UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ANÁLISE DO PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

Ana Carolina de Jesus Oliveira
Zootecnista

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ANÁLISE DO PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

Ana Carolina de Jesus Oliveira

Orientador: Prof. Dr. Danísio Prado Munari

Coorientador: Prof. Drª Priscila Arrigucci Bernardes

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento Animal.

2022

O48a

Oliveira, Ana Carolina de Jesus
Análise do pedigree e estimativas de parâmetros genéticos para características de importância econômica de bovinos da raça Senepol / Ana Carolina de Jesus Oliveira. -- Jaboticabal, 2022
65 p. : tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientador: Danísio Prado Munari
Coorientadora: Priscila Arrigucci Bernardes

1. Melhoramento genético. 2. Bovino de corte. 3. Genética animal. 4. Genética quantitativa. 5. Diversidade genética. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ANÁLISE DO PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

AUTORA: ANA CAROLINA DE JESUS OLIVEIRA
ORIENTADOR: DANISIO PRADO MUNARI
COORIENTADORA: PRISCILA ARRIGUCCI BERNARDES

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

Profa. Dra. PRISCILA ARRIGUCCI BERNARDES (Participaçao Virtual)
Universidade Federal de Santa Catarina UFSC / FlorianopolisSC

Pós-doutoranda TATIANE CRISTINA SELEGUIM CHUD (Participaçao Virtual)
UOGELPH / University of Guelph - Canadá

Prof. Dr. MARCOS ELI BUZANSKAS (Participaçao Virtual)
Departamento de Zootecnia-Centro de Ciências Agrárias-UFPB / Areia/PB

Jaboticabal, 27 de julho de 2022

“É justo que muito custe o que muito vale”

Santa Tereza D’Avila

AGRADECIMENTOS

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de financiamento 001.

Primeiramente agradeço a Deus por sempre estar comigo em todos os momentos me amparando, guiando e por colocar em minha vida pessoas tão especiais.

Agradeço aos meus pais queridos, Claudemira e Ricardo que são exemplos de força e garra. Me proporcionaram oportunidades de estudo e me incentivam à batalhar pelos meus sonhos. Agradeço pelo apoio incondicional, pelos ensinamentos e pelo amor que sempre me deram, vocês foram essenciais para que eu chegasse até aqui.

Ao meu irmão, que me inspira e é alguém em que posso me espelhar, meu ombro amigo, aquele em que eu posso sempre contar.

Agradeço aos meus amigos de infância (Carolaine, Pâmela, Gláucia, João) por fazer a vida mais leve com nossas risadas. Aos novos amigos do grupo EAGMA (Júlia, Ana, Tádia, Larissa, Rafael, Thomáz) que fizeram parte de todo o processo da dissertação e sempre dispostos a ajudar no que precisasse.

Agradeço ao meu companheiro de vida Flávio, por sempre me apoiar, por compartilhar a vida, os sonhos e planos comigo e me proporcionar momentos imensamente felizes ao seu lado.

Agradeço aos funcionários da faculdade: portaria, limpeza, R.U, administrativo, em especial para os do Departamento de Exatas (Adriana e Shirley).

Agradeço aos professores que passaram pela minha trajetória até o mestrado, em especial para a Professora Carina Ubirajara de Faria, que através dela conheci e me apaixonei pelo melhoramento genético.

Agradeço a banca examinadora de qualificação (Fernando Sebastián Baldi e Henrique Nunes de Oliveira) e defesa (Dra Tatiane Cristina Seleguim Chud e Dr. Marcos Eli Buzankas) pelas sugestões e considerações no trabalho.

Agradeço a minha coorientadora Professora Priscila Arrigucci Bernades, pela paciência e compreensão, carinho e ensinamentos que foram além do âmbito acadêmico.

Agradeço ao meu orientador Professor Danísio Prado Munari, pelos ensinamentos, pela ética e generosidade, por sua dedicação conosco, pelas supervisões que foram essenciais para minha formação.

Agradeço a ANCP e sua equipe pela concessão dos dados para realização deste trabalho.

Sumário

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS 11

1. INTRODUÇÃO 11

2. REVISÃO DE LITERATURA 12

2.1. Estrutura da População 12

2.2. Integridade de pedigree 12

2.3. Endogamia 13

2.4. Tamanho efetivo da população 14

2.5. Número efetivo de fundadores 14

2.6. Número efetivo de ancestrais 15

2.7. Coeficiente de parentesco médio e coeficiente de endogamia 15

2.8. Parâmetros genéticos 16

3. Características de interesse econômico para a raça Senepol 17

3.1. Peso ajustado aos 365 dias de idade 17

3.2. Consumo alimentar residual 18

3.3. Ingestão de matéria seca 19

3.4. Espessura de gordura subcutânea 20

3.5 Espessura de gordura subcutânea na garupa 20

3.6. Área de olho de lombo 21

CAPÍTULO 2 - ESTRUTURA POPULACIONAL DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL UTILIZANDO ANÁLISE DE PEDIGREE 28

1. INTRODUÇÃO 30

2. MATERIAL E MÉTODOS 31

2.1. Descrição dos dados 31

2.2. Integridade de pedigree 32

2.3. Número efetivo de fundadores 32

2.4. Número efetivo de ancestrais 32

2.5. Razão entre *fe/fa* 33

2.6. Parâmetros populacionais relacionados com coeficiente de endogamia ...33
2.6.1. Coeficiente de parentesco médio ...33
2.6.2. Coeficiente de endogamia ...34
2.6.3. Tamanho efetivo da população ...34
2.6.4. Efeitos da endogamia sob características fenotípicas de interesse ...34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO ...35
3.1. Integridade de pedigree ...35
3.2. Número efetivo de fundadores, número de ancestrais e relação entre ambos 36
3.3. Parâmetros populacionais relacionados com coeficiente de endogamia ...37
4. CONCLUSÃO ...42
REFERÊNCIAS ...43
CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E TENDÊNCIAS GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICAS EM BOVINOS SENEPOL ...46
1. INTRODUÇÃO ...48
2. MATERIAL E MÉTODOS ...49
2.1. Descrição dos dados ...49
2.2. Controle de qualidade dos registros fenotípicos ...50
2.3. Estimativas de parâmetros genéticos ...51
2.5. Tendências genéticas ...52
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO ...52
3.1. Descrição dos dados ...52
3.2. Estimativas de parâmetros genéticos ...53
3.3. Tendências genéticas ...58
4. CONCLUSÕES ...61
REFERÊNCIAS ...62

ANÁLISE DO PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL

RESUMO – A raça Senepol possui adaptabilidade ao clima tropical e resistência à ectoparasitas. O conhecimento da estrutura da população e dos parâmetros genéticos e fenotípicos de características de importância econômica pode auxiliar no direcionamento dos acasalamentos e nos processos de seleção da raça. Os objetivos do trabalho foram avaliar e descrever a estrutura da população e estimar parâmetros genéticos para peso ajustado aos 365 dias de idade (P365), consumo alimentar residual (CAR), ingestão de matéria seca (IMS), espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de gordura subcutânea medida na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL) de bovinos da raça Senepol. Foram utilizados 4.053 registros de pedigree e fenótipos de 2.977 animais, cedidos pelo Programa ANCP Senepol (PAS) da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Os parâmetros populacionais foram estimados a partir de registros de pedigree utilizando o programa computacional ENDOG. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o modelo animal multicaracterística por meio do programa WOMBAT, e as tendências genéticas foram estimadas por meio de regressão linear de valores genéticos para cada característica em função do ano de nascimento. A variação dos valores fenotípicos de cada característica em função da variação dos coeficientes de endogamia dos indivíduos foi realizada por meio de regressão linear. Em relação a estrutura da população, o número de gerações completas, máxima e equivalente foram iguais a 3, 10 e 4,46 respectivamente. O número efetivo de fundadores *(fe)* foi igual a 50 e o número efetivo de ancestrais (*fa*) foi igual a 35, sendo a razão entre *fe* e *fa* de 1,42. O coeficiente de endogamia médio foi igual a 0,92%. Foi observado baixo tamanho efetivo da população e relação entre *fe* e *fa*, embora coeficientes de endogamia ainda se encontrem em níveis de menor magnitude e não foi observado perdas de desempenho fenotípico em função da variação dos coeficientes de endogamia. Sugere-se atenção quanto ao uso intensivo de reprodutores e monitoramento dos níveis endogâmicos para auxiliar nos acasalamentos dos rebanhos da raça. As estimativas de herdabilidade para as características estudadas variaram de 0,16(0,08) para CAR a 0,31(0,06) para AOL e EGP8. A partir das correlações genéticas, observou-se que a seleção para P365 pode favorecer animais com maior área de olho de lombo, entretanto a seleção para P365 está fortemente correlacionado com IMS (0,93±0,14), o que sugere atenção quanto a seleção de P365 devido influenciar em animais de maior consumo de matéria seca. A importância em controlar o aumento na IMS ao selecionar P365 se justifica pelo fato de que a correlação genética entre IMS e CAR positiva e desfavorável desde que animais de CAR positivo, ou seja, aqueles que consomem mais do que o esperado. As tendências genéticas foram significativas ($p<0,001$), para todas as características exceto AOL e EG. Entre as características apenas P365 e EGP8 tiveram progresso genético favorável aos objetivos de seleção, sendo que observou-se mudanças genéticas desfavoráveis para CAR e IMS significativas ($p<0,001$). Isto pode indicar que a seleção para P365 favoreceu indiretamente animais de maior mantença e que ingerem mais matéria seca e que por sua vez favorecem animais menos eficientes para CAR. Desde que CAR possa ser mensurado, sugere-se a inclusão desta característica no índice econômico da raça, uma vez que traz benefícios do ponto de vista ambiental e financeiro.

Palavras-chave: correlação genética, endogamia, herdabilidade, tamanho efetivo da população, taurinos adaptados

ANALYSIS OF THE PEDIGREE AND ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR CHARACTERISTICS OF ECONOMIC IMPORTANCE OF SENEPOL BREED CATTLE

ABSTRACT – Of recent use in the country, the Senepol breed has adaptability to the tropical climate and resistance to ectoparasites. Knowledge of population structure and genetic and phenotypic parameters of economically important traits can help guide mating and breed selection processes. Thus, this study aimed to evaluate and describe the population structure and estimate genetic parameters for adjusted yearling weight (YW), residual feed intake (RFI), dry matter intake (DMI), backfat thickeness (BF), rump fat thickness (RF) and rib eye area (REA) of Senepol cattle. A total of 4.053 pedigree records and phenotypes of 2.977 animals were used, provided by the ANCP Senepol Program (PAS) of the National Association of Breeders and Researchers (ANCP). Population parameters were estimated from pedigree records using the computer program ENDOG. Estimates of genetic parameters were obtained by the restricted maximum likelihood method, using the multitrait animal model through the WOMBAT program, and genetic trends were estimated by linear regression of genetic values for each trait as a function of year of birth. The variation of the phenotypic values of each characteristic as a function of the variation of the inbreeding coefficients of the individuals was performed by means of linear regression. Regarding the population structure, the number of complete, maximum and equivalent generations were equal to 3, 10 and 4.46 respectively. The effective number of founders (*fe*) was equal to 50 and the effective number of ancestors (*fa*) was equal to 35, with the ratio between fe and fa being 1.42. The average inbreeding coefficient was equal to 0.92%. In the present study, a low effective population size and a relationship between fe and fa were observed, although inbreeding coefficients are still at lower magnitude levels and no loss of phenotypic performance was observed due to the variation of inbreeding coefficients. It is suggested attention to the intensive use of breeders and monitoring of inbreeding levels to assist in the mating of herds of the breed. The heritability estimates for the studied traits were moderate, ranging from 0.16(0.08) for RFI to 0.31(0.06) for REA and RF. From the genetic correlations, it was observed that the selection for YW can favor animals with greater fat deposition in the rump and loin eye area, however the selection for YW is strongly correlated with DMI(0.93) and has a great influence on the effects environmental genetics, this correlation being unfavorable. The genetic correlation between IMS and CAR was positive and unfavorable, suggesting that animals with higher IMS are not selected. Genetic trends were significant ($p<0.001$) for all traits except AOL and EG. Among the traits, only YW and RF had genetic progress favorable to the selection objectives, it was observed unfavorable genetic changes for RFI and DMI significant ($p<0.001$), this may indicate that the selection for YW indirectly favored animals of greater maintenance and that ingest more dry matter and which in turn favor less efficient animals for RFI. The inclusion of the CAR characteristic in the economic index of the breed is suggested, since the reduction in food costs brings benefits from an environmental and financial point of view.

Keywords: genetic correlation, inbreeding, heritability, effective population size, adapted taurine

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

O Brasil se posiciona mundialmente como um dos maiores produtores de carne bovina e exportadores, sendo que o rebanho corresponde à aproximadamente 218,1 milhões de bovinos (IBGE, 2021). Segundo a ABIEC (2021), o Brasil possui condições climáticas, extensão de território, solos férteis e uso de tecnologias que favorecem o país na produção de proteína de origem animal. Dentre essas tecnologias, o melhoramento genético beneficia o aumento da eficiência produtiva do rebanho aliado à nutrição, sanidade e reprodução adequada. O melhoramento genético consiste na definição de um objetivo de seleção à médio e longo prazo e na seleção dos indivíduos de melhor potencial genético para a reprodução de forma a atender esse objetivo de seleção (Hill, 1974).

A produção de bovinos no Brasil é majoritariamente extensiva e de clima tropical, devido a isso, melhorias no potencial genético dos animais e adequação ao ambiente são fundamentais para maior eficiência dos sistemas de produção (Alencar, 2010). Deste modo, é necessário que os animais se adaptem aos solos e condições ambientais para potencializar seu desempenho. Dentre as raças taurinas adaptadas, a raça Senepol advinda do cruzamento entre as raças N'Dama (taurino africano) e Red Poll (taurino britânico), foi introduzida no Brasil nos anos 2000. A raça apresenta notoriedade no país por sua adaptabilidade aos climas tropicais devido ao gene *slick* que confere aos animais pelagem curta, o que facilita a dissipação do calor e consequentemente melhor termorregulação, além disso, o Senepol possui resistência à ectoparasitas e doenças, bem como capacidade crescimento em situações de baixa qualidade da pastagem (Olson et al., 2003).

Com a melhoria dos sistemas de produção, há maior interesse na busca por eficiência produtiva e se tem maior necessidade de programas de melhoramento genéticos bem estruturados (Bittencourt & Lôbo, 2006). A finalidade de um programa de melhoramento genético é aumentar a lucratividade dos produtores que nele participam, por meio da maximização da eficiência produtiva resultante do progresso genético para uma ou mais características de importância econômica.

O uso da raça Senepol nos rebanhos é relativamente novo e em populações menores a endogamia tende a aumentar devido os reprodutores possuírem ascendentes em comum. Assim, deve-se monitorar o tamanho da população, a endogamia entre os animais e consequentemente a variabilidade genética. A identificação dos animais que tem

contribuições genéticas relevantes nas populações, como exemplo os fundadores e ancestrais, visa contribuir para seleção adequada de reprodutores e evitar perdas por depressão endogâmica (Tino et al., 2020).

A implementação e o sucesso do programa de melhoramento genético dependem também da escolha adequada dos critérios de seleção e bem como de suas associações genéticas com outras características e de seus parâmetros genéticos (Koury Filho et al., 2010).

Dessa maneira, este trabalho teve como objetivo (1) avaliar e descrever a estrutura da população e (2) estimar os parâmetros genéticos e tendências genéticas para as características de importância econômica em bovinos de corte da raça Senepol, afim de aprimorar os programas de melhoramento genético da raça e traçar estratégias de seleção e acasalamentos adequados para a população estudada.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Estrutura da População

O conhecimento da diversidade genética dentro das populações tem recebido atenção pelos produtores e programas de melhoramento genético além de evitar a diminuição na produtividade dos animais devido a depressão endogâmica. Os registros de pedigree são utilizados com o intuito de avaliar a estrutura da população e a diversidade genética. Estes resultados fornecem informações sobre o parentesco entre a população, endogamia, entre outros fatores que influenciam na escolha dos reprodutores e que impactam o progresso genético do rebanho (Malhado et al., 2008).

2.2. Integridade de pedigree

A integridade de pedigree pode ser calculada pela quantidade de registros ausentes dos pais e nos informa o quão completo é o pedigree em cada geração. Registros de pedigree incompletos ou errôneos, bem como inserção recente de animais na população podem afetar a qualidade e acurácia das estimativas dos parâmetros genéticos e podem subestimar ou superestimar a endogamia entre os animais, ou seja, quanto mais completo o pedigree, melhor a acurácia de predição destas estimativas (Boichard et al., 1997; Gutierrez et al., 2003).

O número de gerações pode ser obtido de três formas: (1) número de gerações completas: definido como o número de gerações com descendência mais distante em que ambos os pais do indivíduo são conhecidos. Indivíduos com ascendência desconhecida são considerados fundadores (geração = 0). (2) Número máximo de gerações: número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais distante. (3) Gerações completas equivalentes: corresponde a soma de todos os ancestrais conhecidos e calculado como $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

Em bovinos da raça Simental, utilizando pedigree de mais de 77 mil animais, o número de gerações completas, máximas e equivalentes foram de 1,63, 5,33 e 2,89 (de Araujo Neto et., 2020). Para a raça Senepol, foi estimado valor de 6,79 para mínimo de gerações equivalentes (Okamura, 2015). Segundo Bernardes et al. (2016), maiores diferenças entre as estimativas de número de gerações completas e número máximo de gerações indicam perda de informação genealógica, o que resulta em menor número de gerações equivalentes.

2.3. Endogamia

O uso da endogamia como estratégia de acasalamento foi muito utilizado para definição das raças devido sua propriedade em fixar e padronizar características fenotípicas nos descendentes. Estes atributos foram explorados na seleção de características qualitativas (determinadas por poucos pares de genes) como exemplo a fixação de alelos para a presença de chifres propiciado devido aumento de homozigose na população (Falconer e Mackay, 1996).

A endogamia tem como principal causa a mudança na composição genotípica da população, devido a redução da quantidade de indivíduos heterozigotos e aumento da probabilidade de ocorrência em homozigose de genes recessivos no rebanho (Kimura, 1970). Uma das consequências do aumento da homozigose é a chamada depressão endogâmica que está associada a efeitos desfavoráveis gradativos como quedas no desempenho em características poligênicas, na sobrevivência e do vigor dos animais podendo ser interpretada como o efeito inverso da heterose em que se busca a maximização dos efeitos gênicos favoráveis (Carvalheiro, 2004).

Os registros de pedigree são um dos maiores gargalos para o monitoramento da endogamia e se tornam um viés na estimação da endogamia visto que pedigree incompletos ou errôneos são comuns em animais de produção e podem subestimar ou

superestimar este parâmetro. As estimativas baseadas nos registros de pedigree são influenciadas em quão completo é este pedigree. O controle e o estabelecimento de níveis de endogamia aceitáveis para a população estudada são essenciais para fornecer subsídios para criadores e programas e melhoramento genético afim de evitar os efeitos deletérios da depressão endogâmica (Ferencakovic et al., 2011).

2.4.Tamanho efetivo da população

O tamanho efetivo da população *(Ne)* é definido como o número de indivíduos de ambos os sexos que contribuem geneticamente em uma população (Wright, 1931). O *Ne* tem sido utilizado para estudos sobre diversidade genética por poder ser utilizado como medida de desempenho quanto à diversidade e endogamia e por sinalizar o status de risco da raça (FAO, 1998). Este parâmetro pode ser interpretado como a quantidade de animais que contribuiriam efetivamente para a taxa de endogamia obtida se estes fossem acasalados aleatoriamente ou a taxa de mudança na variância das frequências alélicas observadas na população em consideração (Gutierrez et al., 2009).

Em trabalho proposto por Meuwissen (1998), foram verificados *Ne* de 30 a 250 animais sem que houvesse perdas nos valores adaptativos da população. Valores mínimos de *Ne* de 50 animais foram estimados pela FAO (1998). Em bovinos Simental, o tamanho efetivo da população foi de 48, segundo de Araujo Neto et. (2020). Em estudo proposto por Santana Junior et al. (2016), com diversas raças zebuínas, foram relatados tamanho efetivo da população para a raça Nelore (100), Tabapuã (101), Gir (104), Guzerá (118) e Brahman (158,5). Em bovinos criados no Brasil, Piccoli et al. (2014) descreveram *Ne* para as raças Angus (245), Devon (92), Hereford (129) e Shorthorn (118).

2.5. Número efetivo de fundadores

Os fundadores são reprodutores com pai e/ou mãe desconhecidos. O número efetivo de fundadores (*fe*) pode ser definido como a quantidade daqueles que contribuíram de forma equilibrada para reproduzir a mesma diversidade genética que a população considerada e consequentemente são responsáveis pela composição genética do rebanho. Se os reprodutores contribuírem igualmente para a composição genética do rebanho, o *fe* irá corresponder à quantidade total de fundadores e quanto maior o *fe* maior a variabilidade genética do rebanho estudado (Lush, 1964; Lacy, 1989).

O número efetivo de fundadores em animais da raça Simental foi de 163 (Araujo Neto et., 2020). Para animais da raça Tabapuã foram encontrados valores de 124 fundadores efetivos (Bernardes et al., 2016). Em animais Senepol, o *fe* foi de 82 animais (Menezes et al., 2013).

2.6. Número efetivo de ancestrais

O número efetivo de ancestrais *(fa)* é um parâmetro que representa o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética da população estudada. O *fa* complementa a informação fornecida pelo *fe* por considerar perdas de variabilidade genética ocasionadas pelo uso desequilibrado de reprodutores no rebanho, produzindo gargalos genéticos. Baixas estimativas encontradas para número efetivo de ancestrais e fundadores propiciam menor tamanho efetivo populacional, o que contribui com menor variabilidade genética da população e por consequência maiores taxas de endogamia (Bernardes et al., 2016). Distâncias elevadas na proporção entre *fe* e *fa* nos indicam pequena contribuição dos fundadores na diversidade genética do rebanho ao longo das gerações, sendo o ideal é que esta distância seja próxima de 1 (Boichard et al., 1997).

O número efetivo de ancestrais encontrado para uma população de pedigree com 77.553 animais da raça Simental foi de 132 (Araujo Neto et al., 2020). Para animais da raça Tabapuã, foram estimados 110 ancestrais efetivos e a proporção de *fe* sobre *fa* foi de 1,13 (Bernardes et al., 2016). Para animais Senepol, foram preditos *fa* de 34 animais e a proporção *fe/fa* foi de 0,42 (Menezes et al., 2013).

2.7. Coeficiente de parentesco médio e coeficiente de endogamia

O coeficiente de parentesco médio (AR) pode ser expresso como duas vezes a probabilidade de que dois alelos aleatórios, sendo um do animal e outro da população, sejam idênticos por descendência ou definido como a probabilidade de que um alelo escolhido ao acaso dentro de uma população seja advindo de determinado animal (Goyache et al., 2003). O AR indica a contribuição genética ocasionada por este animal para a população total e a porcentagem de população gerada pelo mesmo. Este parâmetro é utilizado para mensurar a diversidade genética da população e verificar as consequências das estratégias de acasalamentos e pode ser empregado como medida de

endogamia de modo que em seu cálculo são considerados a endogamia individual e os coeficientes de ancestralidade (Gutiérrez et al., 2005; Cervantes, 2008).

O coeficiente de endogamia é um dos principais parâmetros de interesse visto que mensura a probabilidade de homozigosidade na população. Níveis altos deste coeficiente podem ocasionar depressão endogâmica causando diminuição da produtividade, principalmente de características de baixa herdabilidade bem como pela expressão de genes deletérios (Ollivier, 1981). Este parâmetro pode ser definido como a probabilidade de dois alelos pertencentes a um indivíduo serem idênticos por descendência. A endogamia representa o aumento em percentual dos pares de alelos em homozigose de um indivíduo endogâmico em relação à média da população considerada, resultante do acasalamento entre animais aparentados sendo que quanto maior o parentesco maior será esta probabilidade de herdar estes genes (Wright, 1922; Oliveira et al., 1999).

Em animais da raça Simental, Araujo Neto et al. (2020) encontraram médias de endogamia e coeficientes de parentesco de 1,49% e 0,99%, respectivamente. Em bovinos das raças Angus, Devon, Hereford e Shorthorn criados no Brasil, os coeficientes de endogamia e parentesco médio foram de 0,25 e 2,42, segundo Piccoli et al., (2014). Porcentagens de 60,4% e 8,9 foram estimadas para bovinos Marchigiana e Bonsmara (Santana et al., 2012). Em bovinos Senepol, 96% dos animais eram endogâmicos, porém dentre os endogâmicos 89,5% apresentaram níveis de endogamia menores ou iguais a 6,25% (Menezes et al., 2013). A compreensão do coeficiente de parentesco e de endogamia nos rebanhos possibilita determinar a proximidade genética entre os animais e planejar acasalamentos adequados e propiciar conservação da raça e evitar perdas produtivas por depressão endogâmica.

2.8. Parâmetros genéticos

Entre os parâmetros genéticos, a herdabilidade e a correlação genética podem ser definidos a partir da estimação de componentes de variância (efeitos genéticos aditivos e de ambiente) nas populações, sendo estes específicos para aquela população estudada (Robinson & Cockerham, 1965). Os métodos de estimação dos parâmetros genéticos têm grande impacto nos resultados assim como o estabelecimento de modelos que expliquem acuradamente a variação fenotípica das características e estes são indispensáveis para o delineamento dos programas de melhoramento genético (Faria et al., 2007).

A herdabilidade (h^2) é expressa pela razão entre variância genética aditiva e a variância fenotípica, sendo específica para cada característica e para cada população.

Quanto mais altas as estimativas, melhores são do ponto de vista de seleção por indicarem que as diferenças genéticas aditivas entre os animais são em grande parte responsáveis pela variação fenotípica da característica e mais rápida será a resposta a seleção. Baixas estimativas de h^2 indicam que grande proporção da variação fenotípica da característica é de origem ambiental e não aditiva e mais lento será a resposta de seleção para esta característica (Bourdon, 2000).

A correlação genética nos informa sobre a magnitude e direção de associação genética linear entre duas características e a probabilidade de serem afetadas pelos mesmos genes. Sua interpretação também é de âmbito populacional e não individual. A correlação fenotípica mede o grau de associação entre valores fenotípicos de duas características, e infere sobre o sentido das relações observáveis, porém não demonstra a magnitude dos componentes genéticos e ambientais. Em sua aplicação prática, a correlação genética nos permite prever a resposta de uma característica a partir da seleção de outra. O conhecimento da magnitude dos parâmetros genéticos e fenotípicos é importante para definição de estratégias de seleção e definir critérios de seleção adequados (Pereira, 2014).

3. Características de interesse econômico para a raça Senepol

3.1. Peso ajustado aos 365 dias de idade

A característica peso ajustado aos 365 dias de idade (P365) representa o desempenho em ganho de peso do animal no período pós desmama em que o animal desenvolve seu potencial de crescimento como menor influência dos efeitos maternos (Perotto et al., 2001; Rosa et al., 2013). Esta característica é mensurada dos 13 aos 18 meses de idade e é utilizada com frequência, uma vez que a obtenção do fenótipo é de fácil mensuração e possui correlação genética com rendimento ao abate (Razook et al., 2001; Greiner et al., 2009).

Em trabalho proposto por Kamprasert et al. (2019) com animais da raça Brahman, estimativas de herdabilidades para peso do nascimento até os 600 dias variaram de 0,28 a 0,50 sendo que a magnitude das estimativas aumentou de acordo com o avanço da idade no período estudado. Para bovinos Nelore foram estimadas h^2 de 0,24 a 0,45 e correlações genéticas favoráveis para características de crescimento e reprodutivas, o que indica variabilidade genética aditiva na população que propicia ganho genético se utilizada como critério de seleção (Yokoo et al., 2007; Souza et al., 2018; Barros et al., 2018).

Em animais da raça Senepol, estimou-se h^2 direta para peso ao sobreano (PS) de 0,23 segundo Martins, (2018), e correlações genéticas favoráveis positivas com características de carcaça para as características EG, AOL e conformação frigorífica e perímetro escrotal ao sobreano com correlação genéticas iguais a 0,17, 0,44, 0,81 e 0,26 respectivamente propiciando ganhos genéticos para crescimento e características de carcaça e reprodutivas. Neste estudo, a população de animais da raça Senepol utilizada incluiu animais puros e mestiços nascidos de 1961-2017 participantes de programas de melhoramento genético e da associação da raça, foi testado dois modelos em que no primeiro foram utilizados matriz de parentesco outro de 37.770 animais em que foram avaliadas apenas características de crescimento e no segundo modelo utilizou-se matriz de parentesco de 20.957 animais e analisadas características de crescimento, carcaça e reprodutiva. Neste estudo foi utilizado o modelo animal para a estimação de parâmetros por meio da metodologia baysiana em análises multicaracterística.

3.2. Consumo alimentar residual

A eficiência alimentar pode ser definida como a capacidade de um animal em converter o alimento ingerido em produto final, sendo carne ou carcaça em bovinos de corte (Gomes et al., 2012). O consumo alimentar residual (CAR) é um dos parâmetros utilizados para avaliar a eficiência alimentar, de forma independente do peso vivo metabólico e do ganho de peso diário, proposto inicialmente por Koch et al. (1963).

O CAR é calculado pela diferença entre a ingestão de matéria seca observada (IMS_{obs}) e a ingestão de matéria seca estimada (IMS_{est}) que são preditas por equações de regressão múltipla e se baseiam no peso vivo médio metabólico (PVMM) e no ganho médio diário (GMD) dos animais pertencentes ao mesmo grupo de contemporâneos. Animais de CAR negativo necessitam de menos nutrientes e consequentemente menor IMS_{est} para mantença e crescimento e ainda assim obtém resultados satisfatórios quando comparados com animais do mesmo grupo de contemporâneos sendo chamados de eficientes. Animais de CAR positivo são aqueles que consumiram mais IMS_{est} quando comparados com o seu grupo contemporâneos, considerados então menos eficientes (Barreta et al., 2018).

As avaliações do CAR são feitas após um período de adaptação prévia de alimentação de até 90 dias. As mensurações de IMS são feitas de forma individualizada sendo estes animais mantido em baias individuais ou em grupos. Para as avaliações, as quantidades de alimento e sobras devem ser pesadas e registradas diariamente. As

pesagens devem seguir cronograma que expresse a taxa de crescimento de forma mais fidedigna possível. Alguns equipamentos são utilizados para mensuração automática por exemplo Growsafe Systems e o Intergado (Marzocchi et al., 2020).

As estimativas de herdabilidade para CAR em bovinos de corte são consideradas moderadas para CAR sugerindo que esta característica é herdável. Koch (1963) obteve estimativas de 0,28 utilizando animais das raças Hereford, Angus e Shorthorn. Em meta-análise utilizando 22 artigos para verificar estimativas de parâmetros genéticos para CAR de diversas raças taurinas e zebuínas, as estimativas de herdabilidade foram em média de 0,25 (Del Claro et al., 2012).

Em trabalho com animais da raça Senepol, utilizando 1.281 animais oriundos de testes de eficiência alimentar e adotando o modelo animal, considerando como efeito fixo o GC e covariável de idade do animal no início do teste ajustado para GC, foram estimados h^2 para CAR igual a 0,12 (Pereira, 2020). Novo et al. (2021), ao utilizarem registros de 2.381 novilhas Senepol e teste de eficiência alimentar em idades entre 10 e 16 meses, considerando a metodologia de inferência Bayesiana e os efeitos fixos de GC e idade a mensuração (linear) observaram estimativas de h^2 igual a 0,20.

3.3. Ingestão de matéria seca

A ingestão de matéria seca (IMS) é uma das variáveis determinantes para a avaliação de eficiência alimentar. A IMS é obtida pela medição do consumo e de estimativas do teor de matéria seca da dieta (Seymour et al., 2019). Melhorar a eficiência na utilização dos nutrientes do alimento sem que haja perdas produtivas tem potencial para diminuir custos na alimentação. Entretanto, uma de suas limitações assim como o CAR, são os entraves quanto a métodos práticos para medir o consumo da dieta em grande número de animais, uma vez que são necessários equipamentos específicos para a medição diária do consumo alimentar (Pryce et al., 2015; Tempelman & Lu, 2020).

Em trabalho utilizando vacas e novilhas leiteiras em 10 populações, a matéria seca foi predita e padronizada para cada indivíduo e as estimativas de herdabilidade para IMS variaram de 0,12 a 0,53 (de Haas et al., 2015). Em bovinos da raça Senepol foi estimada herdabilidade de 0,32 e correlações genéticas favoráveis com área de olho de lombo, gordura subcutânea e escore de carcaça, sendo 0,51, 0,18 e 0,43, respectivamente (Novo et al., 2021). Em meta-análise proposta por Del Claro et al. (2012), utilizando diversos grupamentos genéticos, as estimativas de herdabilidade para IMS foram em média de 0,27.

3.4. Espessura de gordura subcutânea

A espessura de gordura subcutânea (EG) é mensurada entre a inserção da 12ª e 13ª costelas sobre os músculos *Longíssimus dorsi* (Figura 1). Esta característica é expressa em milímetros (mm) e indica o potencial genético para precocidade em acabamento de carcaça (Suguisawa, 2002). O padrão ideal para esta característica depende do mercado de consumo. Entretanto, a EG possui impacto na qualidade final da carne pois promove proteção da carcaça no processo de resfriamento no frigorífico evitando enrijecimento e escurecimento bem como redução de peso da carcaça. A produção de animais com o mínimo de gordura de cobertura (entre 2-3 mm) é recomendável, uma vez que este mínimo de acabamento propicia menor perda de água no resfriamento e impede o escurecimento da carne. Entretanto, o excesso de EG não é recomendado devido ao fato de que quanto maior a proporção de gordura na carcaça menor a proporção de músculo e, este limiar deve ser observado a fim de evitar desvalorização do produto (Bridi et al., 2009).

Em meta-análise proposta por Boito et al. (2018), utilizando 46 artigos, foi encontrado que a EG influencia no aumento linear dos rendimentos cárneos, principalmente no peso de carcaça quente e fria, o que influencia na diminuição em proporção da fração óssea e aumento na remuneração. Yokoo al. (2008) estimaram h^2 de 0,51 para EG em animais Nelore. Em bovinos Senepol estimativas de h^2 de 0,12 foram encontradas para EG (Martins, 2018).

3.5 Espessura de gordura subcutânea na garupa

A espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) é mensurada entre a intersecção dos músculos *Gluteus medius* e *Biceps femoris* localizada entre o ílio e o ísquio (Figura 1) e é expressa em milímetros (mm). A EGP8 é utilizada como medida complementar em situações em que a deposição de EG é inviabilizada e por nutrição inadequada, devido possuir boa acurácia, repetibilidade e alta correlação genética com EG e AOL.

Em trabalho proposto por Pires et al. (2017), correlações genéticas negativas foram estimadas para EPG8 e idade ao primeiro parto em animais da raça Canchim. A idade da vaca ao parto e idade a mensuração foram incorporadas nas análises de estimação de parâmetros genéticos além dos grupos de contemporâneos para características de carcaça devido características de deposição de gordura influenciarem a reprodução de fêmeas

(Wilson et al., 2000; Araujo et., 2004; Reverter et al., 2000). Yokoo et al. (2008) estimaram h^2 de 0,39 para EGP8 em animais zebuínos.

3.6. Área de olho de lombo

A área de olho de lombo (AOL) normalmente é obtida por meio de imagens de ultrassom colhidas de forma transversal no músculo *Longissimus dorsi* na região da 12ª e 13ª costelas, (Figura 1). Esta característica é expressa em centímetros quadrados (cm^2) e está associada com o rendimento de carcaça, principalmente de cortes nobres e musculosidade (Luchiari Filho, 2000).

As estimativas de h^2 para AOL variaram de 0,29 a 0,45 (Yokoo et al., 2008; De Paula et al., 2015; Buzankas et al., 2017) e apresentaram correlações genéticas moderadas com peso ao sobreano. Estimativas de h^2 de 0,66 foram encontradas para AOL por Marques et al. (2013) e correlações genéticas positivas foram estimadas entre AOL e EG. Em trabalhos com animais Nelore mocho, as estimativas de h^2 para AOL foram de 0,25 (Faria et al., 2015). Para animais Senepol estimativas de h^2 para AOL de 0,26 foram encontradas (Martins, 2018).

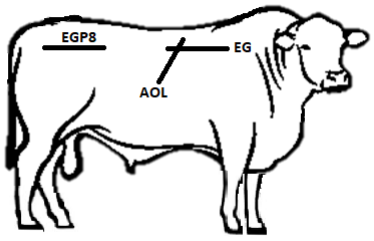

FIGURA 1. Locais de medidas por ultrassom para as características de carcaça, espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de gordura na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL). Adaptado de Sainz e Araújo (2002).

REFERÊNCIAS

ABIEC. (2021). Associação Brasileira das Indústrias Exportadoras de carne. Perfil da Pecuária no Brasil, http://abiec.com.br/publicacoes/beef-report-2021/.

ALENCAR, M. M. et al. (1981) **Efeitos da consanguinidade sobre pesos ao nascimento e à desmama de bezerros da raça Canchim.** Embrapa Pecuária Sudeste: ALICE p. 16.

BARRETA, D. A et al. CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL: UMA ALTERNATIVA PARA AUMENTAR A SUSTENTABILIDADE PECUÁRIA. **Revista Tecnológica** / v. 8, n. 2, p. 91 - 100, nov. 2018. Disponível em: <https://uceff.edu.br/revista/index.php/revista/article/view/283>. Acesso em: 07 maio 2022.

BOICHARD, D., MAIGNEL, L., VERRIER, E., The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetics Selection Evolution, v. **29**, n. 1, p. 5-23, 1997.

BARROS, I. C. D. et al. Genetic parameters estimation of growth in Polled Nellore cattle via random regression models. **Revista Ceres**, v. 65, n. 5, p.402-406,2018.

BERNARDES, P. A. et al. (2016) Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. **Livestock Science**, 187, 96–101.

BRIDI, A. M., CONSTANTINO, C. Qualidade e Avaliação de Carcaças e Carnes Bovinas. In: Congresso Parana-ense dos Estudantes de Zootecnia, Anais... Maringá, 2009.

BUZANSKAS, M. E. et al. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, New York, v. 92, p. 204–209, 2017

BOURDON, R. M. (2000) **Understanding animal breeding**. Upper Saddle River: Prentice-Hall, 538p.

CARVALHEIRO, R. et al. (2004) **Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento genético**. Workshop em genética e melhoramento na pecuária de corte. p. 10.

DE PAULA JUNIOR, E. H. et al. Associations between reproductive and carcass traits in Nellore. **Semina:Ciencias Agrarias**, v. 36, n. 6, p. 4423–4434, 2015.

ARAUJO NETO, F. R. et al. Population structure of Simmental beef cattle using pedigree analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 52, n. 3, p. 1513-1517, 2020.

DE HAAS, Y. et al. (2015) Genomic prediction of dry matter intake in dairy cattle from an international data set consisting of research herds in Europe, North America, and Australasia. **Journal of dairy science**, v. 98, n. 9, p. 6522-6534.

DEL CLARO, A. C., et al. (2012) Meta-análise de parâmetros genéticos relacionados ao consumo alimentar residual e a suas características componentes em bovinos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 302-310.

FALCONER, D. S. et al. **Introduction to quantitative genetics.** (1996) 4. New York: Harlow: Longman Group Ltd.

FARIA, C. U. et al. Inferência bayesiana e sua aplicação na avaliação genética de bovinos da raça nelore: revisão bibliográfica. **Ciência Animal Brasileira**, Goiânia, v. 8, n. 1, p. 75-86, 2007

FAO (1998) **Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Management of Small populations at Risk**. FAO, Rome, Italy. Available at: http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm, last accessed 24 March 2022.

FERENCAKOVIC, Maja et al. Runs of homozygosity reveal genome-wide autozygosity in the Austrian Fleckvieh cattle. **Agriculturae Conspectus Scientificus**, v. 76, n. 4, p. 325-329, 2011.

GOMES, R.C. et al. Ingestão de alimentos e eficiência alimentar de bovinos e ovinos de corte. Ribeirão Preto - SP: FUNPEC-RP, 2012. 81p

GOYACHE, F. G et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example, Journal Animal Breeding and Genetics, vol. 120, pp. 95-103, 2003

GREINER, S. P. Understanding Expected Progeny Differences (EPDs). Virginia Tech, 2009.

GUTIÉRREZ, J. P et al. Pedigree analysis of eight spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evoltion**, v.35, p.43-63, 2003

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

HILL, W.G. Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. **Animal Production** v.18, p.117–139. 1974.

IBGE, **Indicadores da Pecuária. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Pesquisa da Pecuária Municipal**, Brasília. Disponível em: <Available at https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado>. Acesso em: 27 Abr. 2022.

KAMPRASERT, N. et al. Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. **Animal**, 31 Cambridge, v. 13, n. 8, p. 1576–1582, 2019.

KOCH, R. M. et al. Efficiency of feed use in beef cattle. **J. Anim. Sci.,** v.22, p.486-494, 1963.

KOURY FILHO, W. et al. Genetic parameters estimates for visual scores and their association with body weight in beef cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1015-1022, 2010.

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

LUCHIARI FILHO, **A. Pecuária da Carne Bovina** São Paulo: A. Luchiari Filho (134 pp.), 2000.

LUSH, J. L. (1964) **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: Centro de Publicações Técnicas da Aliança, 570 p.
MAIGNEL L., BOICHARD D., VERRIER E. Genetic variability of french dairy breeds estimated frompedigree information. **Interbull Bull**, v.14, p.49–54, 1996.

MALHADO, C. H. M. et al. Melhoramento e estrutura populacional de bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.215-220, 2008

MARQUES, E. G. et al. **Estimate the genetic parameters of growth characteristics, carcass and scrotal perimeter in Nellore evaluated in weight gain performance tests in feedlot.** Bioscience Journal, v. 29, n. 1, p. 159-167, 2013.

MARZOCCHI, M. Z. et al. **Evaluation of test duration for feed efficiency in growing beef cattle.** Tropical Animal Health and Production, v. 52, n. 4, p. 1533-1539, 2020.

MENEZES, G. R. D. O. et al. Diversidade genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree. In: **Embrapa Gado de Corte-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 52., Belo Horizonte: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2015.

MEUWISSEN, T. H. E.& LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305-313, 1992.

NOVO, L. C. et al. Genetic parameters for performance, feed efficiency, and carcass traits in Senepol heifers. **Animal,** v. 15, n. 3, p. 100160, 2021.

Ollivier, L. (1981) **Éléments de génétique quantitative**. INRA et Masson, Paris, pp : 152.

OLSON, T. A. et al. Evidência de um gene importante influenciando o comprimento do pelo e a tolerância ao calor em bovinos Bos taurus **J. Anim. Sci**, v. 81, n. 1, p. 80-90, 2003

OKAMURA, V. (2015) **Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree**. 71 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul.

PEREIRA, G. D. M. (2020) **Parâmetros genéticos e fenotípicos para características ligadas ao consumo e à eficiência no uso da água em bovinos da raça Senepol**. 65 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4 .ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2014. 758p.

PICCOLI, M.L., et al. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **Journal of animal science**, v. 92, n. 5, p. 1920-1930, 2014.

PIRES, B. C. et al. Genetic analyses on bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. **Animal Production Science**, Clayton, v. 57, n. 3, p. 415– 421, 2016.

PRYCE, J. E. et al. Hot topic: Definition and implementation of a breeding value for feed efficiency in dairy cows. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 10, p. 7340-7350, 2015.

RAZOOK, A. G. et al. Efeitos de Raça e da Seleção para Peso Pós-Desmame sobre Características de Confinamento e de Carcaça da 15ª Progênie dos Rebanhos Zebu e Caracu de Sertãozinho (SP). Revista Brasileira de Zootecnia, v. 30, n. 1, 2001.

REVERTER, A. et al. Genetic analyses of live-animal ultrasound and abattoir carcass traits in Australian Angus and Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, v. 78, n. 7, p. 1786-1795, 2000.

ROBINSON, H.F.; COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. Fitotecnía LatinoAmericana, San José, v.2, p.23-38, 1965.

ROSA, A. D. N. et al. (2013) **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa**. Embrapa Gado de Corte: Livro científico p. 257 (ALICE).

SAINZ, R.D. E ARAÚJO, F.R.C. Uso de tecnologias de ultra-som no melhoramento do produto final carne. In: V **Congresso Brasileiro das Raças Zebuínas**, Uberaba, MG. 2002.

SEYMOUR, D. J. et al. Invited review: Determination of large-scale individual dry matter intake phenotypes in dairy cattle. **Journal of dairy science**, v. 102, n. 9, p. 7655-7663, 2019.

SOUZA, J. C. et al. Parâmetros e tendências genéticas para peso ao sobreano de animais Nelore criados no estado do Paraná, Brasil. **Revista colombiana de ciencia animal recia**, v. 10, n. 1, p. 68-73, 2018.

TEMPELMAN, R. J. & LU, Y. Symposium review: Genetic relationships between different measures of feed efficiency and the implications for dairy cattle selection indexes. **Journal of Dairy Science**, v. 103, n. 6, p. 5327-5345, 2020.

TINO, C. R. S. et al. Análise da estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 72, p. 560-564, 2020.

WRIGHT, S. (1931) **Evolution in Mendelian populations. Genetics**, 16, p.97-159.

YOKOO, M. J. I. et al. Estimation of genetic parameters for hip height, weight and scrotal circumference in Nelore cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, n. 6, p. 1761-1768, 2007.

YOKOO, M. J. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 117, p. 147–154, 2008.

CAPÍTULO 2 - ESTRUTURA POPULACIONAL DE BOVINOS DA RAÇA SENEPOL UTILIZANDO ANÁLISE DE PEDIGREE

RESUMO – Este trabalho teve como objetivo avaliar os parâmetros de estrutura populacionais e a relação linear dos coeficientes de endogamia com valores fenotípicos corrigidos para os efeitos fixos para peso aos 365 dias ajustado de idade (p365), consumo alimentar residual (CAR), ingestão de matéria seca (IMS), espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de gordura subcutânea medida na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL) de bovinos da raça Senepol. Foram utilizados 4.053 registros de pedigree e fenótipos de 2.977 animais, cedidos pelo Programa ANCP Senepol (PAS) da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). Parâmetros populacionais foram estimados a partir de análise do pedigree. O número de gerações completa, máxima e equivalente foram iguais a 3, 10 e 4,46 respectivamente. O número efetivo de fundadores *(fe)* foi igual a 50 e o número efetivo de ancestrais (*fa*) foi igual a 35, sendo a razão entre *fe* e *fa* de 1,42. Isto indica que não houve perda ou fixação de alelos nas populações devido a diminuição do número de reprodutores por gargalo genético. O coeficiente de endogamia médio foi de 0,92% e foi observado incremento do coeficiente de endogamia médio, parentesco médio e percentagem de animais endogâmicos ao longo das gerações. Observou-se pequena redução do coeficiente de endogamia médio entre os animais endogâmicos e baixo valor de tamanho efetivo da população (47,1) para a última geração. A regressão linear dos coeficientes de endogamia para as características P365, CAR, IMS, EG, EGP8 e AOL, não foi significativa ($p>0,05$). O baixo tamanho efetivo da população e relação entre *fe* e *fa* nos sugerem atenção quanto ao uso intensivo de reprodutores embora os coeficientes de endogamia ainda se encontrem em níveis aceitáveis, sem ter promovido declínio no desempenho fenotípico destes animais. Recomenda-se para os programas de melhoramento genético da raça e produtores o monitoramento constante dos níveis endogâmicos para melhor decisão nos acasalamentos.

Palavras-chave: bovinos de corte, endogamia, tamanho efetivo da população, taurinos adaptados

CHAPTER 2 - POPULATION STRUCTURE OF SENEPOL BREED CATTLE USING PEDIGREE ANALYSIS

ABSTRACT – This study aimed to evaluate the population structure parameters and the linear relationship of the inbreeding coefficients with the average phenotypic values for yearling weight (YW), residual feed intake (RFI), dry matter intake (DMI), backfat thickeness (BF), rump fat thickness (RF) and rib eye area (REA) of Senepol cattle. Phenotype records of 2.977 and 4.053 pedigree animals belonging to the ANCP Senepol Program (PAS) of the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) were used. The number of complete, maximum and equivalent generations were equal to 3, 10 and 4.46 respectively. The effective number of founders was equal to 50 and the effective number of ancestors was equal to 35, the ratio between the parameters was 1.42, indicating that there was no loss or fixation of alleles in the populations due to the decrease in the number of reproducers per genetic bottleneck. The average inbreeding coefficient was 0.92% and an increase in the average inbreeding coefficient, average relatedness and percentage of inbred animals was observed over the generations. There was a slight reduction in the average inbreeding coefficient among inbred animals and a low value of effective population size (47.1) for the last generation. Linear regression of inbreeding coefficients for traits YW, DMI, BF, RF and REA was not significant ($p>0.05$), with exception of RFI. The small effective population size the relationship between fe and fa suggest attention to the intensive use of breeders, although the inbreeding coefficients are still at acceptable levels without causing a decline in the phenotypic performance of these animals. It is suggested that for breed genetic improvement programs and producers, constant monitoring of inbreeding levels is recommended for a better decision on mating.

Keywords: beef cattle, inbreeding, effective population size, adapted taurine

1. INTRODUÇÃO

O Senepol é considerado uma raça taurina adaptada e é advinda do cruzamento entre as raças N'Dama (taurino africano) e Red Poll (taurino britânico) em meados do século XIX na Ilha de Saint Croix, Ilhas virgens. (Paula, 2017). A raça foi introduzida no Brasil a partir dos anos 2000 e dois anos após a chegada no país houve o primeiro registro. Foram estimados 99.778 animais registrados no país desde sua introdução até o ano de 2018, segundo a Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Senepol (ABCB Senepol, 2019). O primeiro sumário da raça foi publicado em 2008.

A procura por animais Senepol no país é devido seus atributos de rusticidade, apresentando vantagens em situações de estresse térmico como do Brasil Central. Esse aspecto se deve principalmente por meio do gene *slick hair* presente na raça que propicia pelagem curta e possibilita maior troca de calor do animal com o meio e, como consequência, maior dissipação de calor. O gene *slick hair* foi introduzido em vacas holandesas e propiciou capacidade de termorregulação ao calor superior em relação ao grupo de animais que não apresentavam o gene (Dikmen et al., 2014). Neste contexto, entende-se que o melhor controle da homeostase favorece aspectos de produtividade, visto que o animal gasta menos em energia para mantença e homeostase corporal e direciona mais energia para produção de carne (Olson et al., 2003).

Devido os aspectos citados de rusticidade da raça Senepol, houve a propagação da raça e aumento do rebanho. Este, em geral, se deve principalmente ao uso da transferência de embriões e a fertilização in vitro (FIV), o que leva ao aumento do número de animais da raça, em menor intervalo de gerações e maior intensidade de seleção, o que propicia maximização do ganho genético do rebanho (Pereira, 2014). Entretanto, o aumento da intensidade de seleção restringe a um pequeno número de touros e matrizes, deste modo poucos reprodutores possuem grande proporção de filhos no rebanho. Em adição, há o fato de os rebanhos brasileiros terem origem de poucos criatórios da Ilha de Saint Croix (Paula, 2017). Estes fatores, associados com a permanência dos mesmos touros por longos períodos em centrais de inseminação, levam a maior necessidade de monitoramento dos acasalamentos e do grau de parentesco entre os reprodutores. Devido ao uso massivo, estes contribuem para a perda da variabilidade genética e como consequência ao aumento de endogamia (Weigel, 2001).

A utilização intensa de animais aparentados como os pais das próximas gerações propicia aumento de endogamia na população e este está associado com a redução no valor fenotípico médio para uma ou mais características, bem como redução do vigor e

sobrevivência dos animais, chamada de depressão endogâmica. Pode haver também aumento de ocorrência de genes deletérios recessivos em homozigose e, este pode resultar em anomalias, nanismo, despigmentação e prognatismo mandibular (Miglior & Burnside, 1995; Carvalheiro, 2004; Pereira, 2014). Em animais da raça Canchim foi observada redução de 1,49 kg em machos e 0,98 kg em fêmeas sob a característica peso a desmama com incremento de 1% no coeficiente de endogamia (Alencar et al., 1981). Reduções de peso aos 365 dias também foram encontradas de animais da raça Gir (Queiroz et al., 2000). Assim, o monitoramento dos níveis endogâmicos entre reprodutores e os consequentes efeitos sob o desempenho fenotípico na população devem ser monitorados constantemente nos programas de melhoramento da raça. Dessa maneira, o objetivo do presente estudo foi estimar parâmetros relacionados com a estrutura populacional e diversidade genética bem como seus efeitos no desempenho fenotípico de bovinos da raça Senepol.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Descrição dos dados

Registros fenotípicos de 2.977 animais machos e fêmeas sendo 1.680 machos e 1.297 fêmeas, nascidos entre 2010 a 2018 participantes de provas de eficiência alimentar, e registros de pedigree de 4.053 animais da raça Senepol foram utilizadas para estudo da estrutura da população. Os dados foram obtidos pela Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP) por meio de informações de diversas fazendas que fazem parte do Programa ANCP Senepol (PAS). Dentre os 4.053 de animais apenas 363 não possuíam registros de pelo menos um dos pais.

Para as análises de pedigree foi utilizado o programa ENDOG versão 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005). Os parâmetros populacionais estudados foram integridade de pedigree, número efetivo de fundadores, número efetivo de ancestrais, coeficiente de endogamia, incremento do coeficiente de endogamia por geração, incremento do coeficiente do parentesco médio e tamanho efetivo da população. Os registros fenotípicos ajustados para os efeitos fixos foram utilizados para avaliar o valor fenotípico médio em função das estimativas de endogamia por meio de regressão linear das características de peso ajustado aos 365 dias de idade (P365), consumo alimentar residual (CAR), ingestão de matéria seca (IMS), espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL). Não foi possível obter

estimativa de intervalo de geração devido ausência de informações sobre datas de nascimento de todos os animais do pedigree.

2.2. Integridade de pedigree

É utilizada para avaliar o quão completo é o pedigree, ou seja, informa a quantidade de presença ou ausência dos registros de ascendentes dos indivíduos. O número de gerações foram calculados de três formas: número de gerações completas, que representa o número de gerações em que pai e mãe são conhecidos; número de gerações máximas, representado pelo número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais distante sendo ambos os pais conhecidos ou não; número de gerações equivalentes, somatório dos ancestrais conhecidos e calculado como $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

2.3. Número efetivo de fundadores

Indivíduos que possuíam pai e/ou mãe desconhecidos foram considerados fundadores. O número efetivo de fundadores (*fe*) representa os animais que contribuem de forma equilibrada para reproduzir a mesma diversidade genética da população considerada, possuindo partição expressiva sob a composição do rebanho. Este parâmetro pode ser calculado pela seguinte fórmula:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2}$$

Em que q_k é a probabilidade de origem do gene do $k_{ésimo}$ ancestral.

2.4. Número efetivo de ancestrais

O número efetivo de ancestrais (*fa*) representa o número de ancestrais (fundadores ou não) que explicam a variabilidade genética da população considerada. Este parâmetro pode ser calculado pela seguinte fórmula:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^{a} q_j^2}$$

Em que q_j é a contribuição marginal de um $j_{ésimo}$ ancestral sendo a contribuição genética adicional feita por um ancestral que não foi anteriormente explicado por outro ancestral em seu cálculo.

2.5. Razão entre *fe/fa*

A razão entre o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais $\left(\frac{fe}{fa}\right)$, pode ser utilizada para identificar possíveis gargalos genéticos na população estudada. Recomenda-se valores próximos ou iguais a 1, pois é indicativo que na população considerada os reprodutores não promoveram gargalo genético, sendo que valores altos da razão entre estes parâmetros sugerem efeito de gargalo genético na população.

2.6. Parâmetros populacionais relacionados com coeficiente de endogamia

2.6.1. Coeficiente de parentesco médio

O coeficiente de parentesco médio (AR) numericamente pode ser expresso como duas vezes a probabilidade de que dois alelos aleatórios, sendo um do animal e outro da população, sejam idênticos por descendência (Gutiérrez & Goyache, 2005). O AR indica a contribuição genética ocasionada por determinado animal em todo o pedigree e independe do conhecimento de seu próprio pedigree. Este parâmetro foi obtido por algoritmo proposto por Gutiérrez & Goyache (2005) que determina o vetor c' como:

$$\mathbf{c'} = (1/n)\ \mathbf{1'A} \qquad \textbf{[1]}$$

Em que a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco A, que possui tamanho n x n. O numerador de parentesco também pode ser determinado pela matriz P em que Pij = 1 se j é pai de i e Pij = 0 se não for, que define os pais dos animais (QUAAS, 1976)

$$\mathbf{A} = (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P})^{-1}\ \mathbf{D}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P'})^{-1} \qquad \textbf{[2]}$$

D é a matriz diagonal com elementos não-zero obtidos:

$$dii = 1 - ¼\ ajj - ¼\ akk \qquad \textbf{[3]}$$

Onde j e k são os pais do indivíduo i:

$$\text{De } \textbf{[2]},\ \mathbf{A}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P'}) = (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P})^{-1}\ \mathbf{D}$$

Faz-se pré-multiplicação por (1/n) **1':**

$$(1/n)\ \mathbf{1'}\ \mathbf{A}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P'}) = (1/n)\ \mathbf{1'}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P})^{-1}\ \mathbf{D}$$

E usando **[1]**:

$$\mathbf{c'}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P'}) = (1/n)\ \mathbf{1'}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P})^{-1}\ \mathbf{D}$$

Multiplicando **c'** entre parênteses e isolando **c':**

$$\mathbf{c'} = (1/n)\ \mathbf{1'}\ (\mathbf{I} - ½\ \mathbf{P})^{-1}\ \mathbf{D} + ½\ \mathbf{c'}\ \mathbf{P'} \qquad \textbf{[4]}$$

2.6.2. Coeficiente de endogamia

O coeficiente de endogamia pode ser definido a probabilidade de dois alelos pertencentes a um indivíduo serem idênticos por descendência e foi calculado conforme proposto por (Wright, 1922), por meio do algoritmo de Meuwissen & Luo (1992). O incremento ou aumento de endogamia por geração foi estimado por:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

Em que F_t e F_{t-1} são as médias de endogamia na $t_{ésima}$ e $t_{ésima-1}$ geração.

No presente estudo a média de coeficiente de endogamia foi calculada ao longo dos anos utilizando apenas os animais que possuíam registros fenotípicos (2.977).

2.6.3. Tamanho efetivo da população

O tamanho efetivo da população *(Ne)* é definido como o número de indivíduos de ambos os sexos que contribuiriam para o atual aumento de endogamia se estes contribuíssem de mesmo modo na geração posterior (Wright, 1931). Pode ser calculado como:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

2.6.4. Efeitos da endogamia sob características fenotípicas de interesse

Para as estimativas que possuíam registros fenotípicos de P365, CAR, IMS, EG, EGP8 e AOL (Tabela 1) foram observados valores dos coeficientes de endogamia. A relação linear dos coeficientes de endogamia dos valores fenotípicos corrigidos para os efeitos fixos para as características citadas foram estimadas por meio da análise de regressão linear utilizando o programa R (R Core Team, 2020).

Tabela 1. Número de animais (N), média de valores fenotípicos, desvio-padrão (DP) para características de importância econômica para bovinos da raça Senepol.

Característica	N	Média	DP	CV
P365 (kg)	1914	338,0	63,610	18,82
CAR	530	0,0006	0,672	-
IMS (kg)	531	10,367	2,086	20,12
AOL (cm2)	1591	63,42	11,784	18,58
EG (mm)	1576	4,06	2,215	54,56
EGP8 (mm)	1178	5,06	2,467	48,75

P365 = peso ajustado aos 365 dias; CAR = consumo alimentar residual; IMS = ingestão de matéria seca; AOL = área de olho de lombo; EG = Espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura subcutânea medida na garupa

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Integridade de pedigree

A integridade de informação do pedigree por geração está demonstrada na Figura 1. Da primeira a sexta geração foi demonstrada baixa integridade de pedigree (< 10%) e nas quatro últimas gerações observou-se média de 95% das informações presentes, o que demostra escassez de informações de pedigree para os animais mais velhos.

A raça Senepol foi introduzida no país nos anos 2000 sendo o primeiro animal registrado da raça foi no ano de 2002 (ABCB Senepol), mas apenas em 2012 foi implementado o sistema eletrônico de comunicações que substituiria o controle zootécnico manual e adoção de genotipagem para confirmação de paternidade como premissa para os registros genealógicos de nascimento (RGN). Em 2010 foi lançado o primeiro programa de melhoramento da raça Senepol pelo programa Geneplus-Embrapa (Paula, 2017). Em 2017 foram viabilizados o Programa de Melhoramento Genético do Senepol (PMGS) que consiste no registro genealógico e avaliações genética. O programa ANCP Senepol (PAS) fomentado pela ANCP teve sua primeira avaliação genética disponibilizada no ano de 2018 e o primeiro sumário divulgado em 2020. A escassez de informações para animais mais velhos pode ser explicada devido os registros genealógicos e programas de melhoramento da raça serem relativamente recentes (quatro anos) no país.

O aumento do rebanho Senepol nos últimos anos pode ser considerado outro fator que influencia no maior número de informações para as últimas gerações, segundo a ABCB Senepol, (2017), associação que realiza os registros genealógicos da raça, observou-se aumento de 31% em relação ao ano de 2015, no total de registro definitivo (RGD) acumulado até o ano de 2016 representando 22.246 (RGD).

No presente estudo foi observada três gerações completas e dez gerações máximas., para as gerações equivalentes foi calculado por meio da equação 4,46 gerações. A geração completa corresponde a geração em que ambos os ancestrais são conhecidos enquanto o número máximo de gerações expressa o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais distante.

Na população estudada, observou-se diferença entre gerações máximas (10) e gerações completas (3). Diferenças estimadas sugerem perda de informações de pedigree ao longo das gerações e indicam necessidade de monitoramento da genealogia da população (Bernardes et al., 2016). Resultados obtidos no presente estudo foram

semelhantes aqueles encontrados por Barrera (2017) para a raça Caracu, quanto ao número médio de gerações completas (3), máxima (9,22) e equivalentes (5,43).

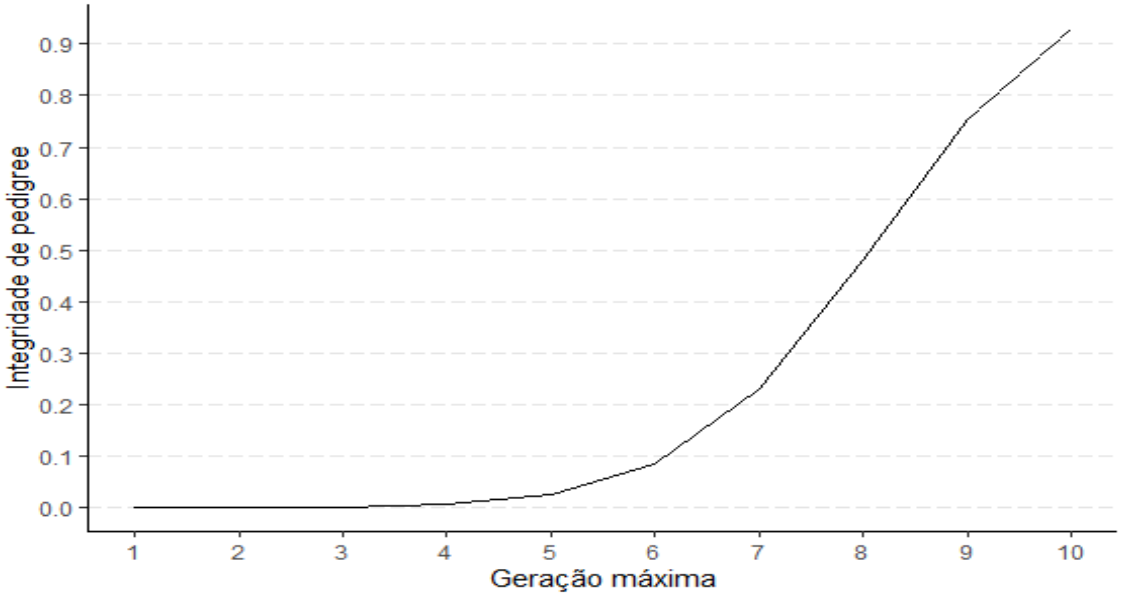

Figura 1. Integridade de pedigree ao longo de 10 gerações obtidas pelo cálculo de gerações máximas para bovinos da raça Senepol.

3.2. Número efetivo de fundadores, número de ancestrais e relação entre ambos

O número efetivo de fundadores (*fe*) foi de 50 (Tabela 2), valor menor do que o número total de fundadores (324), indicando que poucos animais são responsáveis pela variabilidade genética da população. Considerando a contribuição desbalanceada dos fundadores com ausência de seleção, a endogamia esperada foi igual a 0,88%. O número efetivo de ancestrais (*fa)* no presente estudo foi de 35 animais e indica uso intenso de poucos reprodutores nos períodos analisados, provavelmente devido ao uso de transferência de embriões e fertilização *in vitro*. Essas biotécnias reprodutivas são usuais na raça Senepol e favorecem o aumento do coeficiente de endogamia.

No presente estudo 50% da variabilidade genética da população foi explicada por apenas 12 ancestrais. Estimativas similares foram encontradas em bovinos da raça Nelore linhagem Lemgruber, em que apenas sete animais explicariam a variabilidade da população e a endogamia esperada foi de 1,62% considerando contribuição desbalanceada dos fundadores, utilizando registros de pedigree de 39.290 animais e sendo que a população referêncial de ancestrais foi igual a 2.380 animais (Oliveira et al., 2011). Em bovinos da raça Simental os valores obtidos para número efetivo de fundadores (163)

e número efetivo de ancestrais (132) foram maiores, entretanto estes autores utilizaram informações de um conjunto de dados maior que do presente estudo, contendo 77.553 animais (Araujo Neto et al., 2019)

A relação entre *fe* e *fa* indica possíveis gargalos genéticos na população, que pode ser causado como por exemplo devido a utilização intensa de reprodutores por inseminação artificial (Boichard et al., 1997). No presente estudo foi estimado valor igual a 1,42 e se encontra próximo a valores obtidos em bovinos da raça Tabapuã (1,13) (Bernardes et al., 2016), e de bovinos Nelore criados no bioma da Amazonia (1,03) em trabalho realizado por Costa et al. (2019). A estimativa do presente estudo indica que a variabilidade genética da população pode ter sido influenciada pelo efeito de gargalo genético, entretanto de menor magnitude, o qual se fosse mais intenso poderia causar perda ou fixação de alelos nas populações devido a diminuição do número de reprodutores.

Tabela 2. Parâmetros populacionais de bovinos da raça Senepol.

Parâmetros populacionais	N
Número animais do pedigree	4053
Base população (com um ou mais ancestrais desconhecidos)	363
População referência[1]	3690
Número de ancestrais que contribuíram para a população referência	307
Número de fundadores	324
Número de ancestrais	307
Número efetivo de fundadores (*fe*)[2]	50
Número efetivo de ancestrais (*fa*)[3]	35
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	12

[1]São considerados animais com ambos os pais conhecidos. Fundadores possuem pai e mãe desconhecidos. [2]O número de fundadores responsáveis pela composição genética da população. Ancestrais podem ser fundadores ou não. [3]O número de ancestrais responsáveis pela composição genética do rebanho.

3.3. Parâmetros populacionais relacionados com coeficiente de endogamia

Estimativa de endogamia média igual a 0,92% e média de parentesco médio entre os indivíduos igual a 3,35% foram encontradas para a população estudada (Figura 2). Valores similares e maiores foram obtidos para bovinos das raças Angus, Devon, Hereford e Shorthorn criados no país, em que o coeficiente de endogamia teve variação de 1,16% a 2,82% para as diferentes raças e valores menores de média de parentesco médio foram observados por estes autores, os quais tiveram variação de 0,25% a 2,42% (Piccoli et al., 2014). Em trabalho com animais zebuínos das raças Brahman, Gir, Guzerá,

Indubrasil, Nelore, Sindi e Tabapuã o coeficiente de endogamia média teve variação de 2% a 3% com exceção da raça Indubrasil, com coeficiente de endogamia maior de 6%.

Do total de 4.053 animais do arquivo de pedigree, 1.048 (25,85%) tiveram coeficiente de endogamia (F) diferente de zero e estimativas de F médio igual a 3,56% com valor máximo de 25%. Ao se avaliar a média de coeficiente de endogamia ao longo dos anos foi observado oscilação do coeficiente de endogamia ao longo dos anos, sendo que os anos de 2015 a 2017 houve redução neste valor. Esta oscilação pode ser explicada devido a atuação e implantação do Programa ANCP Senepol ter iniciado em 2017 e sendo que nos anos que se aproximam de 2017 pode ter aumentado o interesse dos proprietários em controlar melhor o rebanho. Entretanto, foi estimada alta percentagem de animais com algum grau de endogamia (25,85%), sugerindo acasalamento entre indivíduos aparentados, o que pode diminuir a diversidade genética da população, mesmo que 93% dos animais endogâmicos possuíam F de baixa magnitude (até 1%).

O aumento de endogamia para gerações completas foi de 0,95% quando ambos os pais são conhecidos. Para geração máxima, foi de 0,23% quando toda a informação de seus ancestrais foi considerada e para gerações equivalentes foi de 0,67%. Os valores de endogamia observados na população podem ser considerados baixos. O *Ne* foi igual a 52,65 para gerações completas e 216,41 para gerações máximas. O aumento do ΔF para a geração completa pode ser explicado pois, quanto mais informações de seus ascendentes conhecidos melhor a estimativa da endogamia.

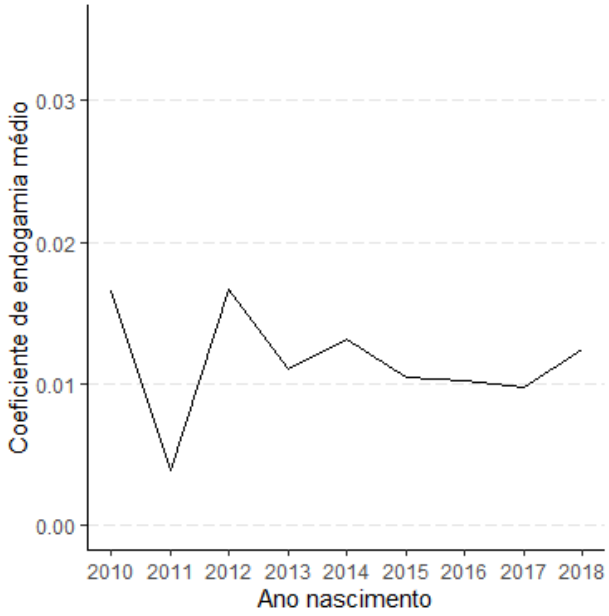

Figura 2. Média de coeficiente de endogamia por ano de nascimento de bovinos da raça Senepol

O coeficiente médio de endogamia, a porcentagem de animais endogâmicos, a endogamia média entre os animais endogâmicos, o tamanho efetivo da população e o parentesco médio por geração estão demonstrados na Tabela 3. Conforme o avanço das gerações maior a percentagem de animais endogâmicos e maior o parentesco médio entre os indivíduos, que podem ser explicadas pelo avanço do uso da raça no país pelo uso de poucos reprodutores em centrais de inseminação.

Tabela 3. Número de animais por geração (N), tamanho efetivo por geração (Ne), coeficiente médio de endogamia (F), porcentagem de animais endogâmicos, coeficiente de endogamia médio entre os endogâmicos e parentesco médio (AR) por geração completa.

Geração completa	N	Ne	F	Animais Endogâmicos (%)	F médio dos endogâmicos	AR
0	363	-	0,0000	0,0000	0,0000	0,0092
1	1769	141,1	0,0035	0,0723	0,0489	0,0291
2	1761	42,4	0,0152	0,4480	0,0341	0,0418
3	160	47,1	0,0257	0,8187	0,0314	0,0445

Embora a percentagem de animais endogâmicos tenha aumentado, houve pequena redução de endogamia entre os endogâmicos. Isto pode nos indicar que ocorreu controle e monitoramento dos acasalamentos entre animais aparentados. O tamanho efetivo da população teve variação de 141,1 na geração 1, para 47,1 na geração 3. Recomenda-se tamanho efetivo de no mínimo 50 animais por geração, e alerta para o status de risco nesta população (FAO, 1998). Em trabalho proposto por Meuwissen (1992), foram estimados *Ne* de 31 a 250 animais para que não ocorra perdas nos valores adaptativos da população como consequência da depressão endogâmica. Em estudos com animais zebuínos nas populações das raças Nelore, Gir e Guzerá o tamanho efetivo teve variação de 41 a 117 animais (Faria et al., 2009). Em animais da raça Simental, baixas estimativas de *Ne* foram encontradas sendo igual a 48,03 (Araujo Neto et., 2020).

O tamanho efetivo em níveis críticos indica o uso intenso de poucos reprodutores e estes representam grande contribuição na diversidade genética da população. Se faz necessário que programas de melhoramento genético e produtores monitorem a endogamia e utilizem estas informações nas decisões dos acasalamentos assim como diversificar o uso dos pais das próximas gerações afim de evitar o declínio de variabilidade genética dentro da raça.

A média do coeficiente de endogamia para P365 (Figura 3) foi igual a 0,05% e houve variação de 0 a 0,25. A análise estatística t não foi significativa para P365 (p=

0,4855) para o coeficiente de regressão e indica que o efeito de endogamia não influenciou no desempenho de P365. Os valores encontrados de endogamia no presente estudo foram baixos e este fator pode ter influenciado a ausência do efeito de endogamia sobre P365.

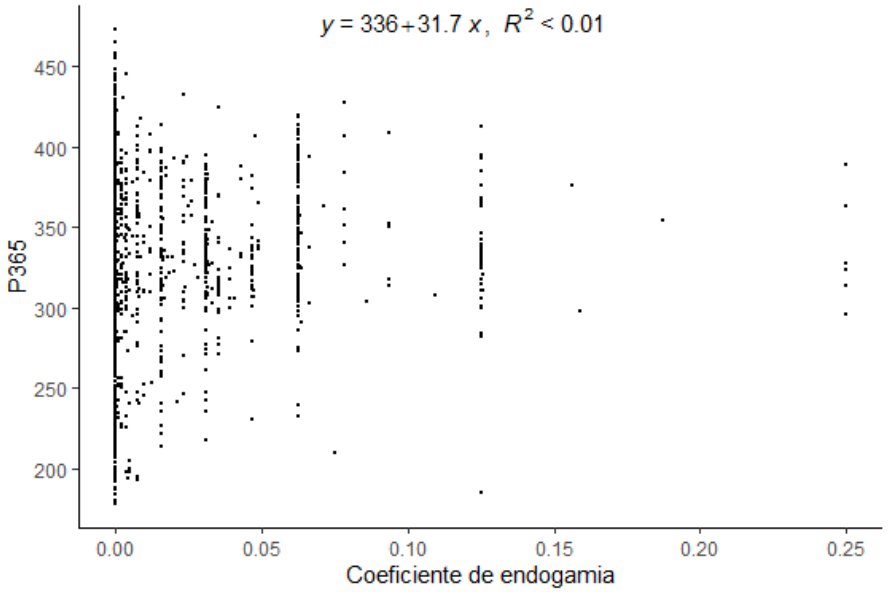

Figura 3. Médias dos valores fenotípicos corrigidos para efeitos fixos em função dos coeficientes de endogamia médios para peso ajustado aos 365 dias de idade (P365), coeficiente de regressão não significativo (p-valor= 0,4291, b= 31,7) pelo teste de t Student.

A média do coeficiente de endogamia para CAR e IMS (Figura 4) foi igual a 0,18% e houve variação de 0 a 0,25%. A análise estatística t foi significativa para CAR (p= 0,02125) e não significativa para IMS (p= 0,2696) para o coeficiente de regressão. A influência da endogamia sob a característica CAR pode ser elucidada devido a seleção para peso ter como consequência animais de maior mantença e ingestão de matéria seca o que pode ter ocasionado na população animais de CAR positivo, ou seja, aqueles que ingerem mais do que o esperado e esta característica é influenciada por estas características principalmente por IMS que é constado na fórmula do CAR. Entretanto, para a característica de IMS não foi observado influência pode ser explicado pelas baixas estimativas de endogamia na população e sugere que o efeito de endogamia não influenciou o desempenho desta característica.

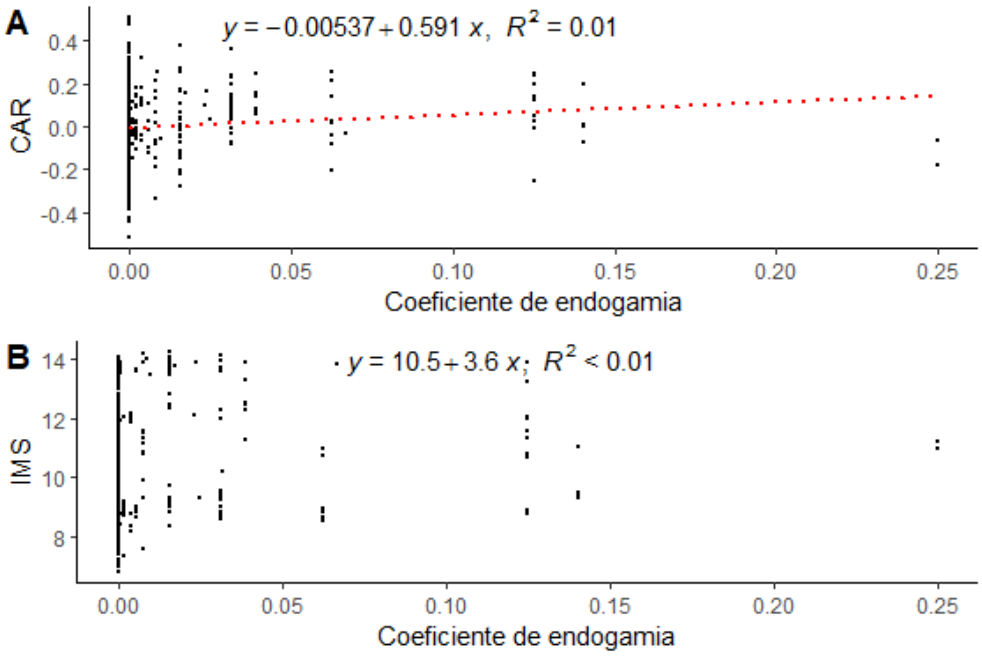

Figura 4. Médias dos valores fenotípicos corrigidos para efeitos fixos em função dos coeficientes de endogamia médios para consumo alimentar residual (CAR-A), ingestão de matéria seca (IMS-B). O coeficiente de regressão foi significativo para CAR (p-valor= 0,02125, b= 0,591) e não significativo para IMS (p-valor= ,b= 3,6) pelo teste de t Student.

.

Os animais que possuíam fenótipo para EG, EGP8 e AOL (Figura 5) apresentaram coeficiente de endogamia médio de (0,06%), (0,08%) e (0,06%) respectivamente. O coeficiente de regressão não foi significativo para estas características (p-valor<0,05) e isso também indica que as características de carcaça não foram influenciadas negativamente pela endogamia.

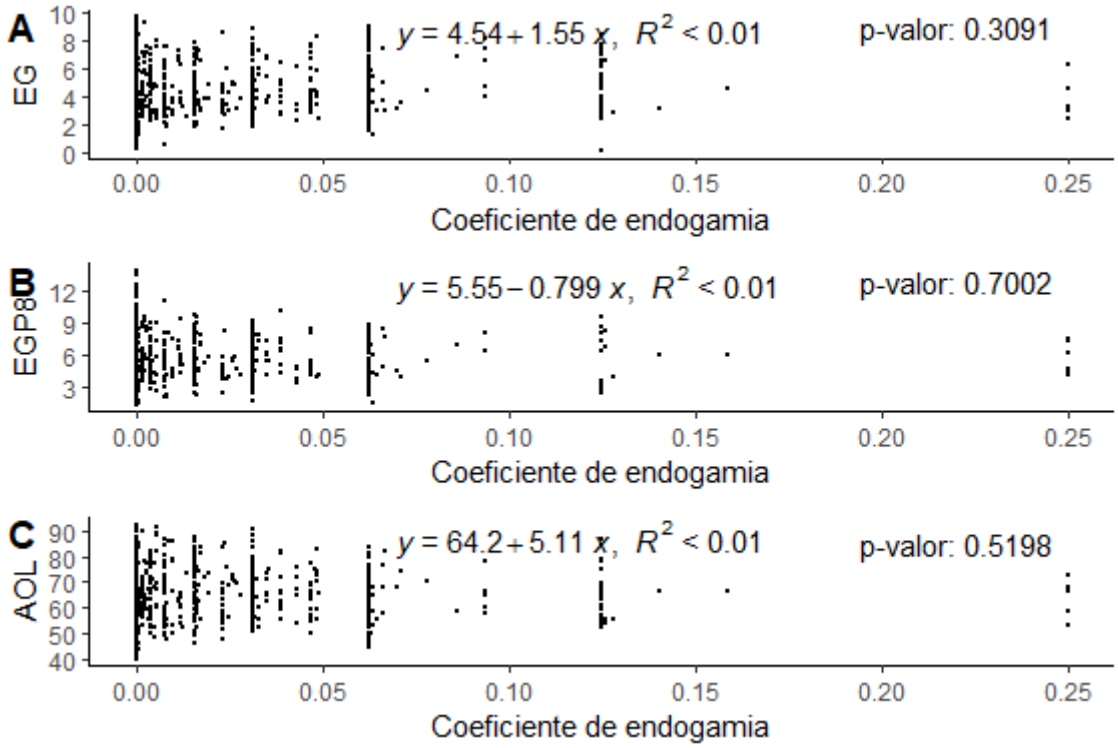

Figura 5. Médias dos valores fenotípicos corrigidos para efeitos fixos em função dos coeficientes de endogamia médios para espessura de gordura subcutânea (EG-A), espessura de gordura subcutânea na garupa (EGP8-B) e área de olho de lombo (AOL-C), coeficiente de regressão não significativo (p-valor= <0,05) pelo teste de t Student.

Podemos observar que na população do presente estudo houve aumento de endogamia ao longo das gerações, entretanto os coeficientes médios ainda se encontram baixos e provavelmente pouco estabelecidos nas populações não acarretando em depressão endogâmica. Por consequência, não foram observados declínios de desempenho fenotípico com exceção da característica CAR para estes animais em função da variação dos coeficientes de endogamia.

4. CONCLUSÃO

O baixo tamanho efetivo da população e relação entre *fe* e *fa* nos sugerem atenção quanto ao uso intensivo de reprodutores embora os coeficientes de endogamia ainda se encontrem em níveis aceitáveis, sem ter promovido declínio no desempenho fenotípico para a maioria das características desta população. Recomenda-se para os programas de melhoramento genético da raça e produtores o monitoramento constante dos níveis endogâmicos para melhor decisão nos acasalamentos entre animais aparentados e

diversificação no uso dos reprodutores, afim de aumentar a diversidade genética na população e reduzir possíveis efeitos da depressão endogâmica.

REFERÊNCIAS

ABCB SENPOL, História da raça. Disponível em: <Available at https://senepol.org.br/historia-da-raca/>. Acesso em: 27 Abr. 2022.

ABCB SENPOL, Cresce o número de animais puro de origem. Disponível em: <Available at https://senepol.org.br/cresce-numero-de-animais-senepol-puro-de-origem/>. Acesso em: 27 Abr. 2022.

ALENCAR, M. M. et al. (1981) **Efeitos da consanguinidade sobre pesos ao nascimento e à desmama de bezerros da raça Canchim.** Embrapa Pecuária Sudeste: ALICE p. 16.

BARRERA C. A. (2017) **Estrutura populacional e estimação de parâmetros genéticos para características associadas ao desempenho reprodutivo em bovinos da raça Caracu**. 77 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Unesp, Jaboticabal.

BARRETA, D. A et al. CONSUMO ALIMENTAR RESIDUAL: UMA ALTERNATIVA PARA AUMENTAR A SUSTENTABILIDADE PECUÁRIA. **Revista Tecnológica** / v. 8, n. 2, p. 91 - 100, nov. 2018. Disponível em: <https://uceff.edu.br/revista/index.php/revista/article/view/283>. Acesso em: 07 maio 2022.

BERNARDES, P. A. et al. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. **Livestock Science**, 187, 96–101, 2016.

CARVALHEIRO, R. et al. Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento genético. **Workshop em genética e melhoramento na pecuária de corte.** p. 10, 2004

COSTA, D. J., et al. Estrutura populacional e depressão endogâmica em características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados no bioma Amazónia. Livest. Res. **Rural Develop.** 31e017, 2019.

ARAUJO NETO, F. R. et al. Population structure of Simmental beef cattle using pedigree analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 52, n. 3, p. 1513-1517, 2020.

DIKMEN, S. et al. The slick hair locus derived from Senepol cattle confers thermotolerance to intensively managed lactating Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 97, n. 9, p. 5508–5520, 2014.

FARIA, F. J. C. et al. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.126, p.148-153, 2009.

FARIA, L. C. D. et al. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, p. 1133-1140, 2010.

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

MARTINS, T. R. (2018) **Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol**. 71 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Goiás.

MEUWISSEN, T. H. E.& LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305-313, 1992.

MIGLIOR, F. & BURSIDE, E. 1995. Inbreeding of Canadian Holstein cattle. **J. Dairy Sci**., 78, 1163-1167.

Oliveira P. S. et al. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira** 46: 639–647, 2011.

OLSON, T. A. et al. Evidência de um gene importante influenciando o comprimento do pelo e a tolerância ao calor em bovinos Bos taurus **J. Anim. Sci**, v. 81, n. 1, p. 80-90, 2003.

Paula D. F (2017): **Senepol: Feito para o Brasil**. [Versão para inglês e espanhol pelo autor]. 1º edição. Campo Grande, MS: Ed. Do Autor.

SUGUISAWA, L. (2002) **Ultra-sonografia para predição das características e composição da carcaça de bovinos**. 87 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade de São Paulo

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4 .ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2014. 758p.

PEROTTO, D. et al. Ganho de peso da desmama aos 12 meses e peso aos 12 meses de bovinos Nelore e cruzas com nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 730-735, 2001.

QUEIROZ, S.A. et al. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 1014-1019, 2000.

WEIGEL, K. A. (2001) **Controlling inbreeding in modern breeding programs.** Journal of Dairy Science, 84(E. Suppl.): E177–E184.

WRIGHT, S. (1931) **Evolution in Mendelian populations**. Genetics**,** 16, p.97-159.

CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E TENDÊNCIAS GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICAS EM BOVINOS SENEPOL

RESUMO – Em virtude do crescimento do rebanho de bovinos Senepol no país, estudos sobre parâmetros genéticos e tendências genéticas para a raça se fazem necessários para direcionar a seleção e acasalamentos. O objetivo do estudo foi estimar os parâmetros genéticos e tendências genéticas para peso ajustado para 365 dias de idade (p365), consumo alimentar residual (CAR), ingestão de matéria seca (IMS), espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de gordura subcutânea medida na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL) de bovinos da raça Senepol. Foram utilizados registros de fenótipos de 2.977 pertencentes ao Programa ANCP Senepol (PAS) da Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP). O método de quadrados mínimos foi utilizado para a definição dos efeitos fixos considerados no modelo. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo método de máxima verossimilhança restrita, utilizando o modelo animal multicaracterística por meio do programa WOMBAT e as tendências genéticas foram estimadas por meio de regressão linear de valores genéticos para cada característica em função do ano de nascimento. As estimativas de herdabilidade para as características P365, CAR, IMS, EG, EGP8 e AOL obtidas foram iguais a 0,29(0,05), 0,16(0,08), 0,25(0,09), 0,28(0,06), 0,31(0,06) e 0,31(0,06) respectivamente. As correlações genéticas não nulas variaram de 0,21±0,15 entre P365 e EGP8 e 0,93(0,14) entre P365 e IMS. A partir das correlações genéticas, observou-se que a seleção para P365 pode favorecer animais com maior área de olho de lombo. Entretanto a seleção para P365 está fortemente correlacionado com IMS (0,93) o que sugere atenção quanto a seleção da mesma, devido ao fato de influenciar na obtenção de animais com maior consumo de matéria seca. A correlação genética entre IMS e CAR foi positiva e desfavorável e pode acarretar em animais de CAR positivo, ou seja, aqueles que consomem mais do que o esperado. As tendências genéticas foram significativas ($p<0,001$), para todas as características exceto AOL e EG. Entre as características apenas P365 e EGP8 tiveram progresso genético favorável aos objetivos de seleção, sendo que observou-se mudanças genéticas desfavoráveis para CAR e IMS significativas ($p<0,001$). Isto pode indicar que a seleção para P365 pode ter favorecido indiretamente animais de maior mantença e que ingerem mais matéria seca e que por sua vez favorecem animais menos eficientes para CAR. Sugere-se a inclusão do CAR no índice de seleção dada sua importância econômica uma vez que reduz o custo com alimentação ao favorecer animais mais eficientes na utilização de matéria seca.

Palavras-chave: correlação genética, herdabilidade, tendência genética, taurinos adaptados

CHAPTER 3 - ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS AND GENETIC TRENDS FOR TRAITS OF ECONOMIC IMPORTANCE IN SENEPOL CATTLE

ABSTRACT – Due to the growth of the Senepol bovine herd, studies on genetics and genetic trends for the breed are produced. The study study was estimated genetic parameters and genetic trends for yearling weight (YW), residual feed intake (RFI), dry matter intake (DMI), backfat thickeness (BF), rump fat thickness (RF) and rib eye area (REA) of Senepol cattle. Phenotype records of 2.977 belonging to the ANCP Senepol Program (PAS) of the National Association of Breeders and Researchers (ANCP) were used. Analyzes using the probable fixation method were used to define the effects considered in the model. The estimates of the maximum parameter methods were performed by the multifunctional characteristic-likelihood method, using the animal model. The covariate age of the cow at calving showed a linear effect ($p<0.05$) for YW, the covariate age the measurement of feed efficiency showed a linear effect ($p<0.05$) for the traits RFI and DMI, the age the measurement at ultrasound showed a linear effect ($p<0.05$) for carcass characteristics. As heritability estimates, the characteristics YW, RFI, DMI, BF, RF and REA were equal to 0.29(0.05),0.16(0.08), 0.25(0.09), 0.28(0.06), 0.31(0.06) and 0.31(0.06) respectively. Non-null genetic correlations range from 0.21±0.15 between YW and RF and 0.93(0.14) between YW and DMI. From the genetic correlations, it was observed that selection for YW may favor animals with greater loin eye area. The selection for YW is selected combined with DMI (0.93) which suggests the selection of the same, due to the fact of consumption regarding the selection of animals with higher matter. The genetics between DMI and RFI was positive and unfavorable and can lead to positive animals, that is, those that consume more than expected. Genetic trends were significant ($p<0.01$) for all traits except REA and BF. Among the traits YW and only RF, there was genetic progress towards the selection objectives, with significant unfavorable genetics RFI and DMI ($p<0.001$). This indicates that the selection may be P365 may have favored animals with higher maintenance and that ingest more dry matter and, in turn, favor less efficient animals. The inclusion of RFI in the data selection index is suggested, its economic importance reduces the cost of feeding for a more efficient animal efficiency in the use of dry matter.

Keywords: genetic correlation, heritability, genetic trends, adapted taurine

1. INTRODUÇÃO

A raça Senepol apresenta notoriedade e vem sendo difundida em quase todo o território brasileiro. Segundo a ABCB Senepol (2017) no ano de 2016 houve incremento de 39% de registro genealógico de nascimento e 31% para registro definitivo comparado ao ano anterior. Isso se deve a seus atributos de rusticidade e de aspectos de interesse para características de carcaça. Resultados organolépticos e de rendimento de carcaça similares foram relatados entre a raça Senepol e raças taurinas. Além disso, a raça demonstra precocidade sexual e menor incidência de partos distócicos em fêmeas, sendo que seu uso é vantajoso também para cruzamentos no país (Chase et al., 2001; Trift et al., 2010). Entretanto, sua formação é recente, assim como os programas de melhoramento genético da raça. Ainda há poucos estudos sobre as estimativas de parâmetros genéticos para a raça, principalmente para características de eficiência alimentar.

A herdabilidade e a correlação genética são as principais estimativas de interesse para programas de melhoramento genético e, fornecem suporte para a condução e realização da seleção dos animais participantes. Estes parâmetros são considerados na avaliação assim como o valor genético dos animais, a magnitude e direção de associação genética entre características e nos permitem predizer a resposta a seleção de determinada característica (Falconer, 1996; Ndofor-Foleng et al, 2012).

Entre as características de crescimento, o peso ajustado aos 365 dias de idade (P365) é comumente utilizado em estudos devido ao fato de que o período pós-desmame representa o potencial de ganho em peso do animal sob menor influência dos efeitos maternos (Perotto et al., 2001; Rosa et al., 2013). Correlações genéticas favoráveis foram estimadas entre característica de crescimento e de carcaça em animais Senepol, o que indica ganhos genéticos se a característica de crescimento for utilizada como critério de seleção (Martins, 2018).

Em avaliações de eficiência alimentar, o consumo alimentar residual (CAR) é calculado pela diferença entre a ingestão de matéria seca (IMS) observada e a IMS esperada e recomenda-se realizar a seleção de animais de CAR negativo devido ao fato de estes consumirem menos matéria seca do que o esperado sem que afete seu ganho em peso. A seleção destes animais diminui os custos com alimentação e favorecem a sustentabilidade financeira do sistema produtivo (Barreta et al. 2018). As estimativas de herdabilidade para CAR em bovinos são consideradas moderadas. Para animais da raça Senepol foi estimada h^2 para CAR de 0,20 (Novo et al., 2021).

A ingestão de matéria seca é outra medida de eficiência alimentar obtida pela medição do consumo e de estimativas do teor de matéria seca da dieta (Seymour et al., 2019). Em bovinos da raça Senepol foi estimada herdabilidade de 0,32 e correlações genéticas desfavoráveis com área de olho de lombo, espessura de gordura e escore de carcaça (0,51; 0,18 e 0,43, respectivamente (Novo et al., 2021)

Segundo Magnabosco et al. (2006), a seleção baseada unicamente em características de crescimento não atenderia as demandas do mercado consumidor (proporção de carne e gordura) assim a seleção para características de carcaça propicia animais com melhores atributos para produção de carne. A espessura de gordura subcutânea (EG) e espessura de gordura na garupa (EGP8), utilizada como medida complementar, indicam o potencial genético para precocidade em acabamento de carcaça (Suguisawa, 2002). Em bovinos Senepol, estimativas de herdabilidade (h^2) que variaram de 0,12 a 0,45 foram encontradas para EG (Martins, 2018; Novo et al., 2021). Pires et al. (2017) encontraram herdabilidade de 0,20±0,06 para EG em animais da raça Canchim. Para a característica EGP8 estimativas de herdabilidade variaram de 0,23 a 0,33, para animais Nelore (Zuin et al., 2012; Kluska et al., 2018). A área de olho de lombo (AOL) está associada com o rendimento de carcaça (Luchiari Filho, 2000) e estimativas de h^2 para AOL encontradas na literatura variaram de 0,29 a 0,45 (Yokoo et al., 2008; De Paula et al., 2015; Buzankas et al., 2017), sendo que em animais Senepol a herdabilidade variou de 0,26 a 0,43 (Martins, 2018; Novo et al., 2021).

No presente estudo objetivou-se estimar os componentes de (co)variância, parâmetros genéticos e tendências genéticas para peso ajustado aos 365 dias de idade, consumo alimentar residual, ingestão de matéria seca, espessura de gordura subcutânea, espessura de gordura na garupa e área de olho de lombo em bovinos da raça Senepol, afim de fornecer suporte para o programa de melhoramento da raça.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Descrição dos dados

O estudo foi realizado utilizando banco de dados de 2.977 e 4.053 registros de pedigree de animais da raça Senepol participantes de prova de eficiência alimentar, sendo 1.680 machos e 1.297 fêmeas nascidos entre 2010 a 2018. As características analisadas foram peso ajustado aos 365 dias de idade (P365), consumo alimentar residual (CAR), ingestão de matéria seca (IMS), espessura de gordura subcutânea (EG), espessura de

gordura subcutânea na garupa (EGP8) e área de olho de lombo (AOL). Os dados foram cedidos pela Associação de Criadores e Pesquisadores (ANCP). A ANCP recomenda o uso do Índice Programa ANCP Senepol (IPAS), o qual possui ponderação de 20% para AOL, 20% para acabamento (EG e EGP8), 40% para P365 e 20% para perímetro escrotal mensurado aos 365 dias de idade (PE365). Os grupos de contemporâneos constam animais de mesmo sexo, manejo, ano de nascimento, trimestre de nascimento, sexo, manejo alimentar e lote de manejo.

A idade mínima para realização da prova de eficiência alimentar é de 8 meses com no mínimo 60 dias após o desmame e idade máxima ao término da prova de 24 meses. O período de adaptação pode ter variação de 21 à 28 dias se inter-rebanho ou intra-rebanho, respectivamente. Em sistemas sem pesagem diária automatizada, a prova de eficiência alimentar teve duração de 70 dias ou de 56 dias com no mínimo 35 dias de consumo válido se o erro padrão relativo (EPR) para ganho médio diário (GMD) for menor ou igual a 31%. Para provas com pesagem diária automática a duração é de 42 dias válidos e EPR para GMD menor ou igual a 31%. Os grupos de contemporâneos para provas de eficiência alimentar incluem animais nascidos na mesma estação de nascimento (intervalo máximo de 90 dias), sexo, manejo, lote de manejo e dieta. A dieta foi fornecida *ad libitum* na forma de ração total misturada durante todo o período de prova de eficência e as sobras nos cochos deveriam estar entre 5 a 10%. (Mendes et al., 2020). O CAR foi obtido por meio de modelos de regressão múltipla proposto por Koch, (1963) em que:

$$Yi = \beta 0 + \beta 1 \mathrm{GMD} + \beta 2 \mathrm{PVMM} + \varepsilon \mathrm{i}$$

Em que Yi = ingestão de matéria seca estimada para o animal i; β0 = intercepto da regressão; β1 = coeficiente de regressão parcial sobre GMD; β2 = coeficiente de regressão parcial sobre PVMM; ε1= erro residual do consumo predito do animal.

As características de ultrassonografia de carcaça (espessura de gordura subcutânea, espessura de gordura na garupa, área de olho de lombo) foram medidas entre 330 e 640 dias de idade. Para a característica peso, foi realizado ajuste aos 365 dias de idade.

2.2. Controle de qualidade dos registros fenotípicos

Análises preliminares foram realizadas, afim de eliminar dados inconsistentes do arquivo utilizando o programa R (R Core Team, 2020). Os grupos de contemporâneos com menos de três animais foram excluídos, assim como informações de pais com menos de três filhos e grupo de contemporâneos com apenas um pai.

Para as análises de variância, o método de quadrados mínimos foi utilizado com o auxílio do programa computacional R (R Core Team, 2020) para definição dos efeitos fixos considerados nos modelos. Os grupos de contemporâneos para a característica de crescimento, de eficiência alimentar e de carcaça foram constituídos por animais de mesma fazenda, ano de nascimento, trimestre de nascimento, sexo, manejo alimentar e lote de manejo. Diferentes covariáveis foram testadas para as características, em que a covariável idade da vaca ao parto apresentou efeito linear ($p<0,05$) para P365, a covariável idade a mensuração de eficiência alimentar apresentou efeito linear ($p<0,05$) para as características CAR e IMS e a idade a mensuração à ultrassonografia apresentou efeito linear ($p<0,05$) para as características de carcaça (EG, EGP8 e AOL). As observações cujo resíduo padronizado foram acima de 3,5 e abaixo de -3,5 foram excluídas no conjunto de dados.

2.3.Estimativas de parâmetros genéticos

Adotou-se o modelo animal unicaracterística e bicaracterística para análises preliminares que forneceram suporte para a análise multicaracterística. Os componentes de co(variância) foram obtidos usando o método de máxima verossimilhança restrita pelo programa computacional WOMBAT (MEYER, 2007). O critério de convergência adotado foi de 10^{-7}.

O modelo estatístico geral para as análises multicaracterística pode ser expresso em:

$$y = Xb + Za + e$$

Em que y = vetor de observações da característica avaliada (P365, CAR, IMS, EG, EGP8 e AOL); X= matriz de incidência de efeitos fixos (grupo de contemporâneos e covariáveis), associando *b* em *y*; b = vetor dos efeitos fixos; Z= matriz de incidência de efeitos aleatórios genéticos diretos associando os elementos de *a* em *y*; a = vetor dos efeitos aleatórios de valor genético aditivo direto; e = vetor dos efeitos residuais.

A estrutura geral de variância e covariância dos efeitos aleatórios nos modelos foi:

$$\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \sim N(0, V); V = \begin{bmatrix} G * A & 0 \\ 0 & R * I \end{bmatrix}$$

Em que G é a matriz das (co)variâncias dos efeitos genéticos aditivos diretos, A é a matriz de parentesco, R é a matriz de (co)variâncias residuais, I é a matriz identidade.

2.5. Tendências genéticas

As tendencias genéticas foram estimadas por meio de regressão linear dos valores genéticos preditos dos animais que possuíam fenótipo em função do ano de nascimento, para o período de 2010 a 2018. A hipótese testada foi de que o coeficiente de regressão de cada equação fosse igual a zero, pela estatística t de *Student* ($p<0,05$). As análises de regressão foram conduzidas por meio do programa computacional R (R Core Team, 2020).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Descrição dos dados

A média observada para P365 (Tabela 1) foi semelhante à obtida por Martins, (2018) em bovinos puros e mestiços Senepol com média de 335kg para o peso ao sobreano mensurado aos 550 dias de idade. As diferenças de agrupamento genético entre os trabalhos podem influenciar a diferença de peso em idades distintas. Em trabalho com fêmeas da raça Senepol confinadas, o peso médio foi igual a 447,94 kg com idade média de 16 meses (Novo, et al., 2021). Pesos similares em animais da raça Senepol e da raça Caracu aos 15 meses e 13 meses, respectivamente, foram estimados em que os valores observados foram iguais a 388,12kg para fêmeas e 473,04 kg para machos Senepol, assim como 329 kg para machos e 253kg para fêmeas Caracu (Mercadante, 2005; Pereira, 2020). As médias para as características de carcaça (AOL e EG) apresentaram valores similares às encontradas para fêmeas Senepol, iguais a 69,19 cm^2 e 6,85 mm, respectivamente (Novo et al., 2021). Embora as características de deposição de gordura obtiveram médias elevadas, essas podem ser explicadas devido estes animais serem provenientes de provas de eficiência alimentar, que proporcionam ambiente mais favorável para acabamento. Valores médios de acabamento foram verificados para novilhas Senepol em confinamento segundo Novo et al. (2021) para EG igual a 6,85mm.

Quanto menor o coeficiente de variação (CV) sugere-se que mais homogêneos são os dados, assim, embora as características EG e EGP8 apresentaram alto CV, estes foram similares aos encontrados para bovinos da raça Angus e Simental, em que se observaram CV iguais a 33,3% e 46,3% para EG e EGP8, respectivamente (Sapp et al., 2002; Crews Jr et al., 2003). Lima et al. (2009), também estimaram CV alto para EG e EGP8 em animais Guzerá de 46,1% (EG) e 42,2% (EGP8). A gordura é o tecido mais variável da carcaça, tanto na sua distribuição quanto em quantidade e são influenciados por diversos

fatores como manejo alimentar e ambiente em que os animais estão inseridos (Luchiari Filho, 2000), dessa maneira, estes fatores de influência para as características de carcaça EG e EGP8 podem aumentar as diferenças fenotípicas entre os animais e por consequência aumentar o CV.

Tabela 1. Número de animais (N), média de valores fenotípicos, desvio-padrão (DP) para características de importância econômica para bovinos da raça Senepol, coeficiente de variação em percentagem (CV), número de grupos de contemporâneos (GC), mínimo (MIN) e máximo (MÁX).

Característica	N	Média	DP	CV (%)	GC	MIN	MÁX
P365 (kg)	1914	338,0	63,610	18,82	158	147	522
CAR	530	0,0006	0,672	-	19	-2,08	2,30
IMS (kg)	531	10,367	2,086	20,12	19	5,53	15,58
AOL (cm2)	1591	63,42	11,784	18,58	81	29,70	110,4
EG (mm)	1576	4,06	2,215	54,56	81	0,70	17,02
EGP8 (mm)	1178	5,06	2,467	48,75	67	0,76	17,30

P365 = peso ajustado aos 365 dias; CAR = consumo alimentar residual; IMS = ingestão de matéria seca; AOL = área de olho de lombo; EG = Espessura de gordura subcutânea; EGP8 = espessura de gordura subcutânea medida na garupa

3.2. Estimativas de parâmetros genéticos

A estimativa de herdabilidade (h^2) para P365 (Tabela 2) foi moderada (0,29±0,05) e está próxima às estimativas encontradas na literatura. A h^2 foi similar ao estimado para animais da raça Caracu (0,35) para peso aos 378 dias (Mercadante, 2005). Em animais zebuínos as estimativas de h^2 para P365 variaram de 0,24 a 0,45 (Souza et al., 2018; Barros et al., 2018; Yokoo et al., 2007). Isso indica que esta característica é passível de resposta à seleção devido a proporção da variação fenotípica ser atribuída em parte pelos efeitos aditivos dos genes.

As estimativas de herdabilidade para CAR e IMS foram semelhantes aos estudos realizados em animais taurinos, variando de 0,27 a 0,60 para IMS e 0,02 a 0,30 para a característica CAR (Arthur et al., 2001a; Arthur et al., 2001b; Grion et al., 2014). A estimativa de herdabilidade encontrada para CAR no presente estudo foi de baixa magnitude. Entretanto, alguns autores encontraram estimativas de herdabilidade para CAR similares em animais da raça Senepol igual 0,12 e 0,20 (Pereira, 2020; Novo et al., 2021). Koch (1963) estimaram h^2 em animais taurinos igual à 0,28. Em meta-análise utilizando animais zebuínos e taurinos, estimativas de h^2 de 0,25 foram encontradas por Del Claro et al., (2012). As diferenças nas estimativas podem ser explicadas devido às diferenças populacionais. Embora a característica CAR possua h^2 baixa, segundo Barasab

et al. (2003), a utilização de animais eficientes na utilização dos alimentos sem comprometer sua produtividade, pode reduzir os impactos ambientais e aumentar a lucratividade do sistema produtivo.

A estimativa de herdabilidade para IMS foi similar à encontrada na literatura para animais zebuínos e taurinos (0,27) por meio de meta-análise de diversos trabalhos (Del Claro et al., 2012). Entretanto valores superiores foram observados para fêmeas confinadas da raça Senepol, apresentando estimativa igual a 0,32. Em animais da raça Nelore esta estimativa foi igual a 0,40, e para vacas leiteiras as estimativas de h^2 variaram de 0,12 a 0,53 (Santana et al., 2014; de Haas et al., 2015; Novo et al. 2021).

Tabela 2. Estimativas de herdabilidade (h^2), e respectivos erros-padrão (entre parênteses) e componentes de variância (herdabilidade, variância genética aditiva, ambienta e fenotípica respectivamente) para as características de importância econômica para bovinos da raça Senepol.

	Multicaracterística			
Característica	$\boldsymbol{h^2}$	$\boldsymbol{\sigma_a^2}$	$\boldsymbol{\sigma_e^2}$	$\boldsymbol{\sigma_p^2}$
P365 (kg)	0,29 (0,05)	520,24 (105,17)	1255,25 (80,37)	1775,49 (66,83)
CAR	0,16 (0,08)	0,08 (0,04)	0,39 (0,04)	0,47 (0,03)
IMS (kg)	0,25 (0,09)	0,28 (0,10)	0,84 (0,09)	1,11 (0,07)
EG (mm)	0,28 (0,06)	0,65 (0,14)	1,68 (0,11)	2,33 (0,09)
EGP8 (mm)	0,31 (0,06)	0,89 (0,21)	1,97 (0,16)	2,87 (0,14)
AOL (cm2)	0,31 (0,06)	22,03 (4,96)	47,97 (3,71)	70,01 (2,97)

A estimativa herdabilidade para EGP8 foi superior do que para EG e, segundo Santana et al. (2014), a característica EGP8 possui maior variabilidade devido a deposição de gordura em animais jovens na garupa ocorrer mais cedo e em maior magnitude comparada a deposição de EG na região do *longíssiumus dorsi*. Para as características de carcaça, as estimativas de h^2 foram moderadas. Estimativas similares foram encontradas para EG (0,23), EGP8(0,31) e AOL (0,34) em bovinos Nelore (Caetano et al., 2013).

Estimativas de herdabilidade diferentes foram encontradas para a característica EG, em que Yokoo et al. (2008) estimaram h^2 de 0,50 em animais Nelore, e h^2 que variaram de 0,11 a 0,45 foram relatadas para esta mesma característica com animais Senepol, sendo que as diferenças nas estimativas podem ser influenciadas pela idade, modelos adotados na estimação dos componentes de variância e programas computacionais utilizados (Martins, 2018; Novo et al., 2021). Para a características EGP8 estimativas superiores, foram encontradas para animais zebuínos iguais a 0,38 e 0,39 (Yokoo et al., 2008; Santana et al., 2014). As estimativas de h^2 para AOL estão entre as encontradas na literatura para animais Senepol, em que foram observados valoresde 0,26 e 0,45 (Martins, 2018; Novo et al., 2021). Para animais zebuínos, o intervalo de estimativas relatados para a característica AOL foi entre 0,29 e 0,45 (Yokoo et al., 2008; Zuin et al., 2012; De Paula et al., 2015; Buzankas et al., 2017). Estimativas inferiores de h^2 para AOL foram obtidas (0,25) para animais Nelore de caráter mocho (Faria et al., 2015).

As estimativas de herdabilidade obtidas para as características de interesse foram de baixa à moderadas e estas podem responder de forma favorável ao processo de seleção principalmente para as características de carcaça e crescimento. As diferenças observadas de h^2 entre a literatura podem ser explicadas devido a variabilidade genética das populações, intensidade de seleção, modelos estatísticos utilizados e quantidade de valores fenotípicos.

Em geral, os erros-padrão das correlações genéticas entre as características foram considerados altos. Assim sugere-se que as interpretações das associações genéticas entre as características sejam avaliadas com cautela. Estimativas de correlação (genética ou ambiental) cujo erro padrão foi maior do que a própria estimativa foram interpretadas como nulas. Assim nesta condição, não é possível afirmar que exista associação linear genética (ou ambiental) entre as características.

A correlação genética de CAR e IMS (Tabela 3) foi alta e isso era esperado uma vez que o cálculo de CAR consta a IMS. Estimativas superiores foram descritas na literatura entre 0,68 a 0,95 para animais zebuínos (Santana et al., 2014, Ceacero et al., 2016, Torres-Vásquez et al., 2018). Entretanto, para animais taurinos foram estimadas correlação entre 0,42 a 0,54 (Basarab et al., 2003 & Baker et al., 2006), sendo próximo ao encontrado no presente trabalho.

Tabela 3. Estimativas de correlações genéticas (acima da diagonal) e correlações ambientais (abaixo da diagonal), e respectivos erros-padrão, entre parênteses, para características estudadas em bovinos da raça Senepol.

	Multicaracterística					
Característica	**P365**	**CAR**	**IMS**	**EG**	**EGP8**	**AOL**
P365 (kg)	–	0,23 (±0,30)	0,93 (±0,14)	0,10 (±0,15)	0,21 (±0,15)	0,34 (±0,13)
CAR	0,13 (0,11)	–	0,49 (±0,22)	0,09 (±0,36)	0,38 (±0,34)	0,25 (±0,35)
IMS (kg)	0,58 (0,07)	0,74 (±0,04)	–	0,27 (±0,28)	0,39 (±0,27)	0,25 (±0,27)
EG (mm)	0,53 (0,04)	0,07 (±0,13)	0,22 (±0,12)	–	0,69 (±0,09)	0,21 (±0,15)
EGP8 (mm)	0,46 (±0,05)	0,004 (±0,11)	0,08 (±0,10)	0,61 (±0,03)	–	0,35 (±0,15)
AOL (cm2)	0,73 (±0,03)	-0.03 (±0.11)	0,17 (±0,10)	0,26 (±0.04)	0,14 (±0,05)	–

As estimativas de correlação genética encontradas para P365 e IMS demonstram que quanto mais pesados os animais, maior será a ingestão de matéria seca. Associações genéticas entre estas características também foram encontradas na literatura segundo Grion et al. (2014) e Torres-Vázquez et al. (2018) em animais da raça Nelore. A correlação genética de P365 e CAR apresentou alto erro padrão e assim não foi possível evidenciar associação genética linear entre as duas características. Este elevado valor par o erro pode ser justificado pela diferença de número de animais que apresentavam fenótipos para as características de eficiência alimentar e de crescimento. A característica P365 também apresentou correlação genética positiva e moderada 0,34 (±0,13) com a característica AOL, sendo que associações genéticas entre essas características em bovinos Nelore também foram verificadas (0,55±0,05) por Zuin et al., (2012). Esta correlação genética entre P365 e AOL sugere que a seleção para P365 reflete indiretamente na característica AOL e esta pode aumentar devido à seleção de peso. Segundo Simonelli et al. (2004) e Fries et al. (1996), a seleção para peso corporal na bovinocultura de corte é favorável quando bem conduzida e pode trazer retornos

econômicos no frigorífico devido sua relação com rendimento de carcaça. Entretanto a alta correlação de P365 com IMS pode levar a animais com maior peso adulto e maiores demandas de mantença, podendo haver desequilíbrio do sistema produtivo se não atendidas.

A correlação genética entre AOL e as característica de deposição de gordura foram positivas e moderadas e indicam que a seleção para AOL reflete em animais que apresentam maior acabamento e iniciam a deposição de gordura mais cedo e possivelmente de melhor qualidade, o que corrobora com resultados obtidos por Yokoo et al., (2010), Zuin et al., (2012) e Buzankas et al., (2017). A correlação genética entre EG e EGP8 foi positiva e de alta magnitude e indica que grande parte dos genes de ação aditiva para EG também atuam na expressão gênica de EGP8. Resultados similares foram encontrados para Yokoo et al., 2010, Zuin et al., (2012), Buzankas et al., (2017) e Pereira et al., (2021) em que estimaram correlações genéticas entre EG e EGP8 de 0,67, 0,64, 0,58 e 0,60, respectivamente.

Tabela 4. Estimativas de correlações fenotípicas (abaixo da diagonal) e respectivos erros-padrão, entre parênteses, para características estudadas em bovinos da raça Senepol.

	Multicaracterística					
Característica	P365	CAR	IMS	EG	EGP8	AOL
P365 (kg)	–					
CAR	0,15 (0,08)	–				
IMS (kg)	0,67 (0,05)	0,69 (±0,02)	–			
EG (mm)	0,41 (0,03)	0,08 (±0,09)	0,24 (±0,08)	–		
EGP8 (mm)	0,38 (±0,03)	0,09 (±0.08)	0,17 (±0,07)	0,63 (±0,02)	–	
AOL (cm2)	0,61 (±0,02)	0,03 (±0,08)	0,19 (±0,07)	0,25 (±0,03)	0,21 (±0,03)	–

A correlação ambiental e fenotípica (Tabela 4) entre P365 e as características de IMS e de deposição de gordura e área de olho de lombo foram positivas e de moderada a

alta magnitude, o que indica que os efeitos ambientas influenciam fortemente estas características.

Há também forte correlação ambiental e fenotípica para EG e EGP8 respectivamente (0,61 ±0,03, 0,633 (±0,020). A correlação ambiental obtida pode ser observada devido o padrão de deposição de gordura ser influenciado por grupo genético, idade, sexo e níveis nutricionais (Lohman, 1971; Coleman et al., 1993).. Estas correlações ambientais superiores podem ser explicadas devido os animais em sua maioria serem participantes de provas de eficiência alimentar onde as fazendas inscritas vêm de diversos estados do país e sistemas produtivos. Assim a formação correta de grupo de contemporâneos diminui este efeito uma vez se padroniza as fontes não genéticas de variação diminuindo o erro das estimativas dos parâmetros.

3.3. Tendências genéticas

As tendências genéticas foram significativas ($p < 0,001$) para todas as características (Figura 1 e 2) exceto para AOL e EG (Figura 3). Portanto, observaram-se mudanças genéticas ao longo dos anos nas fazendas participantes do programa de melhoramento genético da raça para P365, CAR, IMS, EGP8 e EG.

O aumento médio anual predito significativo ($p < 0,001$) de 1,83kg/ano nos valores genéticos para P365 (Figura 1A) indicou progresso genético da raça Senepol ao longo dos anos para esta característica. O P365 é considerado no índice IPAS com ponderação igual a 40%, todavia a recomendação para o uso do índice IPAS foi feita posteriormente (em 2017) ao registro fenotípico da maior parte deste conjunto de dados (2010-2018). Este resultado foi obtido provavelmente porque, em geral, os pesos corporais são os principais critérios de seleção em bovinos de corte. Segundo Alencar (2002), as características de crescimento são atrativas para produtores no processo de seleção, devido ao fenótipo ser de fácil obtenção e promovendo rápido progresso devido a herdabilidade ser de moderada à alta.

Para EGP8 observou-se progresso genético, dado o incremento médio anual significativos ($p < 0,001$) de 0,0132 mm (Figura 1B). Este resultado é favorável dado a indicação de melhoria na qualidade da carcaça pelo aumento da deposição de gordura na garupa. Segundo Luchiari Filho (2000), as medidas de acabamento dentre elas (EG e EGP8) explicam de duas a três vezes mais a variação do rendimento da porção comestível do que AOL.

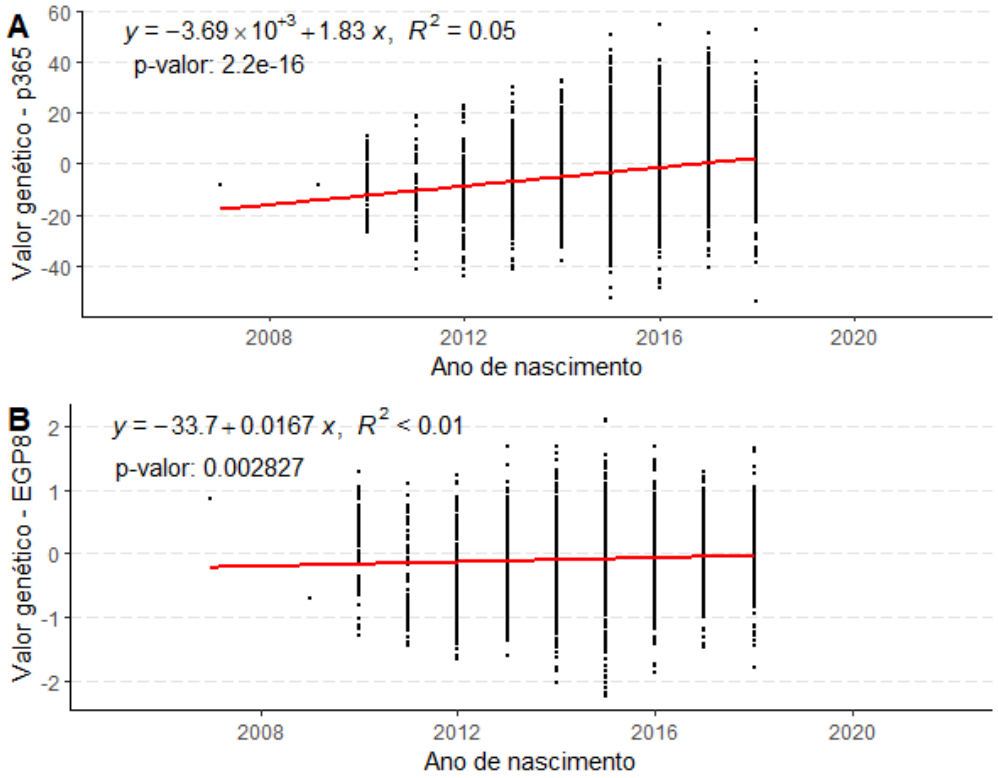

Figura 1 – Variação dos valores genéticos, de acordo com o ano de nascimento (ano) no período de 2010 a 2018, para peso ajustado aos 365 dias de idade (P365 – A) e espessura de gordura na garupa (EGP8- B)

Na avaliação de tendência genética para o CAR e IMS (Figura 2), observou-se mudanças genéticas significativas (p<0,001) positivas e desfavoráveis, considerando que valores genéticos positivos para estas características indicam animais ineficientes à utilização de alimento. Deve-se ressaltar que estas características podem ter sido indiretamente influenciadas pela seleção realizada para outra característica. A partir das correlações genéticas estimadas no presente trabalho pode-se sugerir que a seleção para peso corporal aos 365 dias de idade resultou em animais com maior ingestão de matéria seca, que por sua vez, pode ter influenciado na obtenção de animais menos eficientes à utilização de matéria seca. O CAR não está presente no índice IPAS, mas sugere-se a sua inclusão uma vez que propicia a seleção de animais com melhor aproveitamento da matéria seca.

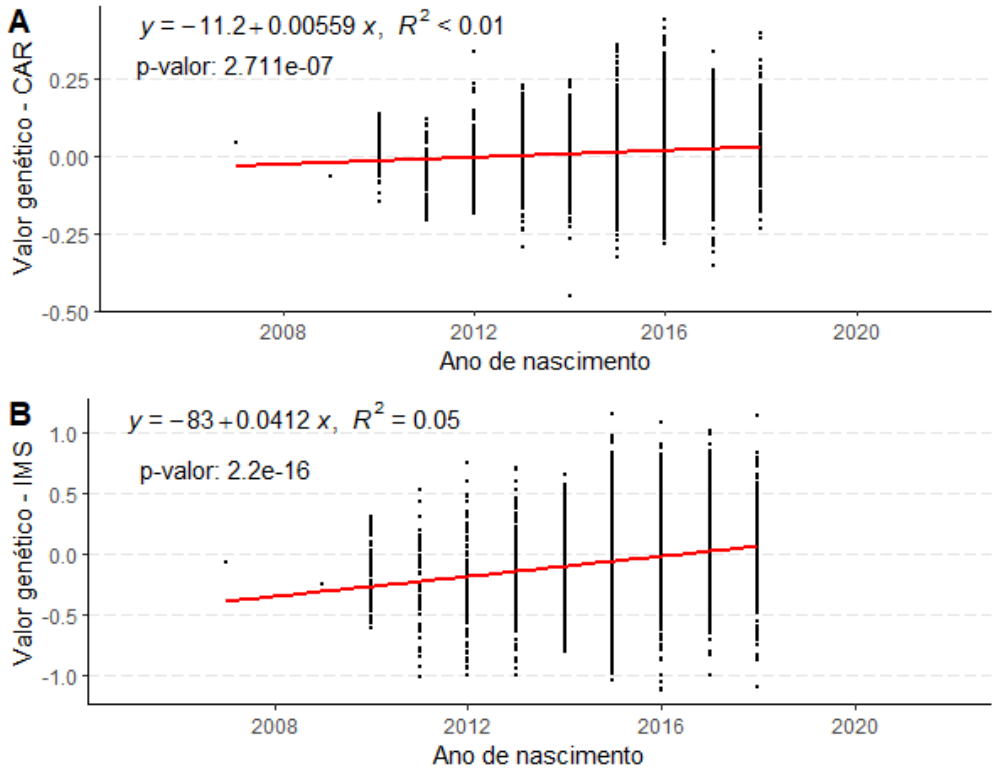

Figura 2 – Variação dos valores genéticos, de acordo com o ano de nascimento (ano) no período de 2010 à 2018, para espessura de gordura subcutânea (CAR - A) e área de olho de lombo (IMS - B).

Para as características AOL e EG (Figura 3) não foram observadas mudanças genéticas ao longo dos anos. O rendimento de carcaça e a deposição de gordura na carcaça são características de importância econômica pois indicam animais com maiores quantidades de músculo e de maior qualidade e acabamento de carcaça. Devido aos dados terem sido obtidos de anos nos quais ainda não foram observadas as respostas à seleção do programa de melhoramento, não foi possível identificar os resultados do processo de seleção para estas características.

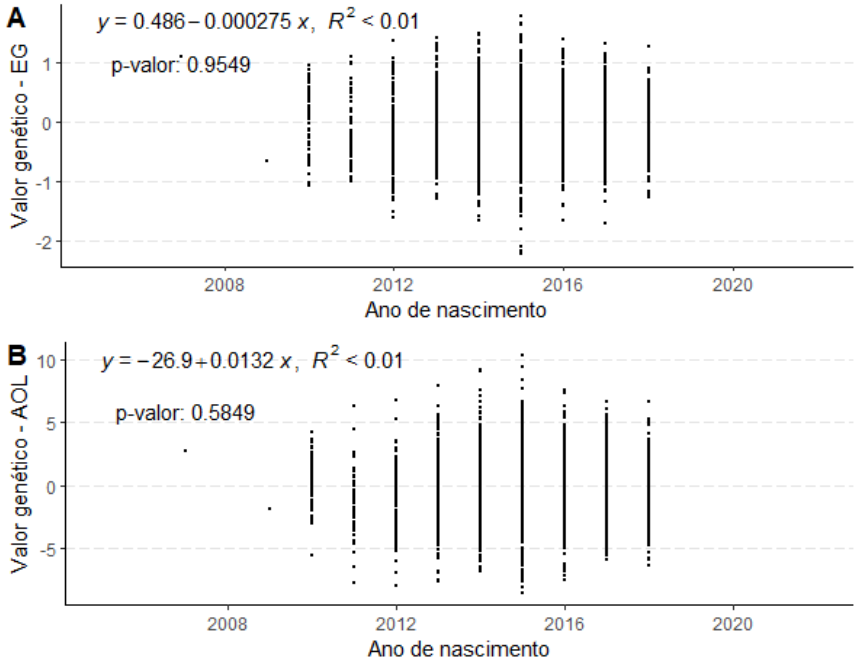

Figura 3 – Variação dos valores genéticos, de acordo com o ano de nascimento (ano) no período de 2010 à 2018, para espessura de gordura subcutânea (EG - A) e área de olho de lombo (AOL - B).

4. CONCLUSÕES

De acordo com as tendências genéticas existe demanda em relação a implementação do índice de seleção proposto para a raça Senepol. Entre as características envolvidas no índice apenas P365 e EGP8 tiveram progresso genético favorável aos objetivos de seleção.

Observou-se mudanças genéticas desfavoráveis para CAR e IMS, isto pode indicar que a seleção para peso corporal aos 365 dias, favoreceu indiretamente animais de maior mantença e que por sua vez favorecem animais menos eficientes para CAR. Embora o CAR possua baixa herdabilidade e ainda é de difícil mensuração deve-se considerar a inclusão desta característica no índice de seleção dada sua importância econômica por favorecer animais mais eficientes na utilização de matéria seca.

REFERÊNCIAS

ARTHUR, P. F. et al. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. **Livestock Production Science**, v. 68, n. 2-3, p. 131-139, 2001a.

ARTHUR, P. F. et al. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency, and other postweaning traits in Angus cattle. **Journal of animal science**, v. 79, n. 11, p. 2805-2811, 2001b.

BAKER, S. D. et al. Residual feed intake of purebred Angus steers: Effects on meat quality and palatability. **Journal of animal science**, v. 84, n. 4, p. 938-945, 2006.

Basarab, J. A., et al. 2003. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. Can. **J. Anim. Sci**. 83:189–204.

BUZANSKAS, M. E. et al. Parameter estimates for reproductive and carcass traits in Nelore beef cattle. **Theriogenology**, New York, v. 92, p. 204–209, 2017

CHASE, C. C. et al. Growth, puberty, and carcass characteristics of Brahman- , Senepol- , and Tuli-sired F 1 Angus bulls. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 2006–2015, 2001. DE PAULA JUNIOR, E. H. et al. Associations between reproductive and carcass traits in Nellore. **Semina:Ciencias Agrarias**, v. 36, n. 6, p. 4423–4434, 2015.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4. New York: **Harlow: Longman** Group Ltd, 1996.

GRION, A. L. et al. Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nellore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 92, n. 3, p. 955-965, 2014.

HILL, W.G. Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations. **Animal Production** v.18, p.117–139. 1974.

KAMPRASERT, N. et al. Estimation of genetic parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. **Animal**, 31 Cambridge, v. 13, n. 8, p. 1576–1582, 2019.

KOCH, R. M. et al. Efficiency of feed use in beef cattle. **J. Anim. Sci**., v.22, p.486-494, 1963.

LUCHIARI FILHO, A. **Pecuária da Carne Bovina** São Paulo: A. Luchiari Filho (134 pp.), 2000.

KOURY FILHO, W. et al. Genetic parameters estimates for visual scores and their association with body weight in beef cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 5, p. 1015-1022, 2010.

MAGNABOSCO, C. D. U. et al. Avaliação genética e critérios de seleção para características de carcaça em zebuínos: relevância econômica para mercados globalizados. **Simpósio internacional de produção de gado de corte**, v. 1, p. 239-271, 2006.

MARTINS, T. R. (2018) **Parâmetros genéticos para características de importância zootécnica em bovinos da raça Senepol**. 71 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Goiás.

MENDES, E. D. M. et al. (2020) **Procedimentos para mensuração de consumo individual de alimento em bovinos de corte**. Ribeirão Preto, Brazil: ANCP.

MERCADANTE, M. E. Z. Caracu, O Bos taurus brasileiro adaptado aos trópicos: experiências de um programa de seleção para peso ao sobreano. **Agrociencia-Sitio en Reparación**, v. 9, n. 1-2, p. 485-494, 2005.

NDOFOR-FOLENG H. M. et al. Estimation of genetic parameters for preweaning and postweaning growth traits in the Gudali beef cattle using multiple trait derivative free restricted maximum likelihood. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 78, p. 14410-14416, 2012.

NOVO, L. C. et al. Genetic parameters for performance, feed efficiency, and carcass traits in Senepol heifers. **Animal**, v. 15, n. 3, p. 100160, 2021.

PEREIRA, G. D. M. (2020) **Parâmetros genéticos e fenotípicos para características ligadas ao consumo e à eficiência no uso da água em bovinos da raça Senepol**. 65 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade Federal de Mato Grosso.

PEREIRA, L. S. et al. (2021) **Associação genética entre eficiência alimentar e características de crescimento, reprodução e carcaça em bovinos da Raça Guzerá.** Embrapa: CERRADOS, 40 p. (Embrapa- Cerrados. Documentos, 391)

PEROTTO, D. et al. Ganho de peso da desmama aos 12 meses e peso aos 12 meses de bovinos Nelore e cruzas com nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 3, p. 730-735, 2001.

PIRES, B. C. et al. Genetic analyses on bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. **Animal Production Science**, Clayton, v. 57, n. 3, p. 415– 421, 2016.

TEAM, R. C (2020) R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Available at URL: http://www.r-project.org/index.html

ROSA, A. D. N. et al. (2013) **Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa**. Embrapa Gado de Corte: Livro científico p. 257 (ALICE).

SANTANA, M. H. D. A. et al. Genetic parameter estimates for feed efficiency and dry matter intake and their association with growth and carcass traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, v. 167, p. 80-85, 2014.

SEYMOUR, D. J. et al. Invited review: Determination of large-scale individual dry matter intake phenotypes in dairy cattle. **Journal of dairy science**, v. 102, n. 9, p. 7655-7663, 2019.

SIMIONI, V. M. Herdabilidade e fontes de variacao que influenciam a caracteristica data do parto em bovinos. **Bioscience Journal**, 2006.

SUGUISAWA, L. (2002) **Ultra-sonografia para predição das características e composição da carcaça de bovinos**. 87 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) - Universidade de São Paulo

THRIFT, F. A. et al. Review: Preweaning, Postweaning, and Carcass Trait Comparisons for Progeny Sired by Subtropically Adapted Beef Sire Breeds at Various US Locations. **The Professional Animal Scientist**, v. 26, n. 5, p. 451–473, 2010.

TORRES-VÁZQUEZ, J. A. et al. Genetic and phenotypic associations of feed efficiency with growth and carcass traits in Australian Angus cattle. **Journal of Animal Science**, v. 96, n. 11, p. 4521-4531, 2018.

YOKOO, M. J. et al. Genetic and environmental factors affecting ultrasound measures of longissimus muscle area and backfat thickness in Nelore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 117, p. 147–154, 2008.

YOKOO, M. J. et al. Genetic associations between carcass traits measured by real-time ultrasound and scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 52-58, 2010.

ZUIN, R. G. et al. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. **Meat Science**, v. 91, n. 3, p. 352-357, 2012.