traçados a partir de 1950 até o ano de 2012. Admitiu-se que os animais nascidos no ano de 1950 têm endogamia igual a zero. Para esse estudo, mantiveram-se no arquivo os animais nascidos no Bioma Amazônia, pertencente aos estados do Acre, Amazonas, Amapá, Maranhão, Mato Grosso, Pará, Rondônia, Roraima e Tocantins. As características de crescimento, objeto deste estudo, foram: 1) peso à desmama (ajustado para 205 dias de idade - P205), 2) peso ao ano (ajustado para 365 dias de idade - P365) e 3) peso ao sobreano (ajustado para 550 dias de idade - P550).

O *software* estatístico SAS (SAS INSTITUTE, 2000) foi utilizado para a realização das edições no conjunto de dados, tais como: a) identificação de animais com pais desconhecidos, b) localização de inconsistências nas datas de nascimento, c) renumeração dos registros dos animais, de tal modo que os pais obtiveram o número do registro inferior ao número dos filhos, d) eliminação de animais repetidos no arquivo de pedigree; e e) criação dos grupos de contemporâneos.

De acordo com a estação do ano foram definidas quatro estações de parição: 1) Primavera (Outubro - Dezembro); 2) Verão (Janeiro - Março); 3) Outono (Abril – Junho); e 4) Inverno (Julho – Setembro).

Os animais foram agrupados em grupos de contemporâneos (GC) com o objetivo de controlar os efeitos ambientais que afetaram as características em estudo. O sistema de determinação dos grupos de contemporâneos foi baseado na classificação dos lotes de animais nascidos no mesmo ano, na mesma estação, com o mesmo sexo, sob o mesmo regime alimentar, em uma mesma fazenda, até o fim do período analisado. Desta forma, os fatores considerados na formação dos GC's diferiram de acordo com a característica (P205, P365, P550) que foi modelada. Os grupos de contemporâneos com menos de quatro animais foram excluídos do banco de dados.

3.2 Estrutura Populacional

A estrutura populacional foi analisada em termos do nível de integralidade do pedigree (I), coeficiente de endogamia individual (F), coeficiente de parentesco médio (\bar{R}), intervalo de gerações (IG), aumento no coeficiente de endogamia individual (ΔF), tamanho efetivo da população (N_e), além do número efetivo de fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a). Todos os parâmetros foram computados para os nascidos no intervalo da última geração.

O nível de integralidade do pedigree, que quantifica a chance de detecção de endogamia, foi definido como a proporção de informações de pedigree conhecida para um número arbitrário de gerações. O nível de integralidade do *pedigree* foi calculado de acordo com MacCluer et al. (1983), como segue:

$$I_d = \frac{4I_{d_{pater}} I_{d_{mater}}}{I_{d_{pater}} + I_{d_{mater}}} \quad \text{e} \quad I_{d_k} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i \quad [I],$$

em que k corresponde a linha materna ou paterna de um indivíduo; a_i é a proporção de ancestrais conhecidos na i -ésima geração e d é o número de gerações considerados no cálculo de I .

O coeficiente de endogamia individual (F) foi calculado de acordo com a metodologia proposta por Meuwissen e Luo (1992). Essa metodologia aplica a fatoração de Cholesky na matriz de parentesco, sendo que cada linha do fator é obtida traçando o pedigree de cada indivíduo e, dessa forma, o coeficiente de endogamia é obtido a partir dos elementos dessa linha além dos coeficiente de endogamia dos antepassados (BOICHARD, 2007). O coeficiente médio de parentesco (\bar{R}), definido como a probabilidade de um alelo escolhido ao acaso na população pertencer a um dado animal, foi calculado para cada animal. O aumento no coeficiente de endogamia individual (ΔF) foi estimado de acordo com Falconer e Mackay (1996) e modificado por González-Recio et al. (2007) e Gutiérrez et al. (2009), com segue,

$$\Delta F = 1 - \sqrt[t]{1 - F} \quad [II],$$

em que t é o número de gerações.

O Intervalo de geração foi calculado pelo programa intgen.f, pertencente ao *software* PEDIG, levando em consideração o sexo e o ano de nascimento da prole (BOICHARD, 2007).

O tamanho efetivo populacional da raça Nelore no bioma Amazônia foi estimada por meio do *software* ENDOG 4.6 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005), levando em consideração a variância do tamanho das famílias (HILL, 1972), segundo expressão:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16ML} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{M}{F} \right) \text{cov}(mm, mf) + \left(\frac{M}{F} \right)^2 \sigma_{mf}^2 \right] + \frac{1}{16FL} \left[2 + \left(\frac{F}{M} \right)^2 \sigma_{fm}^2 + 2 \left(\frac{F}{M} \right) \text{cov}(fm, ff) + \sigma_{ff}^2 \right] \quad [III]$$

em que:

M= número de machos nascidos no período;

F= número de fêmea nascidos no período;

L= média do intervalo de geração;

σ_{mf}^2 σ_{mm}^2 = variância das fêmeas e machos da prole de um macho;

σ_{fm}^2 σ_{ff}^2 = variância das fêmeas e machos da prole de uma fêmea; e

cov(mm,mf) e cov (fm,ff)= covariâncias.

Os parâmetros seguintes foram derivados da probabilidade de origem do gene.

O número efetivo de fundadores, que representa o número de indivíduos com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (LACY, 1989), é dada por:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2} \quad [IV]$$

em que:

f_e = número efetivo de fundadores; e

$\sum_{k=1}^f q_k^2$ = somatório da contribuição esperada do número de progênies (q) do fundador k na população

O número efetivo de ancestrais representa o número mínimo de indivíduos, fundadores ou não, necessário para explicar a total diversidade genética da população estudada (BOICHARD, 2007), O número efetivo de ancestrais foi obtido calculando-se a contribuição marginal de cada ancestral por meio da expressão:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2} \quad [V]$$

em que:

f_a = número efetivo de ancestrais; e

$\sum_{j=1}^a q_j^2$ = contribuição marginal do ancestral k na população.

Os parâmetros populacionais foram obtidos por meio dos *software* PEDIG, desenvolvidas por Boichard (2007) e ENDOG 4.6 desenvolvidas por Gutiérrez; Goyache (2005).

3.3 Depressão Endogâmica

As análises genéticas para avaliar os efeitos da endogamia sobre as características de crescimento foram realizadas assumindo os modelos lineares *VI*, *VII*, *VIII*, *IX* descritos abaixo.

$$y = X\beta + Za + Qm + Wp + e \quad [VI],$$

em que y é o vetor de observações (P205 e P365); X , Z , Q e W são as matrizes de incidência dos efeitos fixos (aleatórios no contexto bayesiano), efeitos genéticos aditivos diretos, efeitos genéticos aditivos maternos e dos efeitos aleatórios permanentes de ambiente da vaca, respectivamente; β é vetor dos fatores considerados fixos (aleatórios no contexto bayesiano) que contempla: os efeitos dos grupos de contemporâneos, ordem de parto, endogamia direta e materna, em que os três últimos serão considerados como covariáveis no modelo; a é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos; m é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos maternos; p é o vetor dos efeitos aleatórios permanentes de ambiente da vaca; e e representa o vetor de resíduos.

Usado para comparação o modelo *VII*, proposto abaixo:

$$y = X\beta + Za + Qm + Wp + e \quad [VII],$$

em que β é vetor dos fatores considerados fixos (aleatórios no contexto bayesiano) que contempla: os efeitos dos grupos de contemporâneos e ordem de parto.

Para o peso ao sobreano utilizou-se o modelo *VIII*, onde:

$$y = X\beta + Za + e \quad [VIII],$$

em que y é vetor de observações (P550); as matrizes X e Z e os vetores, a e e foram definidos acima; e β é vetor dos fatores considerados fixos (aleatórios no contexto bayesiano) que contempla: os efeitos dos grupos de contemporâneos, ordem de parto e endogamia direta

O modelo *IX* foi usado para a compração, sendo que:

$$y = X\beta + Za + e \quad [IX],$$

onde β é vetor dos fatores considerados fixos (aleatórios no contexto bayesiano) que contempla: os efeitos dos grupos de contemporâneos e ordem de parto.

O Critério de Informação da Deviance (DIC; SPIEGELHALTER et al., 2002)) foi usado para comparar os modelos [VI] e [VII] e os modelos [VIII] e [IX].

Os métodos Bayesianos para a estimação dos efeitos considerados nos modelos VI a IX foram implementados por meio do Amostrador de Gibbs, utilizando o aplicativo computacional Gibbsf90, desenvolvido por Misztal et al. (2002). Para cada análise foram geradas cadeias de 660.000 iterações, em que foram descartadas as 60.000 primeiras informações, afim de garantir as independências das amostras, para as características de P205 e P365, para o P550 foi gerado 640.000 interações com 40.000 descartes iniciais. Com intervalo de retirada, em média, de 25.

A monitoração de convergência das amostras das distribuições das cadeias geradas pelo Amostrador de Gibbs foi realizada por inspeção visual dos gráficos de histórico das iterações e pelo método de Raftery; Lewis (1992) que encontra-se implementado na biblioteca CODA (Convergence Diagnosis and Output Analysis), desenvolvida por Plummer et al. (2006). A biblioteca CODA foi carregada no *software* estatístico R (2012). Valores do fator de dependência de Raftery; Lewis que permanecem menores que 5 indicam que há convergência da cadeia de Markov.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos registros genealógicos dos 1.402.287 animais registrados, observa-se que 567.961 são machos e 834.596 são fêmeas, com 17.437 reprodutores e 390.104 matrizes ao decorrer dos 62 anos avaliados (Tabela 1), mostrando relação de um reprodutor para cada vinte duas matrizes. Oliveira et al. (2011) avaliando dados de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, entre os anos de 1951 e 2007, encontraram proporção média touro:vaca de 1:13. No Brasil, a proporção touro:vaca adotada usualmente pelos produtores rurais é de 1:25. Segundo os autores, essa relação resulta em subutilização dos touros.

Vercesi Filho et al. (2002) avaliando a estrutura populacional de 122.446 registros de animais da raça Tabapuã, nascidos entre 1971 a 1998, observaram um total de 51.516 machos, sendo 1.729 identificados como pais, por outro lado houve 70.930 fêmeas, dessas 31.666 sendo matrizes.

Tabela 1. Aspectos gerais da população

| Aspecto | Número de animais |
|-----------------|-------------------|
| População total | 1.402.287 |
| Machos | 567.961 |
| Fêmeas | 834.596 |
| Reprodutores | 17.437 |
| Matrizes | 390.104 |

Avaliando a integralidade do *pedigree* (Figura 1) dos animais registrados, observa-se que à medida que se regrediu as gerações, há perdas consideráveis de informações de genealogia. Dos 1.402.287 animais em estudo, 73,75%; 32,89% e 11,69% possuem *pedigree* completo na primeira, segunda e terceira geração respectivamente. No entanto, quando retrocede-se para a quarta e quinta geração a perda de informações é ainda maior, mantendo apenas 3,03% e 0,62%, respectivamente, de informações no banco de dados.

É importante destacar a perda de informações entre as gerações, visto que, em média, aproximadamente 26,25% dos animais não possuem informações de pais registrados, já para perda de informações de avós esse índice sobe para, aproximadamente, 67%. Quando avalia-se a linha paterna e materna de forma isolada

(Figura 2) percebe-se a maior conservação de informações por parte de mãe do que por pai.

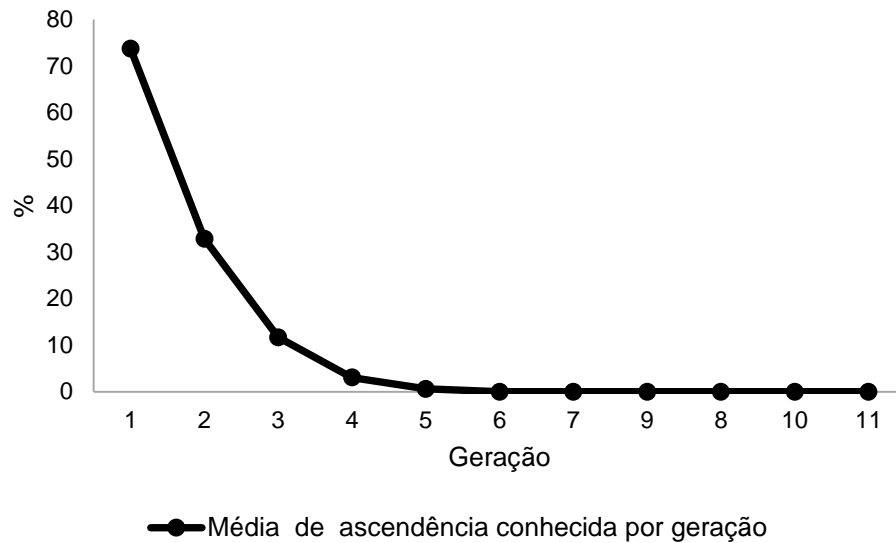


Figura 1. Integralidade do *pedigree* nas 11 primeiras gerações do gado Nelore criado no bioma Amazônia

As estimativas dos parâmetros populacionais são dependentes das informações fornecidas em bancos de dados de *pedigree*, dessa forma quanto mais íntegros forem tais informações, mais preciso serão os resultados.

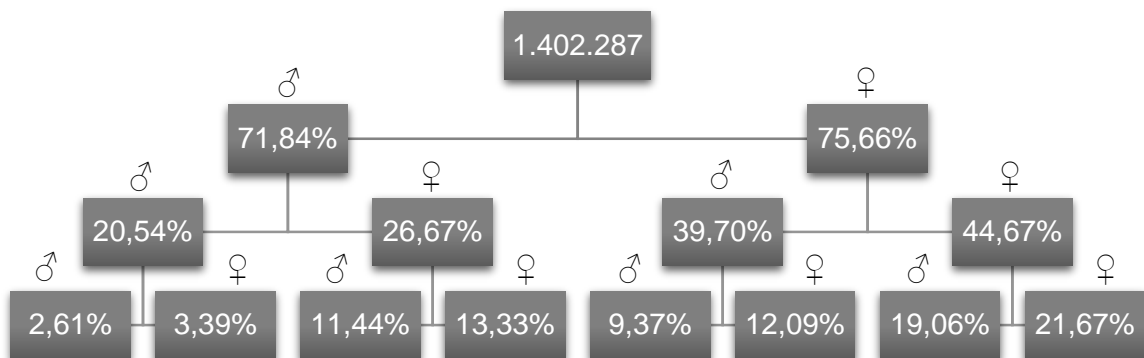


Figura 2. Estrutura do *pedigree* pela linha paterna e materna do gado Nelore criado no bioma Amazônia

Muniz et al. (2012) observaram a integralidade na primeira, segunda e terceira geração de 61,9%; 10,6% e 0,10% respectivamente, em rebanho da raça Gir mocha no nordeste brasileiro.

Na raça Marchigiana e Bosmara, Santana et al. (2015) encontraram aproximadamente, 89% e 73% respectivamente de pais conhecidos, índice que se mantém alto nas três primeiras gerações (SANTANA et al., 2015). Os autores salientam que as informações de *pedigree* de ambas as raças ainda dependem do conhecimento dos animais importados que deram origem a população no Brasil, como também, as informações de *pedigree* tendem a aumentar ao longo do tempo.

Os parâmetros populacionais (Tabela 2) foram calculados sobre a população base, ou seja, aqueles animais, fundadores ou não, responsáveis pela variabilidade genética no rebanho. Do total de animais analisados, 424.877 possuíram ao menos um dos pais desconhecido, sendo que 56.811 dos animais com ambos os pais desconhecidos, desse modo a população de referência, onde todos os pais foram conhecidos, era formada por 977.410 animais.

O tamanho efetivo de fundadores (f_e ; Tabela 2), com participação na população referência, foi de 639 animais entre 210.274 indivíduos fundadores identificados, sendo que o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores foi de 0,04%.

Por outro lado, o número efetivo de ancestrais (f_a ; Tabela 2) foi de 617 animais, sendo observado um total de 203.364 indivíduos ancestrais. Sendo que 50% da variabilidade genética, na população referência, pode ser explicada por 829 ancestrais (fundadores ou ancestrais).

Tabela 2. Parâmetros populacionais da raça Nelore criados no bioma Amazônia

| Parâmetros populacionais | Número de animais |
|--|-------------------|
| População total | 1.402.287 |
| População base com um ou mais pais desconhecidos | 424.877 |
| População base com um dos pais desconhecido | 368.066 |
| Número de animais na população referência | 977.410 |
| Número de animais fundadores na população referência | 210.274 |
| Número efetivo de fundadores na população referência | 639 |
| Número de ancestrais na população referência | 203.364 |
| Número efetivo de ancestrais na população referencia | 617 |
| Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade | 829 |

O f_e e f_a observados nesse trabalho foram superiores aos observados na literatura. Na região nordeste do Brasil, Malhado et al. (2009) avaliaram registros de rebanhos Nelore puro de origem, o número efetivo de fundadores foi menos da metade do encontrado no presente estudo, 309 animais, sendo que apenas 167 ancestrais explicam 50% da variabilidade genética de toda a população.

Já para um rebanho Nelore da linhagem Lemgruber observou-se apenas 25 f_e e 21 f_a , sendo que a contribuição desbalanceada dos fundadores causaria um incremento na endogamia de 1,62%, sendo que apenas 7 animais explicam a variabilidade do rebanho (OLIVEIRA et al., 2011). Para a raça Gir mocha no nordeste brasileiro o f_e foi de 141 e f_a 60, sendo que 39 indivíduos explicam 50% da variabilidade genética da população (MUNIZ et al., 2012).

Isso implica dizer que, o rebanho Nelore criado no bioma Amazônia apresenta maior variabilidade quando comparado aos demais, aproximadamente 5 vezes mais que o Nelore puro de origem, 118 vezes mais que um rebanho Lemgruber e 21 vezes superior ao Gir mocho.

A maior variabilidade genética observada é explicada em virtude do maior número de fundadores que contribuíram para a formação da raça nessa população, como também o maior número de ancestrais importantes que contribuíram geneticamente para o aumento da população.

Segundo Malhado et al. (2009), o pequeno número de ancestrais na população do Nelore puro de origem nordestino, resultou em baixa variabilidade genética para as características de crescimento.

A razão entre o número efetivo de fundadores e ancestrais (f_e/f_a), que é uma estimativa do efeito “gargalo” (FARIA et al., 2004), pode indicar se os indivíduos ditos como fundadores da população são efetivamente ancestrais dela (OLIVEIRA et al., 2011). Esse efeito pode causar a perda ou a fixação de alelos nas populações através da diminuição de reprodutores em determinados períodos (FARIA et al., 2006).

No presente trabalho o efeito “gargalo” foi praticamente inexistente, sendo de aproximadamente 1,03, ou seja, embora muito próximo os valores de f_e e f_a , nem todos os indivíduos indicados como fundadores da população, são de fato ancestrais dela.

Quanto maior a distância entre f_a e f_e , menor a participação de todos os animais ditos como fundadores na população ao longo das gerações, espera-se que o número efetivo de animais fundadores seja igual ao número efetivo de animais ancestrais, ou que essa diferença seja a menor possível (ALBUQUERQUE, 2010).

Dentre os dez ancestrais mais importantes (fundadores ou não), com contribuição para a diversidade genética na população referência, nem uma fêmea pode ser observada (Tabela 3), sendo que o animal com maior importância para a população, contribuiu com 1,44% da variabilidade genética, deixando 19.006 descendentes ao longo das gerações. Os dez principais ancestrais da população em estudo, contribuíram para 9,78% da variabilidade genética e deixaram 104.135 descendentes ao longo das gerações.

Tabela 3. Descrição dos 10 principais ancestrais (fundadores ou não) que explicam a variabilidade genética da população da raça Nelore em bioma Amazônia

| Identificação* | Sexo | Ano de nascimento | Pai | Mãe* | Nº de progênes | Contribuição (%) | |
|----------------|-------|-------------------|-----|------|----------------|------------------|-----------|
| | | | | | | Total | Acumulada |
| 10324 | Macho | 1995 | - | - | 19.006 | 1,44 | 1,44 |
| 3455 | Macho | 1989 | - | - | 12.077 | 1,24 | 2,68 |
| 10275 | Macho | 1995 | - | - | 12.247 | 1,23 | 3,91 |
| 22599 | Macho | 1996 | - | - | 15.870 | 1,19 | 5,10 |
| 333 | Macho | 1980 | - | - | 3.668 | 0,98 | 6,08 |
| 23435 | Macho | 1997 | - | - | 10.692 | 0,96 | 7,04 |
| 10198 | Macho | 1995 | - | 2384 | 11.451 | 0,89 | 7,93 |
| 75 | Macho | 1976 | - | - | 3.826 | 0,68 | 8,61 |
| 613 | Macho | 1985 | - | - | 4.660 | 0,59 | 9,20 |
| 52076 | Macho | 2000 | - | - | 10.638 | 0,59 | 9,78 |

*Registros originais alterados por motivos de confidencialidade.

As estimativas do intervalo de geração (*IG*) das quatro passagens gaméticas (Tabela 4), encontradas no presente estudo, podem ser consideradas altas, quando comparadas as das raças taurinas com médias inferiores a 5 anos (ALBUQUERQUE, 2010; SANTANA et al., 2015). Os valores para as passagens gaméticas pai-filho se encontram mais elevadas, 8,30 anos, quando comparados aos demais, o menor intervalo pode ser observado pela mãe-filha com 6,71 anos.

O maior tempo entre touro-filho pode ser explicado pelo uso contínuo do reprodutor por diversos anos/gerações, sem a substituição do mesmo por seus descendentes, como também pela elevada idade dos touros quando divulgado o resultado de sua primeira prova (OLIVEIRA et al., 2011).

A taxa de ganho genético é inversamente proporcional ao *IG*, assim o elevado valor do intervalo de geração observado nestes rebanhos, quando comparado as estimativas de rebanhos taurinos, sugere que os ganhos genéticos obtidos nestes

rebanhos estão abaixo do esperado. Segundo Canaza-Cayo et al. (2014) menores *IG* estão associados às maiores taxas de reposição dos touros ou vacas.

Tabela 4. Intervalo médio de geração (*IG*) das quatro passagens gaméticas para bovinos Nelore criados no bioma Amazônia

| Passagens gaméticas | Nº de observações | <i>IG</i> (anos) |
|---------------------|-------------------|------------------|
| Pai–Filho | 6.505 | 8,30 |
| Pai–Filha | 190.781 | 7,79 |
| Mãe–Filho | 7.679 | 7,01 |
| Mãe–Filha | 207.674 | 6,71 |
| Total / média | 412.639 | 7,46 |

O maior intervalo de geração observado na raça Nelore pode ser explicado, em partes, pela sua rusticidade e adaptação dos animais ao clima tropical, como também pela elevada idade da vaca ao parto e a tardia substituição das mesmas (Oliveira et al., 2011).

Amaral et al. (2011), observaram estimativas de intervalo de geração média, de 7,5 anos, próximas aos encontrados nesse estudo, os autores avaliaram a estrutura populacional do Nelore Mocho no nordeste brasileiro, de modo individual o intervalo para pai – filho (7,6 anos) foi menor ao observado no Nelore do bioma Amazônia, nas passagens pai – filha (7,8 anos) e mãe – filho (7,2 anos) foram semelhantes aos desse estudo. Cabe destacar que a passagem gamética mãe-filha foi menor em Nelores no bioma Amazônia quando comparados ao Nelore mocho do nordeste brasileiro (7,2 anos). Os autores salientam que a redução do *IG* é possível, principalmente entre pai–filho e pai–filha, sendo que a utilização de jovens touros avaliados pode ser uma ferramenta para obter a redução.

No trabalho conduzido por Oliveira et al. (2011), com animais da raça Nelore da linhagem Lengruber, os intervalos mostraram-se superiores aos observados nesse estudo, sendo o maior observado para pai–filho, com 9,1 anos e o menor para mãe–filha, com 7,6 anos, tendo como média da população 8,3 anos.

Em outras raças pode-se observar intervalos de geração inferiores aos observados no Nelore. Segundo Canaza-Cayo et al. (2014) o *IG* do Girolando no Brasil foi de 5,26 anos, vale ressaltar que essa raça encontra-se em processo de

melhoramento genético há muito tempo e tem sua origem com cruzas de bovino leiteiro Holandês (*Bos taurus taurus*).

O coeficiente médio de endogamia (F), entre os 18.647 animais endogâmicos da população, foi de apenas 8,74% (Tabela 5), podendo ser considerado de baixa magnitude. A maioria dos indivíduos endogâmicos, 62,5%, encontram-se com endogamia relativamente baixa, até 6,25%. Valores de F acima de 6,25% são considerados, pela literatura, como nível máximo, a partir do qual poderia comprometer o desempenho reprodutivo e produtivo dos animais (FRANCK, 1997). No presente estudo, apenas 7.080 animais apresentaram coeficiente médio de endogamia superior a 6,25%.

Tabela 5. Descrição dos animais estudados da raça Nelore criados no bioma Amazônia quanto ao coeficiente médio de endogamia (F)

| | |
|--|-----------|
| Total da população | 1.402.287 |
| Total de indivíduos endogâmicos | 18.647 |
| Média do coeficiente de endogamia, para os endogâmicos (%) | 8,74 |
| Classes de endogamia | |
| $F=0\%$ | 1.383.640 |
| $0\% < F \leq 6,25\%$ | 11.567 |
| $6,25\% < F \leq 12,5\%$ | 3.500 |
| $12,5\% < F \leq 25\%$ | 3.502 |
| $F > 25\%$ | 78 |

Queiroz et al. (2000) observaram que apenas 11,65% das vacas, 19,8% dos touros e 9% dos bezerros da raça Gir no Brasil apresentaram algum grau de endogamia, tendo F de 8,97%; 10,41% e 8,38% para as três categorias. Os autores consideram tais coeficientes de baixa magnitude, e destacam o fato dos touros possuírem o maior coeficiente de endogamia, explicado pelo uso de reprodutores proveniente de um 'pool' gênico comum.

O valor do coeficiente de endogamia, entre os animais endogâmicos, encontrados nesse trabalho estão acima aos observados por Oliveira et al. (2011) estudando um rebanho fechado Nelore da linhagem Lengruber. Os autores obtiveram média de 4,89% em 24.291 animais endogâmicos, 61,8% do total de indivíduos da população.

As estimativas do tamanho efetivo médio, estimada em diferente tipos de gerações, são úteis para indicar o limite superior (gerações completas traçadas), inferior (gerações máximas traçadas) e real (gerações equivalentes traçadas) do tamanho efetivo em populações em que as informações genealógicas são escassas (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Sendo assim, a taxa do incremento de endogamia, ΔF , em cada geração depende do tamanho efetivo da população, sendo características inversamente proporcionais, quanto menor for o N_e em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns, conseqüentemente maior será o valor de ΔF .

O baixo valor médio de gerações completas traçadas nos rebanhos da raça Nelore criados no bioma Amazônia, 0,80 (Tabela 6), indica que pequeno número de ancestrais é conhecido, dessa forma maior será a probabilidade de detecção do incremento de endogamia pelo menor N_e obtido, 165,65 animais, para esse tipo de geração, justificando assim o maior valor do ΔF entre os três tipos de gerações estudadas, 0,30%.

Por outro lado, maior número de ancestrais podem ser observados para a geração máxima (Tabela 6), quando compara-se às gerações completas, ancestrais conhecidos, e equivalentes, todos os ancestrais conhecidos. Dessa forma observou-se o menor ΔF , 0,07%, conseqüentemente o maior N_e , 716,65, entre as três gerações.

Observa-se valores intermediários nas gerações equivalentes (Tabela 6), já que seu cálculo leva em consideração todos os ancestrais conhecidos. Vale ressaltar que a oscilação dos valores de N_e é devido a mudanças na taxa de endogamia, uma vez que na metodologia utilizada, leva-se em consideração o ΔF .

Tabela 6. Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada

| Tipo de geração | Número médio | ΔF (%) | N_e |
|---------------------------|--------------|----------------|--------|
| Completas ¹ | 0,80 | 0,30 | 165,65 |
| Máximas ² | 2,07 | 0,07 | 716,65 |
| Equivalentes ³ | 1,23 | 0,21 | 237,56 |

¹Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos;

²Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto;

³Somatório dos termos $(\frac{1}{2})^n$ de todos os ancestrais conhecidos, onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O mesmo comportamento para as três gerações traçadas, completas, máximas e equivalentes podem ser visto nos trabalhos de Canaza-Cayo et al. (2014) e Medeiros (2011).

O coeficiente de endogamia para as onze gerações máximas traçadas (Tabela 7) apresentou comportamento crescente até a sétima geração, passando de 0,06 na segunda para 0,45% na sétima geração, iniciando uma queda do F até a décima geração estudada com 0,09%. A média de indivíduos endogâmicos na população foi crescente da segunda até a oitava geração, 0,31% dos animais para 11,33% respectivamente, sendo menores nas gerações posteriores. O aumento gradativo do coeficiente de endogamia como também na porcentagem de indivíduos endogâmicos durante as gerações pode ser explicado pelo aumento de informações disponibilizadas para o cálculo. Quanto mais gerações completas de um indivíduo é conhecida, maior a possibilidade de um ancestral aparecer em seu *pedigree*.

Tabela 7. Coeficiente médio de endogamia (F) na população, porcentagem de indivíduos endogâmicos (%), média do coeficiente médio de endogamia para animais endogâmicos (%), coeficiente de parentesco médio (\bar{R}) por geração máxima de Nelores criados no bioma Amazônia

| Geração | Nº de animais | F (%) | Endogâmicos (%) | Média de F para endogâmicos (%) | \bar{R} (%) |
|---------|---------------|-------|-----------------|---------------------------------|---------------|
| 1 | 297.327 | 0,00 | - | - | 0,07 |
| 2 | 290.670 | 0,06 | 0,31 | 19,96 | 0,11 |
| 3 | 216.639 | 0,27 | 1,88 | 14,20 | 0,12 |
| 4 | 142.381 | 0,28 | 3,16 | 8,94 | 0,14 |
| 5 | 81.582 | 0,31 | 5,07 | 6,19 | 0,15 |
| 6 | 42.424 | 0,31 | 7,01 | 4,35 | 0,15 |
| 7 | 15.453 | 0,45 | 10,37 | 4,35 | 0,15 |
| 8 | 3.876 | 0,38 | 11,33 | 3,38 | 0,15 |
| 9 | 606 | 0,20 | 6,44 | 3,15 | 0,15 |
| 10 | 68 | 0,09 | 2,94 | 3,19 | 0,11 |
| 11 | 6 | 0,00 | - | - | 0,14 |

A média de endogamia entre os indivíduos provenientes de acasalamentos aparentados teve seu ápice na segunda geração em estudo, 19,96%, reduzindo

gradativamente até a nona geração, 3,15%, com um leve aumento na geração seguinte, 3,19%. Essa redução da média de endogamia pode indicar o possível cuidado em se evitar acasalamentos consanguíneos.

A ausência de valores na primeira e última geração deve-se a falta de informação para a realização da metodologia.

Comportamento semelhante, de aumento do coeficiente de endogamia e diminuição da endogamia média entre endogâmicos, foi relatado por Malhado et al. (2009), avaliando quatro gerações do rebanho Nelore Puro de origem no sertão nordestino, os autores observaram F de 0,22 na quarta geração, com 4,17% de indivíduos endogâmicos com média endogâmica de 5,2%.

Avaliando o coeficiente de endogamia em seis gerações, Amaral et al. (2011) observaram que, o coeficiente médio de endogamia, no grupo dos endogâmicos, reduziu de 16,49% na segunda geração para 5,38% na sexta, ao mesmo tempo que o coeficiente de endogamia geral passou de 0,02% para 1,44 nas mesmas gerações, a porcentagem do rebanho com algum grau de consanguinidade chegou a 26,7% na última geração em estudo. Os autores reportam que tal informação evidencia baixa endogamia no rebanho Nelore Mocho registrados no nordeste brasileiro.

Observou-se aumento do coeficiente de parentesco médio (\bar{R}) entre a segunda e a nona geração (Tabela 7), assumindo média geral de 0,13% nas 11 gerações em estudo, podendo ser considerado de baixa magnitude. O \bar{R} de cada indivíduo é definido como a probabilidade de um alelo, escolhido ao acaso, pertencer a um determinado animal, dessa forma o coeficiente de relação pode ser interpretado como a representação do animal em todo o seu *pedigree*, podendo ser usado tal índice como alternativa e/ou complemento ao coeficiente de endogamia (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005), segundo Paiva (2010) parentesco representa a porcentagem esperada de genes em comum entre os indivíduos. Desta forma pode-se controlar o coeficiente de endogamia das proles escolhendo pais com baixos valores de \bar{R} .

Oliveira (2010), estudando o rebanho comercial de Nelore da Agropecuária CFM Ltda. reportou coeficiente de parentesco médio acima aos do observados neste trabalho, de 0,18%.

Analisando a quantidade de indivíduos endogâmicos por ano, juntamente com a média do coeficiente de endogamia anual, o primeiro animal identificado como endogâmico nasceu no ano de 1969, entretanto observa-se o aumento gradual na

quantidade de animais aparentados a partir do ano de 1992 (Figura 3), tendo seu ápice no ano de 2010 com 2.164 animais, quando iniciou-se um processo de leve diminuição no acasalamento de pais aparentados com filhos registrados.

Ao passo que aumentou-se a quantidade de indivíduos com um certo grau de parentesco entre si, diminuiu a porcentagem média do coeficiente e endogamia, assumindo seu menor valor em 2011 com 5,79%, no ano seguinte ocorreu um leve aumento de 0,17% nesse coeficiente.

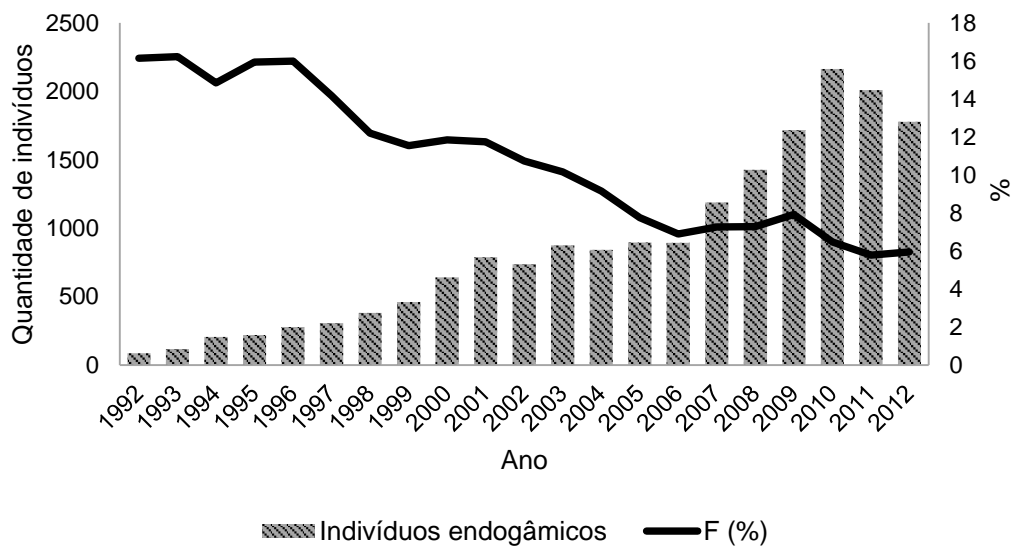


Figura 3. Quantidade de animais endogâmicos e coeficiente médio de endogamia (F), por ano, da raça Nelore criado no bioma Amazônia

Vale ressaltar que não necessariamente o primeiro caso de endogamia surgiu no final da década de 60 e nem que essa quantidade permaneceu discreta até os anos 90, no período que antecede esse fato estão incluídos animais sem ascendência conhecida, podendo subestimar o resultado final.

O coeficiente de endogamia é dependente do conhecimento dos indivíduos que fizeram parte das gerações passadas, sendo que quanto mais informações sobre um animal é catalogada, mais confiável será o resultado (MUNIZ et al., 2012).

Faria et al. (2006) observaram aumento considerável no *F* da população Gir Mocha brasileira, saltando de 0,22% para 3,07% entre os anos de 1979-1983 e 1994-1998 respectivamente. A endogamia média entre os animais endogâmicos foi superior à do encontrado nesse trabalho, chegando a 12,17%.

O tamanho efetivo da população (N_e), levando em consideração o tamanho das famílias, foi mensurado em grupos de períodos com 7 anos cada, referente a média geral de intervalo de geração, uma vez que para obter tal informação depende-se das médias do fluxo gênico das quatro passagens gaméticas, sendo dependendo também da taxa de endogamia. Embora o banco de dados contemple até o ano de 2012, essa análise limitou-se ao ano de 2005, por não apresentar período completo para a próxima geração.

O N_e apresentou grandes variações durante os períodos avaliados (Tabela 8), oscilando entre 16,15 e 1.810,8 animais. Entre os anos de 1950 a 1957 a relação macho e fêmea mantinha-se próximo de 1:1, com a menor média de filhos nascidos por reprodutores, assumindo o menor tamanho efetivo do estudo. Ao longo dos períodos a relação entre machos e fêmeas foi alterada aumentando consideravelmente o número de vacas quando comparados aos de touros. Entre os anos de 1966 a 1973 o número de touros e matrizes aumentou 14 e 50 vezes respectivamente, quando comparado ao primeiro período avaliados, a média anual de proles cresceu de 3,2 para 5,7 nos machos e teve aumento de 1 para 1,2 nas fêmeas, nessa época o N_e assumiu seu maior valor nos primeiros 23 anos, chegando a 758,49.

Nos dois períodos seguintes o tamanho efetivo sofreu decréscimos chegando a apresentar o terceiro menor valor nos períodos avaliados, 115,74, esse fato pode ser explicado pelo uso intensivo de alguns reprodutores, confirmado pela média de proles por reprodutor ser alta no período, tendo destaque os anos de 1990 a 1997 com 24,9 progênie para cada touro e 1,6 para cada vaca.

O maior tamanho efetivo entre os 55 anos pode ser observado entre 1998 a 2005, 1.810,8, o período também revela declínio na média de filhos por reprodutor, quando comparado aos anos anteriores, mas assume também a maior relação entre machos e fêmeas, 1:18, entre os períodos estudados.

O aumento considerável da proporção entre macho e fêmeas, passando 1:1 para 1:18, pode indicar que o rebanho está sendo construído utilizando-se menos touros durante o avançar das gerações, sendo assim, pode aumentar a incidência de proles com algum grau de parentesco entre si e diminuir a variabilidade genética do rebanho. Entretanto essa relação é aceitável, do ponto de vista econômico, de manejo e, até mesmo, de programas de melhoramento genético animal, podendo, inclusive, ser aumentada. A pouca relação entre machos e fêmeas aumentaria o custo de

produção, subutilizando o touro na propriedade, além de deixar menos descendentes, resultando em baixa acurácia no índice de seleção.

Tabela 8. Número de reprodutores (Touros/Vacas), média de filhos por reprodutor por ano (Filhos/touro, Filhos/vaca) e tamanho efetivo da população (N_e), por períodos, de bovinos Nelore criados em bioma Amazônia

| Período | Touro | Filhos/touro | Vaca | Filhos/vaca | N_e |
|-------------|-------|--------------|--------|-------------|---------|
| 1950 - 1957 | 50 | 3,2 | 53 | 1 | 16,15 |
| 1958 - 1965 | 189 | 4,4 | 523 | 1,1 | 50,39 |
| 1966 - 1973 | 729 | 5,7 | 2.654 | 1,2 | 758,49 |
| 1974 - 1981 | 1.562 | 10,8 | 9.692 | 1,3 | 115,74 |
| 1982 - 1989 | 2.393 | 13,0 | 20.872 | 1,5 | 275,83 |
| 1990 - 1997 | 3.498 | 24,9 | 48.801 | 1,6 | 180,67 |
| 1998 - 2005 | 3.279 | 17,3 | 61.547 | 1,4 | 1810,82 |

Malhado et al. (2008) observaram o maior tamanho efetivo, 469,58 animais, nos anos de 1994 a 2001, avaliando o rebanho Nelore no estado da Bahia. Segundo os autores os períodos de maiores ganhos genéticos coincidem com os maiores tamanhos efetivos de população, em contrapartida, em períodos que o N_e foi menor o progresso genético foi modesto, e salientam que a intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, dessa forma, quando há alta taxa de intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo da população, além de poder aumentar a endogamia.

O N_e no rebanhos Nelore no nordeste brasileiro sofreu variações de 13 a 338 entre 1960 e 2002, sendo que, a partir de 1982, houve decréscimo no número médio de proles por reprodutor além do aumento da relação entre machos e fêmeas, chegando ao maior valor em 42 anos (338) entre 1992 a 1998, sofrendo decréscimo nos anos seguintes (AMARAL et al., 2011).

Segundo Muniz et al. (2012) o pico do tamanho efetivo para a raça Gir Mocha, no nordeste brasileiro, foi entre os anos de 1974 a 1985 atingindo valor de 120 animais, decaindo nos anos seguintes, chegando a, apenas, 20 animais nos últimos anos do estudo. Os autores salientam que o decréscimo no número de animais com registro de nascimento, aliado à diminuição do N_e e à perda da variabilidade genética,

compromete o uso da raça Gir Mocha no sistema de produção da região, e sugerem a ampliação do rebanho.

Observa-se, no presente estudo, a diminuição da taxa de endogamia média (F) com o aumento do tamanho efetivo de população anual (Figura 4), como já previsto por Malhado et al. (2008).

No ano de 2004 o N_e assumiu seu maior valor com 7.206,67 animais, sendo que no mesmo ano o F foi de 9,15%, estando em declínio até o ano de 2006 chegando a 6,89%, tendo o tamanho efetivo superior a 4.288. Ao longo de todo o período observa-se o aumento progressivo do N_e juntamente com o declínio da endogamia, indicando um suposto aumento na diversidade genética na raça na região.

Nos últimos dois anos houve leve redirecionamento da curva do tamanho efetivo da população, iniciando processo de redução no N_e , não sendo acompanhado pela curva do F até o ano de 2006. É importante o acompanhamento dos acasalamentos na região para manter o tamanho efetivo da população como também as taxas de endogamia, acima dos níveis críticos.

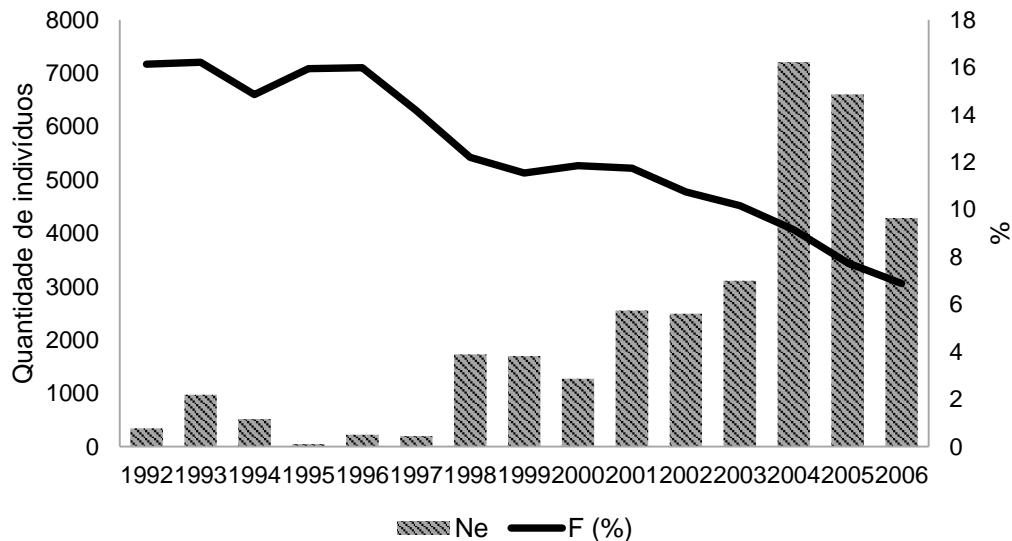


Figura 4. Tamanho efetivo da população (N_e) e coeficiente médio de endogamia (F), por ano, de bovinos Nelores criados no bioma Amazônia

Na raça Marchigiana e Bosmara criadas em solos brasileiros, sofreu o processo inverso ao observado neste estudo, tendo um aumento expressivo do coeficiente de endogamia, a partir de 1996 e 2002 para as duas raças respectivamente, ao passo que diminuiu-se o seu tamanho efetivo, indicando redução

na diversidade genérica da população, os autores atribuem tal cenário ao uso intenso de inseminação artificial além da transferência de embriões, a partir de reprodutores considerados geneticamente superiores.

Foram avaliadas 145.742 informações referente ao peso a desmama ajustado aos 205 dias (P205; Tabela 9), assumindo média de 178,4 Kg \pm 29,06. Com 3.1700 animais endogâmicos nessa faixa-etária, a endogamia apresentou média de 5,41 entre os endogâmicos, sendo que a maioria dos indivíduos consanguíneos, 2.515, estão até 6,25% de coeficiente de endogamia. Nesta característica há 6.932 grupos de contemporâneos, que reúnem os animais em lotes de indivíduos semelhantes.

Quando avalia-se o peso ao ano ajustado para 365 dias (P365; Tabela 9), as informações reduzem para 107.142 observações, com média de peso igual a 233 Kg \pm 41,2. A incidência de indivíduos endogâmicos reduz para 2.375 animais, com endogamia média de 5,1%, sendo que 81% dos animais consanguíneos estão com coeficiente de endogamia de até 6,25%. Nesse grupo houve a formação de 5.196 contemporâneos.

Tabela 9. Descrição dos animais estudados referente ao peso a desmama (P250), peso ao ano (P365) e peso ao sobreano (P550)

| | P205 | P365 | P550 |
|--|---------|---------|--------|
| Total de indivíduos | 145.742 | 107.142 | 67.095 |
| Média (Kg) | 178,40 | 233,00 | 292,14 |
| σ | 29,06 | 41,20 | 53,02 |
| Grupo de contemporâneos | 6.932 | 5.196 | 3.554 |
| Total de indivíduos endogâmicos | 3.170 | 2.375 | 1.516 |
| Média de F , para os endogâmicos (%) | 5,41 | 5,10 | 4,95 |
| Classes | | | |
| $F=0\%$ | 142.572 | 104.767 | 65.579 |
| $0\% < F \leq 6,25\%$ | 2.515 | 1.925 | 1.235 |
| $6,25\% < F \leq 12,5\%$ | 436 | 300 | 184 |
| $12,5\% < F \leq 25\%$ | 218 | 149 | 97 |
| $F > 25\%$ | 1 | 1 | - |

No peso ao sobre ano, ajustado para 550 dias (P550; Tabela 9), houve redução de aproximadamente 40.000 animais, restando 67.095 observações de peso

validas. O peso médio rondou os 292,14 Kg \pm 53,02. Os animais consanguíneos nessa fase foi de 1.516, tendo coeficiente de endogamia média de 4,95%, com 1.235 animais com F superior a 0 e inferior a 6,25%. Os grupos de contemporâneos foram reduzidos para 3.554.

Segundo Spiegelhalter et al. (2003), o DIC mínimo estima o modelo que melhor explica as previsões a curto prazo, como também, diferenças entre os DICs acima de 5 podem indicar uma discrepância entre os modelos, sendo que diferenças superiores a 10 pode excluir por completo o modelo com maior DIC.

Sendo assim, analisando e comparado os modelos propostos de peso a desmama, ao ano e ao sobre ano, com e sem a variável endogamia individual inclusa, pelo Critério de Informação da Deviance (DIC; Tabela 10), utilizando os métodos Bayesianos para a estimação dos efeitos, concluiu-se que a variável endogamia foi importante para explicar a variação entre os modelos, tendo em vista que a inclusão dessa variável proporcionou menores valores de DIC, com diferenças superiores a 80 entre os modelos, conseqüentemente o modelo com endogamia explicou melhor a variação nas características de pesos analisadas.

Sendo assim sugere-se controlar os acasalamentos entre reprodutores aparentados, fazendo bom uso de suas características, e utilizando de meios para manter o coeficiente de endogamia do rebanho equilibrado, sem haver a perda de alelos favoráveis ao melhoramento e, conseqüentemente, o aumento de genes desfavoráveis ao meio.

Tabela 10. Valores do Critério de Informação da Deviance (DIC) para os modelos com endogamia e sem endogamia

| Característica | DIC | |
|----------------|----------------------|----------------------|
| | Modelo com endogamia | Modelo sem endogamia |
| P205 | - 621870,95 | - 621369,58 |
| P365 | - 490989,51 | - 490355,58 |
| P550 | - 316710,45 | - 316625,17 |

A intensidade de seleção deve ser associada ao coeficiente de herdabilidade, trabalhando no sentido de aumentar esse coeficiente através da diminuição da variância ambiental, dessa forma aumentando a precisão na seleção, perdendo-se poucos alelos, de forma aleatória, favoráveis (MALHADO et al., 2008).

Deve-se destacar que, esse trabalho utiliza o banco de informações de rebanhos comerciais, tais dados são fornecidos pelos próprios pecuaristas, com acessória e vistoria da ABCZ, dessa forma, qualquer possível efeito mais severo, que possa ter sido causado em virtude da depressão endogâmica, não estão catalogadas.

A depressão devido a endogamia sobre características econômicas podem ser vistas na literatura (CAROLINO; GAM, 2008; CARRILLO; SIEWERDT, 2010; FALCÃO et al., 2001; SHIMBO et al., 2000; SILVA, MARCOS VINÍCIUS GUALBERTO BARBOSA et al., 2001).

Analisando uma subpopulação, compreendendo os animais nascidos no estado do Tocantins, dos Nelores criados no bioma Amazônia, usando metodologia de mínimos quadrados, Dotta et al. (2013) observaram que a endogamia afetou de modo adverso os pesos a desmama, ao ano e ao sobreano. O peso a desmama sofreu influência da endogamia direta com efeito quadrático, sendo que a consequência depreciativa do peso foi observada com endogamia superior a 22%. Os autores salientam que a endogamia afetou, de modo menos severo, o peso ajustado aos 365 e 550 dias, entretanto observou-se redução de peso com o aumento da endogamia, com destaque para o peso ao ano. Sendo ressaltado pelos autores que, efeitos negativos da endogamia sobre características de crescimento podem resultar em perdas econômicas para a bovinocultura de corte brasileira.

Segundo Magnabosco; Lopes; Mamede (2012), avaliando o peso aos 120 e 210 dias de idade de Nelores mochos no bioma cerrado, observaram que, a partir de 8% de endogamia, houve redução do valor fenotípico para ambas as características.

A depressão devido a endogamia, com efeito quadrático, foi observada nas raças Bosmara e Marchigiana, quando avaliados o peso a desmama e aos 14 meses, segundo os autores o nível máximo de consanguinidade, antes de iniciar os efeitos deletérios nas características, é de 20% (SANTANA et al., 2015).

5 CONCLUSÃO

Os níveis de endogamia observados na população de bovinos Nelore, criados no bioma Amazônia, podem ser considerados moderados. Embora a endogamia afetou tenha afetado o desempenho das características produtivas estudadas.

O intervalo de gerações médio estimado encontra-se próximo ao observado na raça Nelore.

Recomenda-se acompanhar o processo de seleção e acasalamento dos rebanhos, a fim de se evitar o acasalamento endogâmicos, como também melhorar características importantes para a produção.

REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, A. L. S. DE. **ESTRUTURA POPULACIONAL DE UM REBANHO LEITEIRO DA RAÇA PARDO-SUÍÇA NO ESTADO DO CEARÁ**. 2010. 48f.: Dissertação (Mestre em Produção Animal) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2010.
- AMARAL, R. DOS S. et al. Parâmetros Populacionais do Rebanho Nelore Mocho Registrado no Nordeste Brasileiro. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 54–57, 2011.
- BOICHARD, D. **PEDIG: a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for large populations**, 2007.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics selection evolution**, v. 29, n. 1, p. 5–23, 1997.
- BOLDMAN, K. G. et al. **A manual for use for MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariance [DRAFT]**. [s.l.] Lincoln : Department of Agriculture/ Agricultural Research Service, 1995.
- CANAZA-CAYO, A. W. et al. Estrutura populacional da raça Girolando. **Ciência Rural**, v. 44, n. 11, p. 2072–2077, nov. 2014.
- CARNEIRO, P. L. S. et al. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 12, p. 2327–2334, 2009.
- CAROLINO, N.; GAM, L. T. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genetics selection evolution**, v. 40, p. 511–527, 2008.
- CARRILLO, J. A.; SIEWERDT, F. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 87–95, 2010.
- CEPEA/USP, C. DE E. A. EM E. A. **Relatório PIBAgro-Brasil RELATÓRIO**, 2014.
- CLEVELAND, M. A. et al. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **Journal of Animal Science**, v. 83, p. 992–1001, 2005.
- CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. [s.l.] Minneapolis: Alpha Editions, 1970.
- DOTTA, J. C. et al. **EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE O DESEMPENHO PRODUTIVO E REPRODUTIVO DE BOVINOS DA RAÇA NELORE CRIADOS NO BIOMA AMAZÔNIA** 9º seminário de iniciação científica. **Anais...2013** Disponível em: <<http://eventos.uft.edu.br/index.php/sic/ix/schedConf/presentations>>

FALCÃO, A. J. D. S. et al. Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos da raça Pardo-Suíça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 1, p. 83–92, 2001.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. Silva, M. A. Silva, J. C., Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow, UK: Longman Scientific and Technical, 1996.

FARIA, F. J. C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 1984–1988, 2001.

FARIA, F. J. C. et al. Estrutura Genética da Raça Sindi no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 4, p. 852–857, 2004.

FARIA, F. J. C. et al. Estrutura genética da raça gir mocha registrada no brasil. **Boletim de indústria Animal**, v. 63, n. 3, p. 135–141, 2006.

FRANCK, R. Inbreeding steals profits. **Dairy Herd Management**, p. 46–50, 1997.

GELMAN, A. et al. **Bayesian Data Analysis**. 3. ed. [s.l.] Chapman and Hall/CRC, 2013.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for monitoring genetic variability of populations using pedigree information. **Journal of Animal Science**, v. 122, p. 172–179, 2005.

HILL, W. G. A note on effective population size with overlapping generations. **Genetics**, v. 42, p. 317–322, 1972.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produto Interno Bruto brasileiro 2014**. Disponível em: <<http://saladeimprensa.ibge.gov.br/noticias.html?view=noticia&id=1&idnoticia=2857&busca=1&t=2014-pib-varia-0-1-totaliza-r-5-52-trilhoes>>. Acesso em: 15 ago. 2015.

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

LEROY, G. et al. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics, selection, evolution : GSE**, v. 45, n. 1, 2013.

LUSH, J. L. **Animal Breeding Plans**. 3. ed. Iowa: Iowa State College Press, Ames, 1945.

MACCLUER, J. W. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**, p. 394–399, 1983.

MAGNABOSCO, C. DE U.; LOPES, F. B.; MAMEDE, M. M. S. **Efeito da endogamia sobre pesos aos 120 e 210 dias de idade de bovinos da raça Nelore mocho criado no bioma cerrado.**In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 49, 2012, Brasília. **Anais...**Brasilia: SBZ, 2012Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/930197>>

MALHADO, C. H. M. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1163–1169, 2008.

MALHADO, C. H. M. et al. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordestino. **Revista Agropecuaria Brasileira**, v. 44, n. 7, p. 713–718, 2009.

MEDEIROS, S. B. DE. **Estrutura populacional dos rebanhos da raça saanen participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros.** 2011. 34f: Dissertação (Mestre em Produção Animal) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido; Mossoró, 2011.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics selection evolution**, v. 24, p. 305, 1992.

MISZTAL, I. et al. **BLUPF90 and related programs (BGF90)**Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. **Anais...**Montpellier, France: 2002Disponível em: <<http://www.cabdirect.org/abstracts/20033053736.html>>

MUNIZ, L. M. S. et al. A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de pedigree. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 64, n. 6, p. 1656–1664, 2012.

OLIVEIRA, H. P. Q. DE; **Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore.** 2010, 78f.: Tese (Doutorado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirasununga, 2010.

OLIVEIRA, P. S. et al. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 46, n. 6, p. 639–647, 2011.

PAIVA, A. L. DA C. **Endogamia na Raça Holandesa no Brasil.** 2010. 49f.: Dissertação (Magister Scientiae) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

PLUMMER, M. et al. CODA: Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC. **R News - The Newsletter of the R Project**, v. 6, n. 1, p. 7–11, 2006.

QUEIROZ, S. A. DE; ALBUQUERQUE, L. G. DE; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1014–1019, 2000.

RAFTERY, A. E.; LEWIS, S. . **How many iterations in the Gibbs sampler?** (J. M. Bernardo, et al., Eds.) **Bayesian Statistics 4. Anais...** Oxford University Press, pp., 1992

REIST-MARTI, S. B. et al. Weitzman's approach and conservation of breed diversity: An application to african cattle breeds. **Conservation Biology**, v. 17, p. 1299–1311, 2003.

ROSA, G. J. DE M. **Análise Bayesiana de Modelos Lineares Mistos Robustos Via Amostrador de Gibbs**. 1998. 56f.: Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade de São Paulo, Pirassununga, 1998.

SANTANA, J. M. L. et al. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in brazilian marchigiana and bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, v. 90, p. 99–108, 2015.

SAS INSTITUTE, I. **Statistical Analysis System user's guide** Cary: SAS Institute, USA, , 2000.

SHIMBO, M. V et al. **Inflência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore** 3º Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. **Anais...** Belo Horizonte: 2000

SILVA, MARCOS VINÍCIUS GUALBERTO BARBOSA, D. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 4, p. 1236–1242, 2001.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. **Journal of the Royal Statistical Society, Series B - Statistical Methodology**, v. 64, p. 583–616, 2002.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. **WinBUGS User Manual**, 2003. Disponível em: <<http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs> >

THOMPSON, J. R.; EVERETT, R. W.; HAMMERSCHMIDT, N. L. Effects of Inbreeding on Production and Survival in Holsteins. **Journal of dairy science**, v. 83, p. 1856–1864, 2000.

VERCESI FILHO, A. E. . et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, p. 609–617, 2002.

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