

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
CÂMPUS EXPERIMENTAL DE DRACENA**

**ANÁLISE DE PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS  
GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS  
EM BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN**

**Ligia Cavani**  
Zootecnista

2014

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
CÂMPUS EXPERIMENTAL DE DRACENA**

**ANÁLISE DE PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS  
GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS  
EM BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN**

**Ligia Cavani**

**Orientador: Prof. Dr. Ricardo da Fonseca**

**Co-Orientadora: Profa. Dra. Fabiana Martins Costa Maia**

Dissertação apresentada ao Câmpus Experimental de Dracena – Unesp, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Ciência e Tecnologia Animal.

**Ilha Solteira  
2014**

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

C377a Cavani, Ligia .  
Análise de pedigree e estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em bovinos da raça Brahman / Ligia Cavani. -- Ilha Solteira: [s.n.], 2014  
83 f.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Área de conhecimento: Melhoramento Genético Animal, 2014

Orientador: Ricardo da Fonseca  
Co-orientador: Fabiana Martins Costa Maia  
Inclui bibliografia

1. Pedigree. 2. Parâmetros genéticos. 3. Brahman.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA  
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

### CERTIFICADO DE APROVAÇÃO


**TÍTULO:** Análise de pedigree e estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em bovinos da raça Brahman

**AUTORA:** LIGIA CAVANI

**ORIENTADOR:** Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Ciência e Tecnologia Animal, Área: PRODUÇÃO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:

  
Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA  
Coordenadoria Executiva / Unidade de Dracena

  
Profa. Dra. CLAUDIA MARIA BERTAN-MEMBRIVE  
Coordenadoria Executiva / Campus Experimental de Dracena

  
Prof. Dr. HENRIQUE NUNES DE OLIVEIRA  
Departamento de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Data da realização: 17 de dezembro de 2014.

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

Ligia Cavani – nascida em 29 de outubro de 1984, na cidade de Orlandia/SP - Brasil, filha de Claudete Antônio Buck e Nelson Cavani. Em julho de 2008, concluiu a graduação em Zootecnia pela Universidade Estadual de Londrina, UEL - Brasil. Em março de 2013, iniciou no Programa de Pós-graduação em Ciência e Tecnologia Animal, em nível de mestrado, área de concentração Produção Animal na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Programa Interunidades do Câmpus Experimental de Dracena e Câmpus de Ilha Solteira, realizando estudos na área de “Melhoramento genético de bovinos de corte”, como bolsista FAPESP.

“A melhor religião é o amor;  
a melhor filosofia, a caridade,  
e a melhor ciência, o discernimento.”

Miramez - João Nunes Maia

Dedico este trabalho a minha irmã Lívia e aos meus pais Nelson e Claudete, eles são as pessoas que mais torcem por mim e são partes essenciais de tudo realizado até este momento.

Com todo meu amor, dedico!

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por tudo ter sido exatamente como foi e como tem sido.

Aos meus pais Nelson Cavani e Claudete Antônio Buck que são meus exemplos de vida, de caráter e de luta. Obrigada por acreditar tanto em mim e estarem sempre ao meu lado, vocês não imaginam como é importante o apoio que me dão.

A minha irmã Lívia Cavani Anbar que é essencial em tudo em minha vida. Eu não consigo encontrar uma palavra para explicar o que ela representa, a sua importância e a vontade que eu tenho em dividir todas as minhas alegrias com ela. Você é a melhor parte de mim, obrigada irmã por tudo.

Ao meu sobrinho Rodrigo Cavani Anbar por me fazer esquecer as preocupações e só enxergar a pureza de uma criança e a alegria que pode proporcionar seja qual for o momento. Por ser essa “pequeninha” tão carinhosa que desde que nasceu me deu a oportunidade de amar incondicionalmente mais uma vez.

Ao meu orientador Prof. Drº Ricardo da Fonseca tenho muito a agradecer. Primeiro pela confiança que ele depositou em mim, pela paciência e pelo conhecimento que adquiri. Porém, meus agradecimentos vão além, mais que meu orientador ele se tornou um amigo para vida toda. Minha eterna gratidão pela minha evolução intelectual e, sobretudo, pela minha evolução espiritual pelo exemplo de ser humano que ele se tornou para mim.

Ao Danilo Domingues Millen pelas inúmeras vezes que me disse “calma, vai dar tudo certo”, e acho que deu mesmo... Obrigada por tudo que fez e que tem feito por mim, pelo companheirismo, força, motivação, e principalmente, por todo o amor.

A equipe do LuCCA-Z Rafael, Michele, Tássia, Orlando, Michel, Adam, Matos, Camila e Matilde pela amizade, paciência, ajuda e por proporcionar um ambiente de trabalho tão prazeroso.

As novas amigas que foram verdadeiros presentes durante esses dois anos. Agradeço a Patrícia Luz, Patrícia Andrade, Mel, Tapioca, Paulinha, Dani, Thami e Fer por todos os momentos mais do que divertidos. E a todos os colegas do mestrado.

As minhas amigas de Andradina Flávia, Paula, Bárbara, Ná e Gra pela torcida

e pela amizade sincera de tantos anos.

A minha irmã Mayra Cavani por torcer por mim também e por cuidar do meu cachorro Dorje na minha ausência.

À Coordenadora do Programa de Pós – Graduação em Ciência e Tecnologia Animal, Profa. Dra. Rosemeire da Silva Filardi e a todos os professores do PPG Ciência e Tecnologia Animal. Em especial ao Prof. Dr. e amigo Ricardo Velludo pela grande ajuda e motivação desde o início.

A Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) pelo fornecimento do banco de dados de bovinos da raça Brahman, utilizado neste trabalho.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pelo auxílio financeiro.

A todos os funcionários da UNESP de Dracena, em especial ao Marco pelas inúmeras caronas de Andradina a Dracena.

Aos membros da minha banca de qualificação e defesa, Dr. Diogo Anastácio Garcia, Prof. Dr. Gelci Carlos Lupatini, Prof. Dr. Henrique Nunes de Oliveira e Profa. Dra. Cláudia Maria Bertan Membrive pelas considerações importantes que contribuem muito para a melhoria do meu trabalho. Além disso, agradeço ao Diogo mais uma vez pela predisposição e ajuda que foi fundamental na execução do terceiro capítulo dessa tese.

E a todos aqueles que torceram por mim e que fizeram parte de alguma maneira para a realização deste trabalho.

Muito Obrigada!

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS.....</b>	<b>1</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>1</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>3</b>
<b>2.1 Análise de Pedigree.....</b>	<b>3</b>
<b>2.1.1 Estimativas de coeficiente de endogamia.....</b>	<b>3</b>
<b>2.1.2 Intervalo de geração.....</b>	<b>4</b>
<b>2.1.3 Número equivalente de gerações conhecidas.....</b>	<b>5</b>
<b>2.1.4 Probabilidade de origem do gene.....</b>	<b>6</b>
2.1.4.1 Definição e métodos de estimativa.....	7
2.1.4.2 Resultados encontrados na literatura.....	9
<b>2.2 Características reprodutivas.....</b>	<b>10</b>
<b>2.2.1 Idade ao Primeiro Parto e Intervalo entre Partos.....</b>	<b>11</b>
<b>2.2.2 Reconcepção.....</b>	<b>13</b>
<b>2.2.3 Habilidade de Permanência.....</b>	<b>14</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>17</b>
<b>CAPÍTULO 2 - ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN NO BRASIL ATRAVÉS DA ANÁLISE DO PEDIGREE DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN NO BRASIL.....</b>	<b>24</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>26</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>27</b>
2.1 Dados.....	27
2.1. Análises estatísticas.....	28
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....</b>	<b>30</b>
3.1 Coeficiente de Endogamia.....	30
3.2 Intervalo de gerações.....	33
3.3 Número equivalente de gerações conhecidas.....	34
3.4 Probabilidade de origem do gene.....	35
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>39</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>40</b>

<b>CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN.....</b>	<b>43</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>43</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>45</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>46</b>
2.1 Dados.....	46
2.2 Modelos estatísticos.....	47
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....</b>	<b>50</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>53</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>54</b>
ANEXO 1 – SCRIPT DO SOFTWARE R: DIVISÃO DAS INFORMAÇÕES DE PEDIGREE.....	57
ANEXO 2 – SCRIPT DO SOFTWARE R: CONSISTÊNCIA DOS DADOS PARA ESTIMAR PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS. .....	60

## ANÁLISE DE PEDIGREE E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN

### RESUMO

Em bovinos da raça Brahman criados no Brasil a diversidade genética pode diminuir ao longo dos anos e pode ser ainda menor para animais estabulados, além disso, espera-se que a variância fenotípica de características reprodutivas pode ser pouco explicada pela variância genética. Portanto, objetivou-se avaliar o comportamento da diversidade genética durante um período de 18 anos e de animais estabulados por meio da análise de pedigree e estimar os parâmetros genéticos para as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo entre partos (IEP), reconcepção (REC) e habilidade de permanência (HABP) em bovinos da raça Brahman, visando o desenvolvimento de estratégias de seleção para o progresso genético da raça. O pedigree foi analisado de três maneiras: considerando toda a informação de pedigree (Pt); dividindo as informações de pedigree em dois períodos de 1994 a 2004 (P1) e de 2005 a 2012 (P2), de acordo com nível médio endogâmico; e dividindo os dados de pedigree de acordo com a condição de criação dos animais, a pasto (Ppasto) e estabulado (Pest). Os valores dos coeficientes endogâmicos (F) foram de 0,31%, 0,07%, 0,50%, 0,30% e 0,22% para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectivamente. Os intervalos de geração (IG) para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest foram de 4,73, 3,35, 4,50, 4,65, 4,81 anos, respectivamente. Para os resultados dos parâmetros com base na probabilidade de origem do gene: número de fundadores (Nf), número efetivo de fundadores (fe), número efetivo de ancestrais (fa) e número efetivo de genomas remanescentes (fg),  $fe > fa > fg$  em todas as situações e ocorreu uma diminuição nos valores dos parâmetros estimados entre períodos (P1 e P2) e entre condição de criação (Ppasto e Pest). As razões  $fe/fa$  e  $fg/fe$  foram próximas de 1, indicando que não houve gargalo genético e que o processo de deriva genética foi pequeno. Para estimar os parâmetros genéticos das características reprodutivas foram utilizadas análises bicaracterísticas, empregando o modelo animal linear para IEP e IPP e o modelo animal de limiar para REC e HABP. As médias das herdabilidades foram 0,10 (IPP), 0,02 (IEP), 0,22 (REC) e 0,10 (HABP). As correlações genéticas foram de -0,13 entre IPP e IEP, -0,35 entre IPP e REC, -0,57 entre IPP e HABP, e 0,32 entre REC e HABP, indicando que fêmeas que permanecem por mais tempo no rebanho produtivas iniciam sua vida reprodutiva mais cedo e possuem maior facilidade na reconcepção, porém novilhas que parem muito jovens tendem a apresentar problemas que pode ocasionar o aumento no intervalo entre partos. Conclui-se que houve aumento dos coeficientes endogâmicos e queda na diversidade genética ao longo dos anos sendo mais acentuado na população de estabulados e que as herdabilidades baixas encontradas para as características IPP, IEP, REC e HABP dará respostas a seleção de baixa magnitude e a longo prazo.

**Palavras-chave:** Ancestrais. Endogamia. Genomas remanescentes. Herdabilidade. Intervalo entre partos. Reconcepção.

## PEDIGREE ANALYSIS AND ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR REPRODUCTIVE TRAITS IN BRAHMAN CATTLE BREED

### ABSTRACT

The genetic diversity in Brahman cattle in Brazil may decrease over the years and can be even lower for stabled animals, moreover, it is expected that the phenotypic variance of reproductive characteristics can be little explained by genetic variance. The aims of this study were to evaluate the behavior of genetic diversity over a period of 18 years and stabled animals by pedigree analysis and estimates genetic parameters for ge at first interval (IPP), calving interval (IEP), reconception (REC) and stayability (HABP) reproductive traits of Brahman cattle in Brazil, aiming to develop selection strategies for genetic progress of breed. The pedigree was analyzed in three ways: considering all the pedigree information (Pt); dividing the pedigree information in two periods from 1994 to 2004 (P1) and from 2005 to 2012 (P2), according inbreeding; and dividing the pedigree data according to breeding management of animals on pasture (Ppasto) and stabled (Pest). Coefficient inbreeding (F) values were 0,31%, 0,07%, 0,50%, 0,30% and 0,22% for Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectively. Generation intervals (IG) values for Pt, P1, P2, Ppasto, Pest were 4,73, 3,35, 4,50, 4,65, 4,81 years, respectively. For the results of the parameters based on the probability of gene origin: number of founders (Nf), effective number of founders ( $f_e$ ), effective number of ancestors ( $f_a$ ) and founder genome equivalents ( $f_g$ ), in all situations  $f_e > f_a > f_g$  and there was a decrease in values of estimated parameters between periods (P1 e P2) and between breeding management (Ppasto e Pest). Values close to 1 observed for  $f_e/f_a$  and  $f_g/f_e$  show no genetic bottleneck and the process of genetic drift was small. For estimate the genetic parameters for reproductive traits, two-trait analyzes were used, using the linear animal model for IEP and IPP and the animal threshold model for REC and HABP. The mean heritability were 0,10 (IPP), 0,02 (IEP), 0,22 (REC) and 0,10 (HABP). The genetic correlation estimates were -0,13 between IPP and IEP, -0,35 between IPP and REC, -0,57 between IPP and HABP, and 0,32 between REC and HABP, indicating that females who stay for more productive time in herd start their early reproductive life and they are more easily in the reconception, but heifers calve very young tend to have problems that can cause the increase in calving interval. It is concluded that there was an increase of inbreeding and decline in genetic variability over the years more pronounced in the stabled population and that low heritability found for IPP, IEP, REC and HABP provide answers to selection of low magnitude and the long term.

**Keywords:** Ancestors. Calving interval. Genome equivalents. Heritability. Inbreeding. Reconception.

## **CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **1 INTRODUÇÃO**

O Brasil possui o maior rebanho bovino comercial do mundo e atingiu 211 milhões de cabeças no ano de 2012, segundo dados do IBGE, sendo que cerca de 80% desse rebanho é composto por animais zebuínos. A melhoria dos rebanhos brasileiros está relacionada com seleção e cruzamentos entre raças zebuínas e taurinas, bem como entre diferentes raças zebuínas (DANI; HEINNEMAN; DANIEL, 2008).

Presente em mais de 70 países, o Brahman é uma raça zebuína que está em forte expansão no Brasil. Nos últimos seis anos o número de registros de nascimento junto à ABCZ (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu) aumentou 81,53%. A raça teve origem no século XIX, no Sul dos Estados Unidos da América, a partir de cruzamentos entre indivíduos das raças Nelore, Gir, Guzerá e Krishna Valley. No Brasil o Brahman foi introduzido em 1994, tem sido muito usado para a realização de cruzamento industrial com as diversas raças existentes (ACBB, 2012).

O acúmulo da consanguinidade e a perda da diversidade genética é um tema de preocupação na pecuária de corte. O aumento dos coeficientes endogâmicos em uma população pode ser consequência do que ocorreu na última década, como o aumento da intensidade de seleção, progresso genético e implementação de tecnologias de reprodução, como a inseminação artificial e transferência de embriões (SCRAGGS et al., 2014).

Manter os coeficientes endogâmicos em baixo nível e a diversidade genética em um alto nível é um objetivo primário na gestão das populações de animais (FERNANDEZ et al., 2005). E a análise de informações de pedigree é uma importante ferramenta para monitorar a evolução da diversidade genética e estrutura da população ao longo do tempo (FALCONER ; MACKAY, 1996). Além disso, o conhecimento de parâmetros populacionais permite tomar decisões de acasalamentos considerando os níveis de consanguinidade da população e estabelecer estratégias de seleção que visem a manutenção da diversidade genética.

Para os processos de seleção, as estimativas de variabilidade genética aditiva são muito importantes uma vez que estão diretamente relacionadas ao ganho genético da característica a ser melhorada. As estimativas de correlações genéticas entre duas ou mais características também são relevantes para a mensuração de respostas indiretas e definição de estratégias de seleção que contribuem com a redução de custos de produção e aumento no progresso genético dos animais.

As características reprodutivas das fêmeas tem grande importância nos sistemas de produção de bovinos de corte, visto que as matrizes representam a categoria animal que consome a maior parte dos recursos alimentares disponíveis para o rebanho, portanto quanto menores forem às taxas reprodutivas maiores serão os custos de produção (SILVA et al., 2003). Assim, grandes impactos econômicos seriam conseguidos mesmo com modestas alterações nos ganhos genéticos dessas características.

Por outro lado, a busca pela maximização do ganho genético pode elevar os valores dos coeficientes de endogamia levando a redução da diversidade genética da população, uma vez que os animais selecionados tendem a pertencer a poucas famílias. Coeficientes endogâmicos altos podem reduzir a média das características, levar a perda do vigor geral e da fertilidade. Esse fenômeno é conhecido como depressão endogâmica, o que especificamente para as características reprodutivas pode significar a diminuição dos índices reprodutivos com consequente aumento dos custos.

Devido à escassez de estudos nesse sentido com a raça Brahman no Brasil, o presente trabalho foi realizado com os seguintes objetivos:

1. Avaliar o comportamento da diversidade genética da raça Brahman durante um período de 18 anos por meio da análise de pedigree;
2. Estimar os parâmetros genéticos para as características idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, reconcepção e habilidade de permanência em bovinos da raça Brahman, visando o desenvolvimento de estratégias de seleção para o progresso genético da raça.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Análise de Pedigree

#### 2.1.1 Estimativas de coeficiente de endogamia

Estimar os coeficientes endogâmicos de uma população é uma maneira de avaliar o sistema de produção, pois, segundo Falconer e Mackay (1996) a mais notável consequência observada da endogamia é a redução do valor fenotípico médio, fenômeno conhecido como depressão, em virtude da endogamia. Porém, de acordo com os mesmos autores, além dos efeitos prejudiciais na taxa reprodutiva e no vigor geral dos indivíduos, a endogamia é importante no desenvolvimento de linhagens para subsequente cruzamento, explorando o vigor híbrido.

Vercesi Filho (2002) estudaram rebanho Indubrasil registrados no Brasil entre os anos de 1938 e 1998 e encontraram uma evolução de F da população total de 1 a 3,4%. Resultado semelhante foi relatado por Queiroz e Lôbo (1993) para a raça Gir onde os coeficientes de endogamia encontrados foram de 3,25% para machos e 3,62% para fêmeas.

Faria et al. (2002) trabalharam com Nelore Mocho entre os anos de 1969 e 1998 em quatro períodos e observaram aumento do F total durante os períodos com F médio de 4,12%. Faria et al. (2009a) obtiveram F da população total para Nelore de 0,9% a 2,13%; Gir 0,97% a 2,28% e Guzerá 0,73% a 1,75%.

Muitos trabalhos relacionados a estimativas de coeficientes de endogamia com a raça Nelore tem sido realizados no Brasil, Malhado et al. (2010) relatou F médio da população total de 0,2% e F médio da população endogâmica de 6,24% para Nelores da região Norte nascidos entre 1942 e 2006. Já Barbosa et al. (2013) encontraram valores de 0,11% e 8,32% para F total e F de animais endogâmicos, respectivamente, porém a população era da região Nordeste nascidos entre 1967 e 2007. Brito et al. (2013) trabalharam com uma população de bovinos Nelore nascidos entre 1984 e 2007 de várias regiões do Brasil e observaram que os coeficientes endogâmicos médios aumentaram ao longo dos anos, os autores

concluíram que esses resultados indicaram uma perda de diversidade, possivelmente causada por seleção e consequente utilização de animais com algum grau de parentesco.

Santana Júnior et al. (2010) concluíram que a endogamia deve ser evitada, exceto para efeitos de melhoramento genético, cujo objetivo é a fixação de certos alelos na população. Os autores obtiveram valores baixo de F da população total (0,14%) e F da população endogâmica (1,42%) de bovinos da raça Nelore no Brasil, porém eles identificaram o efeito negativo do F individual sobre características produtivas e reprodutivas.

Santana et al. (2011) obtiveram coeficiente de endogamia (F) médio dos animais endogâmicos de 2,19% para Marchigiana e 2,84% para Bonsmara; e F de toda a população de 1,33% para Marchigiana e 0,26% para Bonsmara no Brasil. Piccoli et al. (2014) analisaram pedigrees de raças britânicas criadas no Brasil a partir do século XX até 2010 e estimaram valores de F da população total entre 1,16% e 2,82% sendo o maior valor para a raça Devon e o menor para Hereford, as estimativas de F considerando somente os animais endogâmicos foi maior para Shorthorn (8,65%) e menor para Angus (2,27%).

Scraggs et al. (2014) estimaram e compararam coeficientes endogâmicos para dados de pedigree e dados genotípicos de uma população bovina da raça Wagyu nos Estados Unidos. O F médio considerando os dados de pedigree de 4132 animais nascidos entre 1994 e 2011 foi de 4,80%; para dados genotípicos de 47 touros principais o coeficiente de endogamia genômico foi de 9,08%.

### **2.1.2 Intervalo de geração**

O intervalo de geração é definido por Falconer e Mackay (1996) como sendo a idade média dos pais no momento do nascimento de sua progênie mantida para reprodução.

É um parâmetro importante, pois mede o tempo de permanência dos mesmos reprodutores na população, e, mantida a intensidade de seleção, quanto mais curto o intervalo maior o ganho genético da característica na população.

Carneiro et al. (2009) e Faria et al. (2002) obtiveram intervalos de gerações médios para as raças Indubrasil e Nelore Mocho de 4,23 e 8 anos, respectivamente, sendo maiores os intervalos para pais de filhos e pais de filhas. Faria et al. (2009a) reportaram intervalo médio de 8 anos para as raças Nelore, Gir e Guzerá em que os pais de filhos permaneceram por mais tempo no rebanho, exceto na população Gir. Bouquet et al. (2010) ao avaliarem o pedigree de bovinos das raças europeias Charolês e Limousin em diferentes países europeus encontram intervalos de geração entre 4,6 e 6,4 anos para Charolês e 5,1 e 6,3 anos para Limousin.

Intervalos de gerações por volta de 8 anos também foram encontrados em populações de bovinos Nelore de diferentes regiões do Brasil (MALHADO et al., 2010; BARSOSA et al., 2013). Intervalo de geração alto pode resultar numa redução do ganho genético por unidade de tempo e possível aumento do coeficiente endogâmico, devido a maior permanência do rebanho com consequente aumento da chance de acasalamento entre parentes (BARBOSA et al., 2013).

Nas populações de algumas raças britânicas importantes criadas no Brasil, como Angus, Devon, Hereford e Shorthorn o intervalo de geração médio foi em torno de 6 anos, sendo maior para animais da raça Angus (6,42 anos) (PICCOLI et al., 2014).

### **2.1.3 Número equivalente de gerações conhecidas**

A integridade do pedigree pode ser avaliada pelo número equivalente de gerações completas ou conhecidas, que resume a quantidade de informações genealógicas conhecidas contidas no pedigree. Para um dado animal, é calculada como a soma das proporções de antepassados conhecidos ao longo de todas as gerações rastreadas (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Lacunas no pedigree da raça Slovak Spotted breed foi discutido por Hazuchová et al. (2013), os autores observaram que a proporção de ancestrais conhecidos diminuiu consideravelmente ao longo das gerações, indicando que a quantidade de informações incompletas aumenta com o tempo e com a multiplicação dos animais.

Resultados baixos do número equivalente de gerações conhecidas também

foram encontradas por Faria et al. (2009a) para as raças Nelore (3,91 anos), Gir (3,42 anos) e Guzerá (3,42 anos), em que o Nelore apresentou o maior número de ancestrais conhecidos e maior precisão nas informações do pedigree. Queiroz & Lôbo (1993) apresentaram resultados semelhantes com Gir também no Brasil. Por outro lado, Bozzi et al. (2006) obtiveram valores em torno de 5 anos para número equivalente de gerações conhecidas em raças italianas.

Piccoli et al. (2014) observaram que o número de gerações conhecidas aumentou de maneira constante ao longo do tempo ao analisarem pedigrees das raças Angus, Devon, Hereford e Shorthorn e o número médio de gerações conhecidas foi de 5,70, 5,83, 3,27 e 2,67 anos, respectivamente.

#### **2.1.4 Probabilidade de origem do gene**

As estimativas dos coeficientes de endogamia de uma população são muito utilizadas para quantificar a taxa de deriva genética, porém alguns inconvenientes podem surgir quando se utiliza essa abordagem deixando as estimativas menos precisas; o principal deles é a sensibilidade a qualidade das informações do pedigree (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997).

A falta de dados no pedigree pode diminuir a precisão das estimativas, Boichard, Maignel e Verrier (1997) estimam que 10% dos dados incompletos é suficiente para subestimar fortemente os coeficientes endogâmicos. De acordo com os autores a teoria da probabilidade de origem do gene é menos sensível a pedigrees incompletos na análise da diversidade genética de uma população.

O método baseado na probabilidade de origem do gene determina o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) e número efetivo de genomas remanescentes ( $f_g$ ). Além da razão  $f_e/f_a$  que expressa o efeito gargalo genético na população, quanto maior que 1 maior esse efeito; e a razão  $f_g/f_e$  que indica a extensão do processo de deriva genética.

#### 2.1.4.1 Definição e métodos de estimativa

##### *Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ):*

Fundador é definido como um ancestral com pais desconhecidos. Portanto quando um animal tem apenas um dos pais conhecido, o pai desconhecido é considerado um fundador. Se esta regra for aplicada a uma população e as probabilidades são acumuladas, cada fundador  $k$  é caracterizado pela sua contribuição esperada  $q_k$  do pool de genes da população, isto é, a probabilidade de que um gene amostrado aleatoriamente nesta população origina do fundador  $k$ . O vetor de probabilidades é obtido por algoritmo. Por definição, a soma das contribuições dos fundadores de toda a população sem redundância e das probabilidades de origem dos genes  $q_k$  de todos os fundadores é igual a um (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Dessa forma, a manutenção da diversidade genética a partir dos fundadores pode ser mensurada pelo número efetivo de fundadores (LACY, 1989), ou seja, o número de fundadores com igual contribuição que seria esperado para produzir a mesma diversidade genética encontrada na população em estudo. Segue a fórmula da estimativa de  $f_e$  (LACY, 1989):

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

##### *Número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ):*

O fato de não considerar efeitos do gargalos genéticos nas estimativas do número efetivo de fundadores pode levar a uma superestimação dos valores de  $f_e$ . Essa superestimação é forte em programas de seleção intensos, quando o germoplasma de um número limitado de reprodutores é amplamente difundido por meio de tecnologias reprodutivas como inseminação artificial. A estimativa do número efetivo de ancestrais não ignora quando existe gargalo genético, pois considera o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética da população em estudo (BOICHARD; MAIGNEL;

VERRIER, 1997).

Como os ancestrais podem ser ou não fundadores, existe a possibilidade de estarem relacionados, e suas contribuições esperadas  $q_k$  podem ser redundantes somando mais de um. Conseqüentemente, somente a contribuição marginal ( $p_k$ ) de um ancestral, ou seja, a contribuição que ainda não foi explicada por outros ancestrais, deve ser considerada. O cálculo dos valores  $p_k$  para cada ancestral é feito por métodos de algoritmos. Os ancestrais com maior contribuição para a população são escolhidos um a um, onde o primeiro grande ancestral é encontrado com base na sua contribuição genética sem nenhuma transformação ( $q_k = p_k$ ). Na rodada  $n$ , o  $n$ th grande ancestral é encontrado com base na sua contribuição marginal ( $p_k$ ), definido como a contribuição genética do ancestral  $k$ , que ainda não foi explicado pelo  $n-1$  ancestral já selecionado. Para derivar  $p_k$  de  $q_k$  duas redundâncias devem ser eliminadas; a primeira é quando o ancestral é descendente de um fundador  $k$  e sua contribuição já foi calculada, nesse caso a contribuição que já foi explicada  $a_i$ , ou seja, o que é comum entre eles, deve ser subtraída; e a segunda quando o ancestral selecionado é descendente de um indivíduo  $k$  (não fundador), nesse segundo caso as informações de pai e mãe para esse ancestral são deletadas e ele se torna um "pseudo fundador". As informações do pedigree são atualizadas a cada rodada eliminando redundâncias colaterais e as contribuições marginais de todos os ancestrais devem somar um (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997).

Segue as fórmulas para estimar  $q_k$  e  $f_a$  (LACY, 1989):

$$p_k = q_k \left( 1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_i \right)$$

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$$

*Número efetivo de genomas remanescentes ( $f_g$ ):*

Esse método consiste em analisar a probabilidade de determinado alelo de um fundador ainda estar presente na população em estudo. MacCluer et al. (1986)

propuseram o uso de simulação Monte-Carlo para estimar essa probabilidade. Em um determinado locus, cada fundador caracteriza-se por seus dois alelos e  $2f$  alelos fundadores são gerados. Então a segregação é simulada por meio do pedigree completo e o genótipo de cada progênie é gerado por amostragem aleatória de um alelo de cada um dos pais. Frequências alélicas  $f_k$  são determinadas pela contagem de alelos na população estudada (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997). Segue a fórmula da estimativa de  $f_g$  (LACY, 1989):

$$f_g = 1/2 \sum_{k=1}^{2f} f_k^2$$

#### 2.1.4.2 Resultados encontrados na literatura

Em estudo realizado por Faria et al. (2010) com Brahman no Brasil em dois períodos (1998 a 2001 e 2002 a 2005) foi observado redução na diversidade genética no segundo período, as razões  $f_e/f_a$  indicaram gargalo genético (17,5 e 3,7) e as razões  $f_g/f_e$  indicaram ocorrência de deriva genética (0,05 e 0,22). Além disso, apontaram que 50 ancestrais contribuíram com 41,32 e 49,80% dos genes para o primeiro e segundo período, respectivamente.

Faria et al. (2002) encontraram redução na diversidade genética ao longo dos anos para a população de Nelore Mocho brasileira nascida entre 1979 e 1998, onde o  $f_e$ ,  $f_a$  e  $f_g$  variaram de 243 a 144, 175 a 98 e 133 a 64, respectivamente. A razão  $f_e/f_a$  foi na média de 1,44.

Vercesi Filho et al. (2002) com a raça Indubrasil encontraram redução na diversidade genética ao longo dos anos, o  $f_e$  variou de 458 a 181,  $f_a$  de 349 a 107 e  $f_g$  de 240 a 65; as razões  $f_e/f_a$  variaram de 1,3 a 1,7. Boichard, Maignel e Verrier (1997) relataram a razão igual a 3 para a raça Normande na França, esse efeito gargalo foi relacionado à intensa utilização de poucos animais por meio de inseminação artificial.

Faria et al. (2009a) obtiveram parâmetros de  $f_e$  de 80 a 38,  $f_a$  de 80 a 34 e  $f_g$  de 72 a 26 na população Nelore;  $f_e$  de 327 a 284,  $f_a$  de 301 a 211 e  $f_g$  de 224 a 133 na população Gir; e  $f_e$  de 406 a 247,  $f_a$  de 365 a 166 e  $f_g$  de 267 a 98 na população

Guzerá. Os autores concluíram que para Nelore existe grande diferença nas contribuições dos fundadores para a população referência; porém as razões  $f_e/f_a$  e  $f_g/f_e$  foram maiores para Guzerá (1,49 e 1,69).

Valores maiores de  $f_e$  (774,5) e  $f_a$  (427) foram estimados por Barbosa et al. (2013) em uma população de Nelore da região Nordeste do Brasil, 521 ancestrais explicaram 50% da diversidade genética, próximo do encontrado por Malhado et al. (2010) também em bovinos Nelore da região Norte em que 448 ancestrais eram responsáveis por metade da diversidade genética da população.

Em outro trabalho com Nelore no Brasil, porém de várias regiões e com divisão do pedigree em períodos, Brito et al. (2013) concluíram que apesar da existência de um sistema de acasalamento para controlar os níveis de consanguinidade no rebanho estudado, as estatísticas com base na probabilidade de origem do gene mostraram perda da diversidade genética ao longo do tempo, pois os valores de  $f_e$ ,  $f_a$  e  $f_g$  comportaram de maneira decrescente entre os períodos analisados (1995 a 1999, 1999 a 2003 e 2003 a 2007). Além de constatarem contribuições marginais desiguais entre os fundadores, houve efeitos de gargalo genético e deriva genética.

Ao avaliar informações de pedigree de raças britânicas criadas no Brasil (Angus, Devon, Hereford e Shorthorn), Piccoli et al. (2014) mostraram que os menores valores de  $f_e$ ,  $f_a$  e  $f_g$  foram encontrados na raça Devon, iguais a 89, 33 e 16, respectivamente; por outro lado a população Angus apresentou valores maiores desses mesmos parâmetros, de 470, 68 e 36. Houve efeito de gargalo genético e deriva genética em todas as raças estudadas, porém foi mais evidente em Shorthorn e Angus, em que a razão  $f_e/f_a$  foi de 7,14 e 6,91 e a razão  $f_e/f_g$  foi de 6,91 e 13,06, respectivamente.

## 2.2 Características reprodutivas

As estratégias de seleção precisam visar o equilíbrio entre crescimento, biótipo e reprodução no aspecto genético e econômico para que a produção de carne, principal objetivo da pecuária de corte, seja eficiente (FARIA et al., 2009b). No

entanto, o melhoramento genético de raças de gado de corte tem um foco maior em características de crescimento, mesmo que a eficiência reprodutiva pareça ser a característica mais importante economicamente sob muitos sistemas de produção (PHOCAS et al., 1998).

O principal motivo para as características reprodutivas não serem consideradas amplamente em programas de melhoramento genético se deve ao fato destas, em geral, apresentarem baixa herdabilidade, em parte por tratar-se de características categóricas, que não apresentam expressão fenotípica contínua (SILVA et al, 2003). As variações nessas estimativas de herdabilidade são devido, principalmente, as diferenças ambientais (PEREIRA, 2008).

Para obter os índices que maximizem a resposta à seleção e, conseqüentemente, a produção é necessário estimar os parâmetros genéticos (ARAÚJO et al., 2008; MALHADO et al., 2009). Os pesquisadores buscam o aprimoramento dos métodos de estimação dos parâmetros genéticos para que os valores genéticos preditos fiquem o mais próximo possível dos valores reais (PIRES et al., 2010). Além disso, esses valores preditos são importantes para estimar as respostas diretas e correlacionadas à seleção e elaborar os índices de seleção (FARIA, 2009b).

Algumas características reprodutivas, no entanto, são do tipo categórico ou limiar (sim ou não) e, em razão de o desenvolvimento de procedimentos analíticos para dados categóricos ser recente, características deste tipo, medidas diretamente nas fêmeas, têm sido até agora pouco exploradas em termos práticos (NIETO et al., 2007). Bourdon (2000) define características de limiar como características poligênicas que não são contínuas na sua expressão, mas exibem categorias fenotípicas.

No Brasil, estudos relacionados com estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas em bovinos da raça Brahman são escassos.

### **2.2.1 Idade ao Primeiro Parto e Intervalo entre Partos**

Idade ao primeiro parto é a característica mais utilizada para avaliar a

fertilidade, pois é observada relativamente cedo, pode ser facilmente obtida e é expressa em grande parte das fêmeas colocadas em reprodução. Porém a seleção para esta característica, assim como na maioria das características reprodutivas, é dificultada pela baixa herdabilidade. Além disso, existe uma grande dificuldade de identificar fêmeas sexualmente precoces, pois alguns produtores atrasam a entrada de fêmeas na reprodução (BOLIGON E ALBUQUERQUE, 2010).

Intervalo entre partos é outra característica importante e muito usada em programas de melhoramento genético por interferir diretamente na rentabilidade da exploração pecuária pois determina, em parte, o número de bezerros produzidos pela vaca e o intervalo de gerações (AZEVEDO et al., 2006).

Trabalhos com fêmeas Nelore no Brasil mostram estimativas baixas de herdabilidade para idade ao primeiro parto. Boligon, Rorato e Albuquerque (2007) encontraram herdabilidades de 0,14 e 0,15, próximo ao estimado por Boligon e Albuquerque (2010) e por Caetano et al. (2013). Pereira, Eler e Ferraz (2002) analisaram fêmeas expostas ao touro aos 14 meses de idade e aos 24 meses e obtiveram herdabilidades de 0,19 e 0,02 respectivamente. Enquanto Eler et al. (2014) reportaram herdabilidade igual a 0,18.

Malhado et al. (2013) reportaram valores que variaram de 0,13 a 0,26 usando diferentes modelos nas estimativas de herdabilidade para idade ao primeiro parto para fêmeas Nelore da região Nordeste do Brasil. De acordo com os autores, o método de censura é o mais efetivo em situações onde os dados são comprometidos, para esse método a herdabilidade foi igual a 0,25 e 0,26 para censura de 59 meses e 75 meses, respectivamente.

Com a raça Canchim a herdabilidade também foi baixa (0,12) para idade ao primeiro parto e correlação negativa com tempo de permanência no rebanho (-0,35), sugerindo que a seleção para reduzir idade ao primeiro parto pode melhorar a longevidade das fêmeas (MELLO et al., 2014).

Contudo, há estimativas de herdabilidades moderadas para idade ao primeiro parto. Como no estudo realizado por Minick Borman e Wilson (2010) nos Estados Unidos com novilhas Angus, a herdabilidade foi de 0,28. Berry e Evans (2014) reportaram herdabilidade de 0,31 para idade ao primeiro parto, porém a

herdabilidade para intervalo entre partos foi bem menor (0,02), com correlação genética entre elas de 0,22, os autores trabalharam com animais *Bos taurus* sendo a maioria cruzados.

Ao analisar características reprodutivas em Nelore, Mercadante, Lôbo e Oliveira (2000) apresentaram resultados de herdabilidade de 0,28 e 0,10 para idade ao primeiro parto e primeiro intervalo entre partos, respectivamente, sendo a correlação de -0,06. Esses resultados corroboram com Yokoo et al. (2012) em que as estimativas de herdabilidade foi de 0,26 para idade ao primeiro parto e 0,11 para primeiro intervalo entre partos. Da mesma forma, Gressler et al. (2000) estimaram herdabilidades de 0,01 e 0,11 para as mesmas características.

Em população bovina da raça crioula colombiana Blanco Orejinegro foram relatadas herdabilidades de 0,15 e 0,13 para idade ao primeiro parto e intervalo entre partos, respectivamente, com correlação genética entre elas de -0,43. (ROCHA et al., 2012). Valor parecido foi estimado por Gutiérrez et al. (2007) para intervalo entre partos (0,12) em bovinos de corte da raça Asturiana de los Valles.

### **2.2.2 Reconcepção**

A reconcepção de fêmeas primíparas pode ser considerada como um dos pontos críticos a ser explorado na pecuária de corte nacional. Em rebanhos zebuínos, a reconcepção de novilhas ainda é alvo de poucos estudos (SILVA et al., 2012).

A taxa de reconcepção é um dos grandes problemas da bovinocultura de corte. Alguns estudos relatam perdas de 6,6 a 15,5% de prenhez entre o primeiro e segundo parto (FAHMY; LALANDE; HIDIROGLOU, 1971; GOTTSCHALL et al., 2008). As baixas taxas de reconcepção de novilhas são afetadas, além dos efeitos ambientais, pelo grande desgaste fisiológico imposto às fêmeas primíparas, devido principalmente à lactação e crescimento (PEREIRA, 2008).

Ao analisarem animais da raça Nelore, Mercadante et al. (2003) observaram uma diferença de 20% entre a concepção média total do rebanho e a reconcepção de fêmeas primíparas.

Silva et al. (2012) obtiveram o valor de  $0,18 \pm 0,02$  para herdabilidade da característica reconcepção de novilhas primíparas da raça Nelore e correlação negativa de  $-0,31 \pm 0,07$  com ganho médio de peso da desmama ao sobreano, os autores concluíram que a seleção a longo prazo para maiores ganhos de peso da desmama ao sobreano poderá levar à resposta desfavorável a taxa de reconcepção de novilhas. O mesmo valor de herdabilidade foi encontrado por Doyle et al. (2000) em novilhas da raça Angus.

### **2.2.3 Habilidade de Permanência**

A habilidade de permanência pode ser definida como a probabilidade da vaca estar presente no rebanho a uma idade específica, dado que teve a oportunidade de alcançar esta idade (HUDSON ; VAN VLECK, 1981).

É uma importante característica em gado de corte e uma das medidas reprodutivas de fêmeas que, recentemente, têm recebido maior atenção por parte dos pesquisadores. A inclusão desta característica nos programas de avaliação genética poderia permitir a seleção de touros que produziriam filhas com maior probabilidade de permanecerem produtivas no rebanho por um período mais longo e contribuir para o aumento da fertilidade do rebanho (SILVA et al., 2003). Além disso, a falha reprodutiva é a principal razão para descarte de fêmeas de corte e, portanto, a rentabilidade pode aumentar com melhorias na longevidade produtiva, pois diminui o descarte involuntário, reduz o custo anual com fêmeas para reposição e aumenta o rebanho produtivo (NEVES; CARVALHEIRO; QUEIROZ; 2012).

Santana et al. (2013) reportaram herdabilidade de 0,25 para habilidade de permanência e correlação alta (0,99) com a característica produtividade anual em bovinos Nelore no Brasil. Os autores estimaram, também, a mudança genética anual (1996 a 2010) que foi de 0,60 para habilidade de permanência, e concluíram que a seleção para essa característica tem sido eficaz. Valores próximos de herdabilidade de 0,25, 0,22 e 0,28 para habilidade de permanência aos 5, 6 e 7 anos, respectivamente, foram estimados por Van Melis et al. (2007) para a mesma raça.

Silva et al. (2003) obtiveram herdabilidade de 0,21 para habilidade de

permanência de vacas da raça Nelore com probabilidade de parir, no rebanho, até a idade de seis anos ou mais, desde que ela tenha tido uma parição anterior. Valores parecidos com fêmeas da mesma raça foram estimados por Silva et al. (2006). Eler et al. (2014) reportaram herdabilidade de 0,19 e alta correlação com produtividade anual da vaca (0,94).

Também com a raça Nelore, Neves, Carvalheiro e Queiroz (2012) estimaram componentes de variância para habilidade de permanência aos 53 meses assumindo diferentes modelos. Os autores encontraram herdabilidade moderada, em torno de 0,17, indicando que a seleção usando esse critério pode melhorar a longevidade produtiva de vacas Nelore. De acordo com o trabalho, maior resposta a seleção é esperada usando o modelo animal limiar comparado com o linear, porém quando o índice de seleção é composto por características de expressão categórica e contínua o modelo animal linear-limiar parece ser mais adequado do que diz respeito a acurácia. Van Melis et al. (2010) usaram estatística bayesiana sob modelo animal linear-limiar na estimação de componentes de variância para características reprodutivas em bovinos Nelore e o valor da herdabilidade para habilidade de permanência aos 5 anos foi de 0,10.

Queiroz et al. (2007) concluíram que a característica habilidade de permanência pode ser empregada como critério de seleção para longevidade produtiva ao obterem valores estimados de herdabilidade moderados em animais da raça Caracu. Porém, Nieto et al. (2007) chegaram a conclusão contrária, pois obtiveram valores baixos de herdabilidade em animais da raça Canchim, corroborando com Buzanskas et al. (2010) que obtiveram herdabilidade igual a 0,03 e correlação com idade ao primeiro parto de -0,63.

Baldi et al. (2008) também obtiveram herdabilidade baixa (0,06) em fêmeas da raça Canchim, e ao analisarem a correlação genética entre as características peso a idade adulta e tempo de permanência no rebanho (-0,46) concluíram que a seleção para maior peso à idade adulta pode acarretar redução no tempo de permanência da fêmea no rebanho.

Estudos realizados com outras raças reportaram herdabilidades baixas para habilidade de permanência. Em relação à raça Angus, Doyle et al. (2000) estimaram

herdabilidade de 0,15 para vacas que tiveram cinco crias, dado que tiveram duas crias até os dois anos de idade. Martinez et al. (2004) estudaram a habilidade de permanência em vacas Hereford por meio de modelo touro e encontraram herdabilidades de 0,09 a 0,17.

## REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL - ACBB, 2012. **Estágio Atual da Raça**. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>. Acesso em: 10 ago. 2014.
- ARAÚJO, C. V.; CARDOSO, A. M. C.; RAMOS, A. A.; ARAÚJO, S. I.; MARQUES, J. R. F.; TOMAZINI, A. P. I; CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 9, n. 3, p. 416-425, 2008.
- AZEVÊDO, D. M. M.; FILHO, R. M.; LÔBO, R. N. B.; MALHADO, C. H. M.; LÔBO, R. B.; MOURA, A. A. A.; FILHO PIMENTA, E. C. Desempenho reprodutivo de vacas Nelore no Norte e Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, p. 988-996, 2006.
- BALDI, F.; ALENCAR, M. M.; FREITAS, A. R.; BARBOSA, R. T. Parâmetros genéticos para características de tamanho e condição corporal, eficiência reprodutiva e longevidade em fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 247-253, 2008.
- BARBOSA, A. C. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MUNIZ, L. M. S.; AMBROSINI, D. P.; CARRILLO, J. A.; FILHO, R. M. Population structure of Nelore cattle in northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 42, n. 9, p. 639-644, 2013.
- BERRY, D. P.; EVANS, R. D. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 92, p. 1412-1422, 2014.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 29, p. 5-23, 1997.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 12, p. 1412-1418, 2010.
- BOLIGON, A. A.; RORATO, P. R. N.; ALBUQUERQUE, L. G. de. Correlações genéticas entre medidas de perímetro escrotal e características produtivas e reprodutivas de fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, p. 565-571, 2007.

BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOË, D.; Forabosco, F.; FOGH, A.; PABIOU, T.; MOORE, K.; ERIKSSON, J.-Å.; RENAND, G.; PHOCAS, F. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 89, p. 1719-1730, 2010.

BOURDON, R. M. **Understanding Animal Breeding**. New Jersey: Colorado State University, 2000. 71 p.

BOZZI, R.; FRANCI, O.; FORABOSCO, F.; PUGLIESE, C.; CROVETTI, A.; FILIPPINI, F. Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information. Italian. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 5, p. 129-137, 2006.

BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; BALDI, F.; BARROZO, D.; SILVA, L. O. C.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; MUNARI, D. P.; ALENCAR, M. M. Genetic associations between stayability and reproductive and growth traits in Canchim beef cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 132, p. 107-112, 2010.

BRITO, F. V.; SARGOLZAEI, M.; BRACCINI NETO, J.; COBUCI, J. A.; PIMENTEL, C. M.; BARCELLOS, J.; SCHENKEL, F. S. In-depth pedigree analysis in a large Brazilian Nellore herd. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 5758-5765, 2013.

CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A.; RAMOS, S. B.; CHUD, T. C. S.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 155, p. 1-7, 2013.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; TORRES, R. A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, p. 2327-2334, 2009.

DANI, M. A.; HEINNEMAN, M. B.; DANI, S. U. Brazilian Nelore cattle: a melting pot unfolded by molecular genetics. **Genetics Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 7, p. 1127-1137, 2008.

DOYLE, S. P.; GOLDEN, B. L.; GREEN, R. D.; BRINKS, J. S. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 78, p. 2091-2098, 2000.

ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; SANTANA JR, M. L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, Philadelphia, v. 82, p. 708-714, 2014.

FAHMY, M. H.; LALANDE, G.; HIDIROGLOU, M. Reproductive performance and growth of Shorthorn purebred and crossbred cows. **Animal Production**, Cambridge, v. 13, p. 7- 14, 1971.

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

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LOBO, R. B.; MAGNABOSCO, A. U.; OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectado por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, p. 1133-1140, 2010.

FARIA, F. J. C.; VERGESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal in Animal Breeding and Genetics**, Hamburg, v. 126, p. 148-153, 2009a.

FARIA, C. U.; MAGNABOSCO, C. U.; ALBUQUERQUE, L. G.; REIS, A. de los; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B. Análise bayesiana na estimação de correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas de bovinos Nelore utilizando modelos linear-limiar. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 61, n. 4, p. 949-958, 2009b.

FARIA, F. J. C.; VERGESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 54, p. 501-509, 2002.

FERNANDEZ, J.; VILLANUEVA, B.; PONG-WONG, R.; TORO, M. A. Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 170, p. 1313-1321, 2005.

GOTTSCHALL, C.; FERREIRA, E.; CANELLAS, L.; BITTENCOURT, H. R. Perdas reprodutivas e reconcepção em bovinos de corte segundo a idade ao acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 60, n. 2, p. 414-418, 2008.

GRESSLER, S. L.; BERGMANN, J. A. G.; PEREIRA, C. S.; PENNA, V. M.; PEREIRA, J. C. C.; GRESSLER, M. G. M. Estudo das Associações Genéticas entre perímetro escrotal e características reprodutivas de fêmeas Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 29, p. 427-437, 2000.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ALVAREZ, I.; ROYO, L. J. Genetic relationships among calving ease, calving interval, birth weight, and weaning weight in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, p. 69-75, 2007.

HAZUCHOVÁ, E.; KADLECÍK, O.; PAVLÍK, I.; KASARDA, R. Assessment of genetic diversity using characteristics based on the probability of gene origin in the Slovak Spotted breed. **Acta Fytotechnica et Zootechnica**, Nitra, v. 16, p. 45-48, 2013.

HUDSON, G. F. S.; VAN VLECK, L. D. Relations between production and stayability in Holstein cattle. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 64, p. 2246-2250, 1981.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2012.

**Produção da Pecuária Municipal**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 22 out. 2014.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PALA, A.; CARRILLO, J. A. Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 154, p. 28-33, 2013.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; FILHO, R. M.; BOZZI, R.; LADLE, R. J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Revista Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 10, p. 1109-1116, 2010.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; AFFONSO, P. R. A. M.; PEREIRA, D. G.; SOUZA, J. C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 10, n. 4, p. 830- 839, 2009.

MACCLUER, J. W.; VAN DE BERG, J. L.; READ, B.; RYDER, O. A. Pedigree analysis by computer simulation. **Zoo Biology**, v. 5, p. 147-160, 1986.

MARTINEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; VLECK, L. D. van. Genetic parameters for six measures of length of productive life and three measures of lifetime production by 6 yr after first calving for Hereford cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 82, p. 1912-1918, 2004.

MELLO, S. P.; ALENCAR, M. M.; SANTOS, D. C. C.; TORAL, F. L. B. Análise genética de características de fertilidade, de crescimento e de produtividade em vacas da raça Canchim. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 66, n. 2, p. 555-562, 2014.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variâncias entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, p. 997-1004, 2000.

MERCADANTE, M. E. Z.; PACKER, I. U.; RAZOOK, A. G.; CYRILLO J. N. S. G.; FIGUEIREDO, L. A. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 81, p. 376-384, 2003.

MINICK BORMAN, J. ; WILSON, D. E. Calving day and age at first calving in Angus heifers. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, p. 1947-1956, 2010.

NEVES, H. H. R.; CARVALHEIRO, R.; QUEIROZ, S. A. Genetic parameters for an alternative criterion to improve productive longevity of Nelore cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, p. 4209-4216, 2012.

NIETO, L. M.; SILVA, L. O. C; MARCONDES, C. R.; ROSA, A. N.; MARTINS, E. N.; TORRES Jr, R. A. A. Herdabilidade da habilidade de permanência no rebanho em fêmeas de bovinos da raça Canchim. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n.10, p.1407-1411, 2007.

PEREIRA, M. C. **Avaliação genética da reconcepção de fêmeas primíparas da raça Nelore**. 2008. 73 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2008.

PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 37, p. 703-708, 2002.

PHOCAS, F.; BLOCH, C.; CHAPELLE, P.; BÉCHEREL, F.; RENAND, G.; MÉNISSIER, F. Developing a breeding objective for a French purebred beef cattle selection programme. **Livestock Production Science**, v.57, p.49-65, 1998.

PICCOLI, M. L.; BRACCINI NETO, J.; BRITO, F. V.; CAMPOS, L. T.; BÉRTOLI, C. D.; CAMPOS, G. S.; COBUCI, J. A.; MCMANUS, C. M.; BARCELLOS, J. O. J.; GAMA, L. T. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 92, p. 1920-1930, 2014.

PIRES, B .C.; FARIA, C. U.; VIU, M. A. O.; TERRA, J. P; LOPES, D. T.; MAGNABOSCO, C. U.; LÓBO, R. B. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 11, n. 3, p. 651-661, 2010.

QUEIROZ, S. A.; FIGUEIREDO, G.; SILVA, J. A. II V.; ESPASANDIN, A. C.; MEIRELLES, S. L.; OLIVEIRA, J. A. Estimativa de parâmetros genéticos da habilidade de permanência aos 48, 60 e 72 meses de idade em vacas da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 36, n. 5, p. 1316-1323, 2007.

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

ROCHA, J. F. M.; GALLEGO, J. L.; VÁSQUEZ, R. F.; PEDRAZA, J. A.; ECHEVERRI, J.; CERÓN-MUÑOZ, M. F.; MARTÍNEZ, R. Estimación de parámetros genéticos para edad al primer parto e intervalo entre partos en poblaciones bovinas de la raza Blanco Orejinegro (BON) en Colombia. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, Medellín, v. 25, p. 220, 2012.

SANTANA JÚNIOR, M. L.; ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S. Genetic associations among average annual productivity, growth traits, and stayability: A parallel between Nelore and composite beef cattle. **Journal of Animal Science**, CHAMPAIGN, v. 91, p. 2566-2574, 2013.

SANTANA, M. L.; OLIVEIRA JR., P. S.; ELER, J. P.; GUTIÉRREZ, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, CHAMPAIGN, v. 90, p. 99-108, 2011.

SANTANA JÚNIOR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; GROENEVELD, E.; FERRAZ, J. B. S. Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nelore cattle in Brazil. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 131, p. 212-217, 2010.

SCRAGGS, E.; ZANELLA, R.; WOJTOWICZ, A.; TAYLOR, J. F.; GASKINS, C. T.; REEVES, J. J.; AVILA, J. M.; NEIBERGS, H. L. Estimation of inbreeding and effective population size of fullblood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 131, p. 3-10, 2014.

SILVA, R. M. O.; BOLIGON, A. A.; BALDI, F.; ALBUQUERQUE, L. G. Associações genéticas da reconcepção de novilhas primíparas com características de crescimento utilizando inferência Bayesiana em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 9. 2012, João Pessoa. **Anais eletrônicos...** João Pessoa: [S.n.], 2012. Disponível em: <<http://sbmaonline.org.br/anais/ix/trabalhos>>. Acesso em: 05 jul. 2014.

SILVA, J. A. ; FORMIGONI, I. B.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Genetic relationship among stayability, scrotal circumference and post-weaning in Nelore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 99, p. 51-59, 2006.

SILVA, J. A. ; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, H. N. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 3, p. 598-604, 2003.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; ROSA, G. J. M.; FERRAZ, J. B. S.; FGUEIREDO, L. G. G.; MATOS, E. C.; OLIVEIRA, H. N. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, p. 3809-3813, 2010.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, H. N.; ROSA, G. J. M.; SILVA II, J. A. V.; FERRAZ, J. B. S.; PEREIRA, E. Study of stayability in Nelore cows using a threshold model. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 85, p. 1780-1786, 2007.

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

YOKOO, M. J.; MAGNABOSCO, C. U.; ROSA, G. J. M.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 64, n. 1, p. 91-100, 2012.

## CAPÍTULO 2 - ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN NO BRASIL ATRAVÉS DA ANÁLISE DO PEDIGREE

### RESUMO

Em bovinos da raça Brahman criados no Brasil a diversidade genética pode diminuir ao longo dos anos e pode ser ainda menor para animais estabulados. Portanto, objetivou-se analisar a variabilidade genética de bovinos da raça Brahman através de registros genealógicos. Foram utilizados dados de pedigree pertencentes à Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) composto por 207.747 animais provenientes de várias regiões do Brasil, nascidos nos anos de 1994 a 2012. O pedigree foi analisado de três maneiras: considerando toda a informação de pedigree (Pt); dividindo as informações de pedigree em dois períodos de 1994 a 2004 (P1) e de 2005 a 2012 (P2), de acordo com nível médio endogâmico; e dividindo os dados de pedigree de acordo com a condição de criação dos animais, a pasto (Ppasto) e estabulado (Pest). O software R foi usado na consistência dos dados e estimativas do coeficiente de endogamia (F) e o software Pedig para o cálculo do intervalo de geração (GI), número equivalente de gerações conhecidas (CGE) e os resultados dos parâmetros com base na probabilidade de origem do gene: número de fundadores (Nf), número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) e número efetivo de genomas remanescentes ( $f_g$ ). Os valores de F foram de 0,31%, 0,07%, 0,50%, 0,30% e 0,22% para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectivamente. Os valores de GI para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest foram de 4,73, 3,35, 4,50, 4,65, 4,81 anos, respectivamente. O CGE médio em Pt foi de 2,36, porém os ancestrais conhecidos aumentaram ao longo do tempo. Em todas as situações  $f_e > f_a > f_g$  e ocorreu uma diminuição nos valores dos parâmetros estimados entre períodos (P1 e P2) e entre condição de criação (Ppasto e Pest). As razões  $f_e/f_a$  e  $f_g/f_e$  foram próximas de 1, indicando que não houve gargalo genético e que o processo de deriva genética foi pequeno. O número de ancestrais para explicar a 50% da diversidade genética da população referência foi de 46, 65, 29, 41 e 24 para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectivamente. Conclui-se que houve aumento dos coeficientes endogâmicos e queda na diversidade genética ao longo dos anos sendo mais acentuado na população de estabulados.

**Palavras chave:** Ancestrais. Endogamia. Genomas remanescentes. Intervalo de geração.

## Assessment of genetic variability of the Brahman breed in Brazil using pedigree analysis

### ABSTRACT

The genetic diversity in Brahman cattle in Brazil may decrease over the years and can be even lower for stabled animals. The aim of this study was to assess the genetic variability of Brahman cattle in Brazil by analyzing information obtained by genealogical records. The pedigree data was obtained from the Brazilian Association of Zebu Breeders (ABCZ) and was formed by 207,747 Brahman animals from different regions of Brazil. In this dataset, cattle were born between 1994 and 2012 and they were analyzed in three ways: considering all the pedigree information (Pt); dividing the pedigree information in two periods from 1994 to 2004 (P1) and from 2005 to 2012 (P2), according inbreeding; and dividing the pedigree data according to breeding management of animals on pasture (Ppasto) and stabled (Pest). The software R was used for data consistency and estimates of coefficient inbreeding and the software Pedig was used to determine the generation intervals (GI), the number of complete generation equivalents (CGE) and the results of the parameters based on the probability of gene origin: number of founders (Nf), effective number of founders ( $f_e$ ), effective number of ancestors ( $f_a$ ) and founder genome equivalents ( $f_g$ ). F values were 0,31%, 0,07%, 0,50%, 0,30% and 0,22% for Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectively. GI values for Pt, P1, P2, Ppasto, Pest were 4,73, 3,35, 4,50, 4,65, 4,81 years, respectively. CGE for Pt was 2,36, but the known ancestors increased over time. In all situations  $f_e > f_a > f_g$  and there was a decrease in values of estimated parameters between periods (P1 e P2) and between breeding management (Ppasto e Pest). Values close to 1 observed for  $f_e/f_a$  and  $f_g/f_e$  show no genetic bottleneck and the process of genetic drift was small. The number of ancestors to explain 50% of the genetic diversity of the reference population was 46, 65, 29, 41 e 24 for Pt, P1, P2, Ppasto, Pest, respectively. The results show increased inbreeding and decline in genetic variability over the years more pronounced in the stabled population.

**Keywords:** Ancestors. Inbreeding. Genome equivalents. Generation interval.

## 1 Introdução

A raça Brahman está em forte expansão no Brasil, sendo a raça zebuína que mais cresce com aumento em torno de 80% no número de registros de nascimentos junto à ABCZ (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu) nos últimos anos (ACBB, 2012).

Dessa forma, programas de seleção para a raça são importantes e tem sido realizados visando tanto a seleção da raça pura como a produção de animais para participação em sistemas de cruzamentos. Porém as mesmas tecnologias que contribuem para o aumento da intensidade de seleção, como inseminação artificial, ovulação múltipla, transferência e produção *in vitro* de embriões, podem causar um decréscimo no ganho genético e uma redução da diversidade genética quando aliadas a permanência dos mesmos reprodutores por longos períodos nas centrais de inseminação, pois podem causar aumentos no intervalo de geração e nos coeficientes de endogamia dos rebanhos (WEIGEL, 2001).

Manter a diversidade genética em um alto nível, e os coeficientes endogâmicos em baixo nível evitando a depressão endogâmica é um objetivo primário na gestão das populações de animais (FERNANDEZ et al., 2005), uma vez que se pretende continuar utilizando o potencial da raça para produção de animais de corte e mantendo-se os ganhos genéticos em bons níveis. De acordo com Gutierrez et al. (2008), a avaliação da estrutura da população por análise de pedigree é uma ferramenta importante para descrever a diversidade genética e sua evolução ao longo de gerações.

O conhecimento sobre a diversidade genética e estrutura populacional de raças importantes no Brasil é limitado, principalmente relacionados a raças desenvolvidas na América durante o século XX, como é o caso do Brahman, em que os registros são escassos e possuem lacunas (BRASIL, et al, 2013).

Avaliações recentes utilizando maior quantidade de dados do pedigree da raça Brahman não foram realizadas no Brasil e poderiam trazer informações importantes para a manutenção de altos ganhos genéticos e/ou definição de novas estratégias para a conservação da população de Brahman e de seu potencial para a produção de carne, seja como raça pura ou como componente para a produção de

mestiços e compostos.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Dados**

Foram utilizados dados de pedigree da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) de bovinos da raça Brahman provenientes dos estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, nascidos nos anos de 1994 a 2012. As informações referentes a cada animal consistiram de: pai, mãe, ano de nascimento e sexo. O pedigree foi analisado de três maneiras: considerando-se toda a informação de pedigree (Pt) de 1994 a 2012; dividindo-se as informações de pedigree em duas partes de acordo com o coeficiente de endogamia médio da população total, sendo que o primeiro período continha informação de animais nascidos entre os anos de 1994 a 2004 (P1) e variação do coeficiente de endogamia de 0 a 0,08% e o segundo período com informações de animais nascidos entre os anos de 2005 a 2012 (P2) e variação do coeficiente de endogamia de 0,09 a 0,70%; e dividindo os dados de pedigree de acordo com a condição de criação dos animais, a pasto (Ppasto) e estabulado (Pest). Animais sem informação da condição de criação ou aqueles que foram criados nas duas condições (semi estabulado) foram retirados das análises. A condição de criação estabulado agrupa animais de exposição, enquanto que a condição de criação “a pasto” agrupa indivíduos manejados em rebanhos comerciais que visam a produção de carne. A descrição dos dados para cada situação encontra-se na Tabela1.

**Tabela 1.** Número de registros genealógicos total (n), porcentagem de machos e fêmeas e quantidade de touros e matrizes considerando o pedigree total (Pt), período de 1994 a 2004 (P1), período de 2005 a 2012 (P2), animais criados em pasto (Ppasto) e estabulado (Pest).

<b>Pedigree</b>	<b>n</b>	<b>Machos(%)</b>	<b>Fêmeas(%)</b>	<b>Touro</b>	<b>Matriz</b>
Pt	207747	46	54	2560	44043
P1	41996	25	75	630	8204
P2	185273	45	55	2494	42491
Ppasto	96825	45	55	1692	24578
Pest	34927	42	58	1055	8970

n= número de registros genealógicos

## 2.1. Análises estatísticas

O software R com o auxílio do pacote *pedigree* (COSTER, 2012) foram usados na consistência dos dados e cálculo das estimativas do coeficiente de endogamia, intervalo de geração, número equivalente de gerações conhecidas e os resultados dos parâmetros com base na probabilidade de origem do gene (número de fundadores, número efetivo de fundadores, número efetivo de ancestrais e número efetivo de genomas remanescentes) foram calculados utilizando o software Pedig (BOICHARD, 2002).

Segue uma breve descrição dos parâmetros calculados para a análise do pedigree.

O método de VanRaden (1992) foi usado para calcular o coeficiente de endogamia, o qual é derivado do método tabular e consiste em criar uma relação matricial entre o indivíduo e seus ancestrais. Os valores de F, então, são deduzidos dos elementos da diagonal da matriz.

O intervalo de geração foi definido como a idade média dos pais no momento do nascimento de sua progênie mantida para reprodução (FALCONER & MACKAY, 1996). Foi calculado como sendo a média das quatro passagens gaméticas: pai para filho ( $L_{ss}$ ), pai para filha ( $L_{sd}$ ), mãe para filho ( $L_{ds}$ ), e mãe para filha ( $L_{dd}$ ). Portanto, o intervalo médio de geração (IG) foi obtido como segue:

$$IG = \frac{L_{ss} + L_{sd} + L_{ds} + L_{dd}}{4}$$

A integridade do pedigree foi avaliada pelo número equivalente de gerações completas (CGE), que resume a quantidade de informações genealógicas conhecidas contidas no pedigree. Para um dado animal, foi calculada como a soma das proporções de antepassados conhecidos ao longo de todas as gerações rastreadas (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene foram calculados de acordo Boichard, Maignel e Verrier (1997), onde:

Número de fundadores (Nf) são animais com pais desconhecidos e que não apresentam nenhum grau de consaguinidade entre si.

Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) representa o número de animais com igual contribuição e que produziria a mesma diversidade genética encontrada na população estudada, foi obtido de acordo com Lacy (1989):

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

em que,  $q_k$  é a proporção de alelos da população de referência contribuída pelo k-ésimo fundador, obtido pela relação média entre o fundador e cada animal da população.

Número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) representa o mínimo de ancestrais, podendo ser fundadores ou não, necessários para explicar a diversidade genética total da população. Foi obtido de acordo com Lacy (1989):

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

em que,  $q_j$  é a contribuição marginal do j-ésimo fundador. O  $f_a$  explica a ocorrência de gargalos recentes e, portanto, parcialmente responsável pela perda de diversidade alélica população descendente (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Número efetivo de genomas remanescentes ( $f_g$ ) são os fundadores com igual contribuição esperados para produzir a mesma diversidade genética da população

em estudo sem perdas de alelos por segregação. Foi obtido de acordo com Lacy (1989):

$$f_g = \frac{1}{\sum_{j=1}^{N_f} \left( \frac{p_j^2}{r_j} \right)}$$

em que,  $N_f$  é o número de fundadores.  $p_j$  é a contribuição do  $j$ -ésimo fundador e  $r_j$  é a retenção dos alelos. O  $f_g$  explica contribuições desiguais dos fundadores, gargalo genético e perda aleatória de alelos devido a deriva genética (LACY, 1995).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

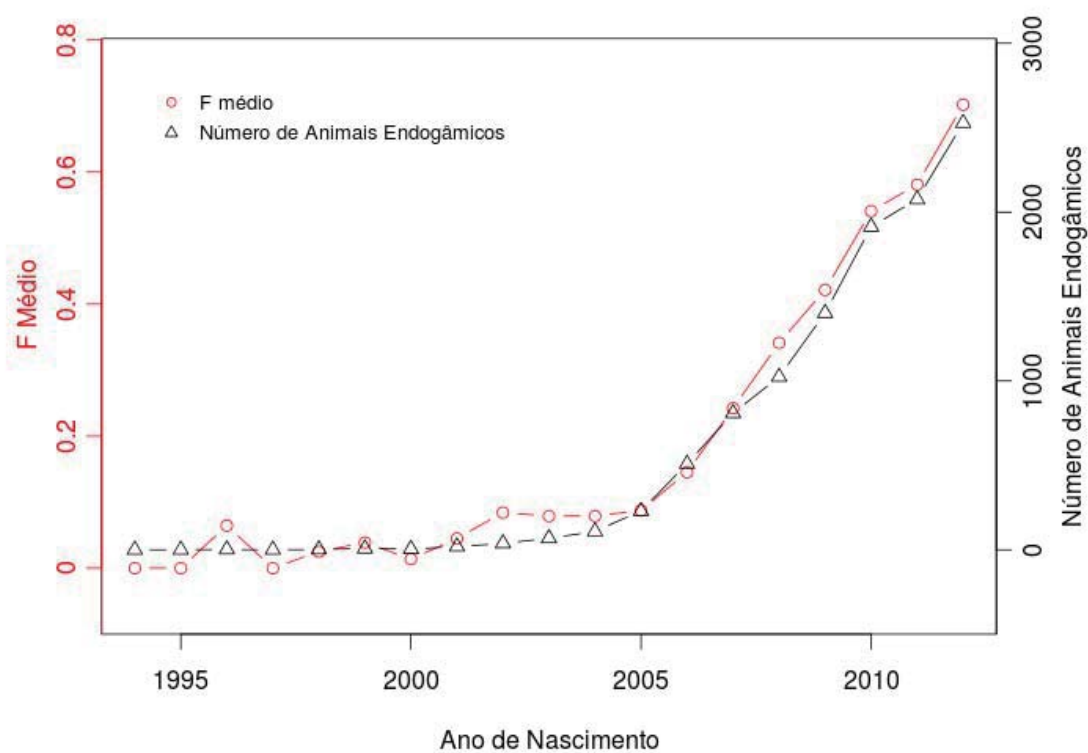
#### 3.1 Coeficiente de Endogamia

Do total de 207.747 animais do arquivo de genealogia, 10.739 (5,17%) tiveram algum nível de consanguinidade sendo o coeficiente de endogamia (F) médio de toda a população igual a 0,31% e da população endogâmica de 5,94%. O maior valor de F encontrado para um indivíduo foi de 31,25%. Cerca de 80% dos animais apresentaram o valor de F de baixa magnitude (até 10%), como mostrado na Tabela 2. Faria et al. (2010) ao trabalharem com bovinos da raça Brahman encontram menor coeficiente de endogamia médio da população endogâmica (3,43%), porém o pedigree era composto por animais nascidos até 2005, ano em que se inicia o aumento do nível endogâmico da população utilizada nesse trabalho (Figura1). A divisão do pedigree em dois períodos foi devido o aumento considerável do nível endogâmico a partir do ano de 2005. O primeiro período compreende o intervalo de nascimento de 1994 a 2004 e apresentou uma variação de F da população de 0 a 0,08%, no segundo período (2005 a 2012), essa variação foi de 0,09 a 0,70%.

Trabalhos com outras raças zebuínas brasileiras (Indubrasil, Nelore Mocho, Nelore, Gir e Guzerá) também mostram a evolução do valor de F durante os anos, porém em proporções menores quando comparadas com os resultados encontrados nesse trabalho com a raça Brahman (VERCESI FILHO et al., 2002; FARIA et al., 2002; FARIA et al., 2009; BRITO et al., 2013).

**Tabela 2.** Frequência de animais endogâmicos de acordo com níveis de F da população endogâmica.

Nível endogâmico (%)	Número de animais	% animais
0 - 5	5531	51,50
5 - 10	3050	28,40
10 - 15	1743	16,23
15 - 20	86	0,80
25 - 30	327	3,05
30 - 35	2	0,02



**Figura 1.** Comparação entre os coeficientes médios de endogamia (F) da população total dado em %, e o número de animais endogâmicos entre 1995 e 2012.

Ao analisarmos o valor de F da população endogâmica por geração (Tabela 3), nota-se valores maiores até a quarta geração. Foi observado, também, que apesar do aumento do número de animais endogâmicos ao longo das gerações, o grau de parentesco entre eles foi maior nas primeiras 4 gerações do pedigree onde

uma maior frequência de animais apresentando grau de parentesco mais elevado foi observado, principalmente na segunda geração, este último podendo ser justificado pelo período de recente introdução da raça, portando uma população muito pequena; além disso pode ter ocorrido uma superestimação devido a dados incompletos de pedigree. Valores menores foram encontrados por Santana et al. (2011) em raças importantes de bovinos de corte em sistemas de cruzamentos no Brasil, eles obtiveram F de animais endogâmicos médio de 2,19 para Marchigiana e 2,84 para Bonsmara. Contudo, Piccoli et al. (2014) obtiveram resultados distintos desse parâmetro entre populações das raças Angus, Devon, Hereford e Shorthorn sendo maior para Shorthorn (8,65%) e menor para Angus (2,27%).

O aumento acentuado de animais endogâmicos da população Brahman a partir de 2005 pode ser justificado pelo intenso uso de poucos reprodutores, o que é possível, principalmente, com o auxílio de tecnologias reprodutivas. Do total de registros do pedigree estudado cerca de 32% eram de fertilização in vitro, 26% de inseminação artificial, 9% de transferência de embrião, 16% monta natural, 2% monta controlada e 15% dos registros não possuíam essa informação.

**Tabela 3.** Número de animais endogâmicos, coeficiente de endogâmia (F) médio dos animais endogâmicos e frequência por classe de F por geração do pedigree de bovinos da raça Brahman para a população total (Pt)

Número de gerações	Número de indivíduos endogâmicos	F (%)	Frequência por classe de F (%)					
			0 - 5	5 - 10	10 - 15	15 - 20	25 - 30	30 - 35
8	10739	5,94	51,50	28,40	16,23	0,80	3,05	0,02
7	10739	5,94	51,50	28,40	16,23	0,80	3,05	0,02
6	10739	5,94	51,50	28,40	16,23	0,80	3,05	0,02
5	10738	5,95	51,50	28,40	16,23	0,80	3,05	0,02
4	10422	6,11	50,05	29,25	16,72	0,82	3,14	0,02
3	7862	7,49	34,23	38,62	21,90	1,07	4,16	0,02
2	2017	14,54	0	0	83,69	0	16,31	0

Nas subpopulações de animais criados em pasto (Ppasto) e animais

estabulados (Pest) foi observado que em Ppasto 5,13% dos animais apresentam coeficiente endogâmico diferente de zero enquanto que em Pest essa porcentagem foi menor (3,31%), conseqüentemente o F da população referência (população de animais endogâmicos e não endogâmicos) foi maior em Ppasto (Tabela 4). Porém cerca de 70% dos animais da população total são criados a pasto e por isso os valores entre Pt e Ppasto são próximos. Apesar da menor quantidade de animais endogâmicos em Pest, o coeficiente de endogamia é maior entre eles (6,52%), ou seja, os indivíduos nessa condição de criação possuem maior grau de parentesco entre si. Aliado a isto a Tabela 5 mostra intervalo de geração maior em Pest, apesar da pequena diferença, o valor médio encontrado indica que os animais permanecem por mais tempo no rebanho contribuindo com os mesmos genes e aumento do parentesco entre os indivíduos. Isso ocorre porque os criadores de animais de exposição valorizam muito mais o indivíduo do que a população e tendem a manter os indivíduos mais adequados por mais tempo na reprodução, na esperança de conseguir outros indivíduos tão bons como os pais.

**Tabela 4.** Estimativas dos coeficientes endogâmicos médios da população referência e da população considerando somente os animais endogâmicos para a população total (Pt), população de animais criados a pasto (Ppasto) e população de animais estabulados (Pest).

Item	Pt	Ppasto	Pest
<b>População referência</b>			
N	207747	96825	34927
F (%)	0,31	0,30	0,22
<b>Animais endogâmicos</b>			
N	10739	4964	1156
F (%)	5,94	5,91	6,52

N: número de registros

### 3.2 Intervalo de gerações

O intervalo de geração é importante, pois mede o tempo de permanência dos mesmos reprodutores na população, e quanto mais curto o intervalo maior o ganho

genético. Os intervalos de gerações médios para Pt, P1, P2, Ppasto, Pest foram de 4,73, 3,35, 4,50, 4,65, 4,81 anos, respectivamente. Em todas as situações analisadas o intervalo de geração se comportou de maneira crescente ao longo dos anos, indicando que touros mais velhos estão sendo mantidos no rebanho, principalmente na subpopulação de animais estabulados. A opção de produtores em escolher animais mais velhos devido a maior acurácia na predição dos valores genéticos pode ser um dos fatores que explica os resultados encontrados. O menor intervalo de geração médio foi em P1, provavelmente pela limitação de informações dos fundadores desse período inicial de introdução da raça.

As estimativas de intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas encontram-se na Tabela 5. Foi observado que os pais de filhos ficam mais tempo em reprodução, exceto para os períodos 1 e 2 em que as mães de filhos permaneceram mais tempo no rebanho. Intervalos maiores são reportados na literatura (FARIA et al., 2002; CARNEIRO et al., 2009; FARIA et al., 2009; BOUQUET et al., 2010; MALHADO, et al., 2010; BARBOSA et al., 2013; BRITO et al., 2014).

**Tabela 5.** Intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas e intervalo de geração médio em anos, considerando a população total (Pt), primeiro período (P1), segundo período (P2), criados a pasto (Ppasto) e estabulados (Pest).

População	Passagem gamética				Média
	Pai - filho	Pai - filha	Mãe - filho	Mãe - filha	
Pt	5,07	4,47	5,00	4,39	4,73
P1	3,38	3,55	3,33	3,14	3,35
P2	4,43	4,36	4,96	4,23	4,50
Ppasto	4,67	4,55	4,99	4,41	4,65
Pest	4,98	4,42	5,35	4,46	4,80

### 3.3 Número equivalente de gerações conhecidas

Do total de 207747 animais do pedigree total, 86,5% possuíam os dois pais conhecidos, 0,2% somente o pai conhecido, 0,1% somente a mãe conhecida e 13,2% sem os pais conhecidos.

O número equivalente médio de gerações conhecidas do pedigree total foi 2.36, apontando falhas no pedigree que continha 8 gerações. Porém o número médio de ancestrais conhecidos foi maior no segundo período, de 18,7 contra 9,2 para o primeiro período, indicando que as informações genealógicas conhecidas aumentam ao longo do tempo e com a multiplicação dos animais, a mesma constatação feita por Piccoli et al. (2014) com diferentes raças britânicas criadas no Brasil. Resultados baixos do número equivalente de gerações conhecidas também foram encontradas por Faria et al. (2009) para as raças Nelore, Gir e Guzerá, mostrando que cuidados com os registros genealógicos parecem ser mais recentes no Brasil.

Lacunas no pedigree podem diminuir a precisão das estimativas do coeficiente de endogamia, Boichard, Maignel e Verrier (1997) estimaram que 10% de dados incompletos são suficientes para subestimar o coeficiente de endogamia, porém segundo eles a teoria da probabilidade de gene para analisar a diversidade genética é menos sensível a pedigrees incompletos.

### **3.4 Probabilidade de origem do gene**

Os resultados das estatísticas baseadas na probabilidade de origem do gene são encontrados na Tabela 6. Em todas as situações  $f_e > f_a > f_g$  e ocorreu uma diminuição nos valores dos parâmetros estimados entre os períodos (1994-2004 e 2005-2012) e entre condição de criação (pasto e estabulado), indicando que houve uma redução da diversidade genética na população Brahman brasileira e que a diversidade é menor na subpopulação de animais estabulados. O valor de  $f_e$  é maior por considerar somente a contribuição dos fundadores na diversidade genética da população em estudo. De acordo com Boichard, Maignel e Verrier (1997) o número efetivo de fundadores pode ser superestimado quando o pedigree contém informações incompletas, esta superestimativa é menos intensa na estimativa do número efetivo de ancestrais, porque considera número de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética total da população em estudo. Porém o valor mais acurado para explicar a diversidade genética de uma população é o número de genomas remanescentes, pois considera os alelos que se

mantiveram na população, descontando perda de alelos por segregação. De acordo com essas definições, concluímos que entre os dois períodos estudados (P1 e P2) a diversidade genética em P2 é explicada por uma menor quantidade de indivíduos; o mesmo acontece para as subpopulações sob condições de criação diferentes (Ppasto e Pest), onde animais estabulados possuem menor diversidade genética e apenas 24 ancestrais responderam por metade da diversidade genética encontrada nessa subpopulação.

**Tabela 6.** Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene considerando a população total (Pt), primeiro período (P1), segundo período (P2), criados a pasto (Ppasto) e estabulados (Pest).

Variável	Pt	P1	P2	Ppasto	Pest
Nf	13764	4662	12689	6906	2407
$f_e$	101,4	107,6	78,1	94,4	68,8
$f_a$	97,07	101,01	76,89	91,57	66,36
$f_g$	75,02	79,87	70,68	72,93	58,42
Na – 50% diversidade genética	46	65	29	41	24
$f_e/f_a$	1,04	1,07	1,02	1,03	1,04
$f_g/f_e$	0,74	0,79	0,92	0,80	0,88

Nf: Número de fundadores

$f_e$ : Número efetivo de fundadores

$f_a$ : Número efetivo de ancestrais

$f_g$ : Número de genomas remanescentes

Na: Número de ancestrais que explicam 50% da diversidade genética

Outro indicativo da perda da diversidade genética é a grande diferença entre o número de fundadores (Nf), que são animais sem pais conhecidos, e o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), apontando que as contribuições dos fundadores para a populações referências são de intensidades distintas. A maior diferença foi encontrado em P2 com 12.689 fundadores e apenas 78,1 fundadores efetivos, o maior valor de F encontrado em P2 sustenta essa diferença e reforça que no segundo período houve queda na diversidade genética.

Quanto mais distante de 1 for o resultado da razão  $f_e/f_a$  significa que o número

efetivo de fundadores é bem maior do que ancestrais e portanto em algum momento apenas alguns fundadores foram escolhidos para serem os pais da próxima geração, caracterizando gargalo genético. Neste estudo, as razões  $f_e/f_a$  encontradas mostram que não houve gargalo genético, pois os valores ficaram próximos de 1. A razão  $f_g/f_e$  indica a dimensão da deriva genética, quanto menor o valor maior esse processo, ou seja, o número efetivo de fundadores é maior do que de genomas remanescentes e portanto os reprodutores não estão sendo utilizados na mesma intensidade e apenas aqueles com maior número de filhos conseguem preservar seus genomas durante as gerações; assim sendo, os resultados obtidos nesse estudo mostram que o processo de deriva genética foi pequeno. A razão  $f_g/f_e$  próxima de 1 encontrada em P2 mostra que os poucos fundadores dessa população deixaram, todos, um bom número de filhos, ou seja foram utilizados com intensidade parecida, minimizando as perdas por deriva genética; o valor dessa razão ter sido mais baixo em P1 pode ser justificado pela seleção de alguns reprodutores entre os fundadores já que o período compreende a introdução da raça no Brasil. Quando comparamos as subpopulações sob condições de criação diferentes, o menor valor da razão  $f_g/f_e$  em Ppasto, onde houve 20% de perdas alélicas por deriva, pode ser explicado pela maior disponibilidade de reprodutores com avaliação genética, implicando que alguns passam a ser usados com menor frequência do que outros, enquanto que para Pest a situação de uma menor disponibilidade de reprodutores com avaliação genética faz com que a intensidade do uso desses animais seja parecida.

O número de fundadores do segundo período foi 2,7 vezes maior que no primeiro período, demonstrando a expansão da raça Brahman no Brasil. Segundo a Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA) houve uma evolução na comercialização do sêmen de Brahman de 37,54% entre os anos de 2005 a 2009.

A redução da diversidade genética ao longo dos anos tem sido encontrada por meio de análise de pedigree utilizando estimativas com base na teoria da probabilidade de origem do gene em estudos no Brasil com diferentes raças, como Nelore Mocho, Indubrasil, Nelore, Gir e Guzerá (FARIA et al., 2002; VERCESI FILHO et al., 2002; VOZZI et al., 2006; FARIA et al., 2009; BRITO et al., 2013). O mesmo foi

observado por Faria et al. (2010) numa população de Brahman, porém com menos intensidade do que foi relatado no presente estudo, os autores observaram que 50 ancestrais contribuíram com 41,32 e 49,80% dos genes para o primeiro (1998 a 2001) e segundo período (2002 a 2005), respectivamente; além disso as razões  $f_e/f_a$  indicaram gargalo genético (17,5 e 3,7) e as razões  $f_g/f_e$  indicaram ocorrência de deriva genética (0,05 e 0,22); a grande divergência nos resultados dessas razões com os resultados encontrados nesse estudo pode ser justificada pela diferença entre as divisões dos períodos e origem dos dados, os autores utilizaram dados de pedigree do Programa de Melhoramento Genético da Raça Brahman (PMGRB) e dividiram em dois períodos: 1998 a 2001 e 2002 a 2005.

Os efeitos de gargalo genético e deriva genética tem sido constatado também em populações da raça Nelore (BARBOSA et al., 2013; BRITO et al.; 2013) e em raças britânicas criadas no Brasil (PICCOLI, et al., 2014). Além disso, Brito et al., 2013 observaram contribuições desiguais entre fundadores da população Nelore em que a maior contribuição marginal de um ancestral foi de 10,6%.

Entre os 10 principais ancestrais nas subpopulações estudadas, ou seja, os pais que mais contribuíram para a diversidade genética encontrada, 7 foram comuns em todas as situações (Pt, P1, P2, Ppasto, Pest). Todos os ancestrais eram machos e foram responsáveis, em média, por 20% da diversidade genética encontrada em cada subpopulação, sendo o ancestral 1 com a maior contribuição na média (4,32%) e com maior número de filhos (5047). (Tabela 7). Os resultados mostram que o número de filhos é bastante desigual mesmo entre os principais ancestrais, contribuindo para o aumento dos coeficientes de endogâmia; isso demonstra a falta de estratégias na utilização dos reprodutores e manutenção de diversidade genética na população.

**Tabela 7.** Tamanho da progênie dos principais ancestrais e suas contribuições marginais na diversidade genética considerando a população total (Pt), primeiro período (P1), segundo período (P2), criados a pasto (Ppasto) e estabulados (Pest).

Ancestral	Contribuição marginal						Número de filhos
	Pt	P1	P2	Ppasto	Pest	Média	
1	0,0453	0,0229	0,0502	0,0473	0,0503	0,0432	5047
2	0,0291	0,0324	0,0364	0,0298	0,0376	0,0331	2311
3	0,0286	0,0391	0,0290	0,0270	0,0339	0,0315	4088
4	0,0264	0,0373	0,0310	0,0254	0,0308	0,0302	2167
5	0,0260	0,0160	0,0284	0,0266	0,0326	0,0259	3409
6	0,0241	0,0298	0,0249	0,0233	0,0208	0,0246	1549
7	0,0190	0,0181	0,0198	0,0197	0,0259	0,0205	3352

Estudos recentes tem avaliado a diversidade genética utilizando a genômica como ferramenta. Gómez et al. (2013) através de marcadores microssatélites não observaram indício de queda na diversidade genética em uma população Brahman da Colômbia. Por outro lado, Scraggs et al. (2014) usaram dados genotípicos dos principais ancestrais de uma população de Wagyu nos Estados Unidos para estimar coeficiente endogâmico genômico.

#### 4 CONCLUSÕES

Todos os resultados mostram aumento do coeficiente de endogamia e queda da diversidade genética ao longo dos anos sendo mais acentuado na população de animais estabulados, indicando que, assim como em outras raças zebuínas, na população de Brahman não existe planejamento de uso racional de reprodutores, com consequentes problemas futuros para os ganhos genéticos nos programas de melhoramento.

## REFERÊNCIAS

ALBART COSTER. **Pedigree**: pedigree functions. R package version 1.4. 2012. Disponível em: <<http://CRAN.R-project.org/package=pedigree>>. Acesso em: 01 out. 2013.

ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL - ACBB, 2012. **Estágio Atual da Raça**. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>. Acesso em: 10 ago. 2014.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL - ASBIA, 2009. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/relatorio2009.pdf>>. Acesso em 20 de dez. 2014.

BARBOSA, A. C. B.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MUNIZ, L. M. S.; AMBROSINI, D. P.; CARRILLO, J. A.; FILHO, R. M. Population structure of Nelore cattle in northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 42, n. 9, p. 639-644, 2013.

BOICHARD, D. Pedig: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. **Proceedings of the...** Montpellier: Institut National de la Recherche Agronomique, 2002. p.13-28.

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

BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOË, D.; FORABOSCO, F.; FOGH, A.; PABIOU, T.; MOORE, K.; ERIKSSON, J.-Å.; RENAND, G.; PHOCAS, F. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 89, p. 1719-1730, 2010.

BRASIL, B. S. A. F.; COELHO, E. G. A.; DRUMMOND, M. G.; OLIVEIRA, D. A. A. Genetic diversity and differentiation of exotic and American commercial cattle breeds raised in Brazil. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 5516-5526, 2013.

BRITO, F. V.; SARGOLZAEI, M.; BRACCINI NETO, J.; COBUCI, J. A.; PIMENTEL, C. M.; BARCELLOS, J.; SCHENKEL, F. S. In-depth pedigree analysis in a large Brazilian Nelore herd. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 4, p. 5758-5765, 2013.

- CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; TORRES, R. A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 38, p. 2327-2334, 2009.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Harlow: Longman, 1996.
- FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LOBO, R. B.; MAGNABOSCO, A. U.; OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectado por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, p. 1133-1140, 2010.
- FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 126, p. 148-153, 2009.
- FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 54, p. 501-509, 2002.
- FERNANDEZ, J.; VILLANUEVA, B.; PONG-WONG, R.; TORO, M. A. Efficiency of the use of pedigree and molecular marker information in conservation programs. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 170, p. 1313-1321, 2005.
- GÓMEZ, Y. M.; FERNÁNDEZ, M.; RIVERA, D.; GÓMEZ, G.; BERNAL, J. E. Genetic Characterization of Colombian Brahman Cattle Using Microsatellites Markers. **Russian Journal of Genetics**, Moscow, v. 49, n. 7, p. 737-745, 2013.
- GUTIERREZ, J. P.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GOYACHE, F. Individual increase in inbreeding allows estimating realized effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, London, v. 40, p. 359-378, 2008.
- LACY, R. C. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. **Zoo Biology**, v. 14, p. 565-578, 1995.
- LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; FILHO, R. M.; BOZZI, R.; LADLE, R. J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Revista Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 10, p. 1109-1116, 2010.

PICCOLI, M. L.; BRACCINI NETO, J.; BRITO, F. V.; CAMPOS, L. T.; BÉRTOLI, C. D.; CAMPOS, G. S.; COBUCCI, J. A.; MCMANUS, C. M.; BARCELLOS, J. O. J.; GAMA, L. T. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 92, p. 1920-1930, 2014.

SANTANA, M. L.; OLIVEIRA JR., P. S.; ELER, J. P.; GUTIÉRREZ, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 90, p. 99-108, 2011.

SCRAGGS, E.; ZANELLA, R.; WOJTOWICZ, A.; TAYLOR, J. F.; GASKINS, C. T.; REEVES, J. J.; AVILA, J. M.; NEIBERGS, H. L. Estimation of inbreeding and effective population size of fullblood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 131, p. 3-10, 2014.

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

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

VOZZI, P. A.; MARCONDES, C. R.; MAGNABOSCO, C. U.; BEZERRA, L. A. F., LÔBO, R. B. Structure and genetic variability in Nelore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetic and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, p. 482-485, 2006.

WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, New York, v. 84, p. 177184, 2001.

## CAPÍTULO 3 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS EM BOVINOS DA RAÇA BRAHMAN

### RESUMO

Objetivou-se estimar parâmetros genéticos para as características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo entre partos (IEP), reconcepção (REC) e habilidade de permanência (HABP) em animais da raça Brahman no Brasil. Para REC o valor 1 (sucesso) foi atribuído para novilhas que pariram, dado que ela já havia parido anteriormente e 0 (fracasso) para novilhas que falharam após a primeira cria; para HABP o valor 1 foi atribuído para as fêmeas que atingiram a idade de 6 anos com no mínimo 3 partos, e o valor 0 para as fêmeas que chegaram a essa idade com menos de 3 partos ou que foram descartadas. Foram utilizadas análises bicaracterísticas para estimar componentes de (co) variâncias, empregando o modelo animal linear para IEP e IPP e o modelo animal de limiar para REC e HABP. As médias das herdabilidades foram 0,10 (IPP), 0,02 (IEP), 0,22 (REC) e 0,10 (HABP). As correlações genéticas foram de -0,13 entre IPP e IEP, -0,35 entre IPP e REC, -0,57 entre IPP e HABP, e 0,32 entre REC e HABP, indicando que fêmeas que permanecem por mais tempo produtivas no rebanho iniciam sua vida reprodutiva mais cedo e possuem maior facilidade na reconcepção, porém novilhas que parem muito jovens tendem a apresentar problemas que pode ocasionar o aumento no intervalo entre partos. A seleção de animais da raça Brahman para as características reprodutivas IPP, IEP, REC e HABP dará respostas de baixa magnitude e a longo prazo.

**Palavras chave:** Habilidade de permanência. Herdabilidade. Intervalo entre partos. Reconcepção.

## Estimates of genetic parameters for reproductive traits in Brahman cattle breed

### ABSTRACT

The aim of this study was to estimate the genetic parameters for age at first interval (IPP), calving interval (IEP), reconception (REC) and stayability (HABP) reproductive traits of Brahman cattle in Brazil. For REC the value 1 (success) was attributed for heifers calving, given that she had calved before and 0 (failure) for heifers that failed after first offspring; for HABP the value 1 was attributed for cows with 6 years of age with at least 3 calves. Two-trait analyzes were used to estimate (co) variance, using the linear animal model for IEP and IPP and the animal threshold model for REC and HABP. The mean heritability were 0,10 (IPP), 0,02 (IEP), 0,22 (REC) and 0,10 (HABP). The genetic correlation estimates were -0,13 between IPP and IEP, -0,35 between IPP and REC, -0,57 between IPP and HABP, and 0,32 between REC and HABP, indicating that females who stay for more productive time in herd start their early reproductive life and they are more easily in the reconception, but heifers calve very young tend to have problems that can cause the increase in calving interval. The selection of animals Brahman to IPP, IEP, REC and HABP traits, will of low magnitude and long-term responses.

**Keywords:** Calving interval. Heritability. Reconception. Stayability.

## 1 INTRODUÇÃO

No Brasil a raça Brahman tem sido utilizada para a realização de cruzamento industrial com as diversas raças bovinas de corte existentes, devido, principalmente, a características relacionadas a precocidade e fertilidade (ACBB, 2012).

Características reprodutivas parecem ser mais importantes economicamente em sistemas de produção de bovinos de corte, pois afetam diretamente a eficiência da pecuária, visto que as matrizes representam a categoria animal que consome a maior parte dos recursos alimentares disponíveis para o rebanho (MALHADO et al., 2013; SILVA et al., 2003). Assim, grandes impactos econômicos seriam alcançados mesmo com modestas alterações nos valores genéticos dessas características e, por isso a importância de incluir características reprodutivas em programas de melhoramento.

Contudo, existe uma limitação na utilização de características reprodutivas como critério de seleção, devido a dificuldade de mensuração aliado ao fato de que os sistemas de produção tropical são, principalmente, sobre a base de pastagens extensivas, o que dificulta ainda mais a coleta de informações a campo (BOLIGON; ALBUQUERQUE; RORATO, 2008; ELER et al., 2014). Além disso, algumas características reprodutivas são do tipo categórico ou limiar, ou seja, não apresentam expressão fenotípica contínua, dificultando ainda mais a avaliação e podendo comprometer as estimativas dos componentes de variância que permitiriam definir estratégias de seleção.

Para obter os índices que maximizem a resposta à seleção e, conseqüentemente a produção, é necessário estimar os parâmetros genéticos (ARAÚJO et al., 2008; MALHADO et al., 2009). Através da estimativa dos valores de herdabilidade e correlações das características a serem avaliadas é possível definir estratégias de seleção que contribuam com a redução de custos de produção e aumento no progresso genético dos animais, além de ser parâmetros importantes para realização da avaliação genética. Quando características reprodutivas são consideradas em programas de melhoramento genético, touros que tendem a ter filhas mais produtivas são selecionados.

Devido à escassez de estimativas de parâmetros genéticos para

características reprodutivas em animais da raça Brahman e com intuito de melhorar a precocidade sexual e longevidade das fêmeas, objetivou-se estimá-los para idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, reconcepção e habilidade de permanência utilizando estatística bayesiana sob modelo animal linear-limiar.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Dados**

Foram utilizados dados de pedigree da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ) de bovinos da raça Brahman provenientes dos estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Espírito Santo, Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e Goiás, nascidos nos anos de 1994 a 2012.

A consistência dos dados iniciou-se considerando somente as fêmeas mantidas sob o regime alimentar em pasto e que tiveram gestações do tipo inseminação artificial, monta natural ou monta controlada. Para a característica contínua idade ao primeiro parto (IPP) foi estabelecido o limite máximo de 1530 dias (51 meses), e para intervalo entre partos (IEP) estabeleceu-se os limites mínimo e máximo de 320 dias (10,7 meses) e 1095 dias (36,5 meses), respectivamente. Para reconcepção (REC) o valor 1 (sucesso) foi atribuído para novilhas que pariram, dado que ela já havia parido anteriormente e 0 (fracasso) para novilhas que falharam após a primeira cria; o limite máximo estabelecido para a fêmea emprenhar pela primeira vez foi de 1230 dias (41 meses) que somado com o intervalo entre partos médio do banco de dados (418 dias) resulta em 1648 dias (54,9 meses), tempo máximo considerado para a fêmea emprenhar pela segunda vez. Para habilidade de permanência (HABP) o valor 1 foi atribuído para as fêmeas que atingiram a idade de 6 anos com no mínimo 3 partos, e o valor 0 para as fêmeas que chegaram a essa idade com menos de 3 partos ou que foram descartadas.

Os grupos de contemporâneos (GC) foram definidos a partir de combinação de fazenda, tipo de gestação e ano de nascimento da matriz. Época de nascimento da matriz (seca ou água) foi incluído no GC da característica habilidade de permanência. GC com menos de 3 animais foram eliminados, assim como os GC sem variabilidade para as características reconcepção e habilidade de permanência,

ou seja, aqueles em que todos os animais apresentavam a mesma categoria de resposta (0 ou 1). A consistência dos dados assim como os testes de significância dos efeitos de ambiente para formação dos grupos de contemporâneos foram realizadas com o auxílio do software R. Por questão de viabilidade, alguns efeitos ambientais significativos foram considerados no modelo porém sem compor o grupo de contemporâneo, como ano e época de nascimento do filho, dessa forma uma quantidade menor de dados foram perdidos. Todos os componentes considerados nos modelos estão descritos no item 2.2.

O resumo descritivo dos dados está apresentado na Tabela 1.

**Tabela 1.** Número de observações total (N), número de observações codificadas como 0 (N0), número de observações codificadas como 1 (N1), mínimo (MIN), máximo (MAX), média (M), desvios-padrão (DP) e número de grupos contemporâneos (GC) de características reprodutivas de bovinos Brahman.

Característica	N	N0	N1	MIN <sup>1</sup>	MAX <sup>1</sup>	M <sup>1</sup>	DP <sup>1</sup>	GC
<b>IPP</b>	9174	-	-	451	1530	1129,3	175,32	676
<b>IEP</b>	10225	-	-	320	1095	519,9	160,54	604
<b>REC</b>	4516	1456	3060	-	-	-	-	361
<b>HABP</b>	4990	3598	1392	-	-	-	-	299

<sup>1</sup>: dias

**IPP**: idade ao primeiro parto

**IEP**: intervalo entre partos

**REC**: reconcepção

**HABP**: habilidade de permanência

## 2.2 Modelos estatísticos

Foram utilizadas análises bicaracterísticas para estimar componentes de (co) variâncias, empregando o modelo animal linear, para intervalo entre partos e idade ao primeiro parto e o modelo animal de limiar para reconcepção e habilidade de permanência.

Os modelos podem ser representados em notação matricial:

$$y = X\beta + Z_1a + Z_2c + e$$

onde,

$y$  : vetor de observações;

$\beta$  : vetor dos efeitos de ambiente identificável;

$a$  : vetor dos efeitos aleatórios que representam os valores genéticos aditivos diretos de cada animal;

$c$  : vetor dos efeitos permanentes do meio, considerados como aleatórios;

$e$  : vetor de efeitos aleatórios residuais;

$X, Z_1, Z_2$  : matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos de ambiente identificável e aos efeitos aleatórios genético aditivo direto e permanente do meio, respectivamente.

Os efeitos de ambiente identificáveis considerados foram o efeito de GC para as características IPP e HABP; os efeitos de GC, ano de nascimento do filho, época de nascimento do filho e a covariável idade da matriz ao parto para a característica IEP; e os efeitos de GC, ano de nascimento do filho e época de nascimento do filho para a característica REC.

Os efeitos permanentes de meio só foram incluídos no modelo para a característica IEP, portanto a matriz  $Z_2$  e o vetor  $c$  não foram considerados nos modelos para as demais características (REC, HABP e IPP).

De acordo com a abordagem Bayesiana, os vectores  $\beta$ ,  $a$ , e  $c$  são parâmetros de locação de uma distribuição condicional  $y | \beta, a, c$ .

No modelo de limiar assume-se que a escala subjacente apresenta distribuição normal contínua sendo representada como:

$$U|\theta \sim N(W\theta, I\sigma_e^2)$$

onde,

$U$  : vetor da escala base de ordem  $r$ ;

$\theta' = (\beta', a')$  : vetor dos parâmetros de locação de ordem  $s$ , com  $\beta$  definido sob o ponto de vista frequentista como efeitos fixos e ordem  $s$ , em que:  $a$  representa

os efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos;

$W$  : matriz de incidência conhecida de ordem  $r$  por  $s$ ;

$I$  : matriz de identidade de ordem  $r$  por  $r$ ;

$\sigma_e^2$  : variância residual.

Dado que a variável na distribuição subjacente não é observável, a parametrização  $\sigma_e^2 = 1$  é, geralmente, adotada no sentido de se obter a identificabilidade na função de verossimilhança (GIANOLA ; SORENSEN, 2002). Tal pressuposição é padrão em análises desse tipo.

Para as análises bicaracterísticas considerando uma característica categórica e outra contínua,  $\beta$  é considerado no modelo como um vetor para efeitos sistêmicos; no entanto, do ponto de vista Bayesiana,  $\beta$  é um vetor de efeitos aleatório em que a distribuição dos valores iniciais tem *priors* não informativas e, portanto, possuem uma distribuição uniforme de probabilidade.

Os componentes de (co)variância foram estimados utilizando os programas GIBBSF90 e THRGIBBS1F90, da família BGF90 (MIZTAL et al., 2002). Na implementação da amostragem de Gibbs para análises unicaracterísticas foram utilizadas três cadeias de 500.000 iterações para cada característica com distintos valores iniciais de componentes de variância considerando herdabilidades de 0,10, 0,40 e 0,80. Nas análises bicaracterísticas foram utilizadas três cadeias de 1 milhão de iterações cada para REC-HABP e IPP-IEP e 2 milhões para HABP-IPP e REC-IPP, os valores distintos dos componentes de variância foram definidos a partir dos resultados obtidos nas análises unicaracterísticas. As análises de convergência foram realizadas utilizando diagnósticos de gráficos como abordagem empírica, teste de estacionalidade de Brooks, Gelman e Rubin (GELMAN; RUBIN, 1992) e Geweke (1992), e teste de convergência de médias de Heldelberger e Welch (HELDELBERGER; WELCH, 2006) utilizando o pacote *coda* (PLUMMER et al., 2006) do software R. Apenas uma cadeia foi utilizada para fazer inferência, houve descarte inicial de 400.000 para as análises bicaracterísticas HABP-IPP e REC-IPP. Os valores de herdabilidades e correlações foram as médias dos resultados das

análises bicaracterísticas.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os resultados das estimativas dos componentes de variância e as estimativas de herdabilidades e correlações encontram-se nas Tabelas 1 e 2, respectivamente. Os testes de convergência das análises bicaracterísticas HABP-IEP e REC-IEP não foram satisfatórios, portanto os resultados dessas análises pouco confiáveis não foram considerados.

**Tabela 1.** Média e HPD (intervalo de credibilidade), entre colchetes, a posteriori para a variância genética ( $\sigma_a^2$ ), variância residual ( $\sigma_e^2$ ) e variância permanente de ambiente ( $\sigma_c^2$ ) das características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo entre partos (IEP), reconcepção (REC) e habilidade de permanência (HABP).

Característica	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_c^2$
<b>IPP</b>	2.182,8 [1.400,7; 3.000,7]	19.655,9 [18.773,3; 20.470]	- -
<b>IEP</b>	405,4 [38,6; 774,4]	20.020 [19.310; 20.730]	560,9 [56,27; 1093]
<b>REC</b>	0,28 [0,06; 0,53]	0,56 [0,54; 0,58]	- -
<b>HABP</b>	0,08 [0,02; 0,15]	0,60 [0,57; 0,62]	- -

**Tabela 2.** Parâmetros genéticos estimados e HPD (intervalo de credibilidade), entre colchetes para características idade ao primeiro parto (IPP), intervalo entre partos (IEP), reconcepção (REC) e habilidade de permanência (HABP). As herdabilidades são apresentadas na diagonal principal, correlações genéticas e residuais acima e abaixo da diagonal, respectivamente.

	<b>IPP</b>	<b>IEP</b>	<b>REC</b>	<b>HABP</b>
<b>IPP</b>	0,10 [0,06; 0,14]	-0,13 [-0,60; 0,39]	-0,35 [-0,75; 0,04]	-0,57 [-0,88; -0,25]
<b>IEP</b>	-0,05 [-0,08; -0,01]	0,02 [0,002; 0,04]	-	-
<b>REC</b>	-0,18 [-0,29; -0,06]	-	0,22 [0,09; 0,35]	0,32 [-0,20; 0,90]
<b>HABP</b>	-0,38 [-0,43; -0,33]	-	0,18 [0,12; 0,23]	0,10 [0,04; 0,16]

Os valores estimados de herdabilidade foram baixos, exceto para REC que apresentou herdabilidade moderada. Porém a região de credibilidade (HPD) para a estimativa de herdabilidade de REC apresentou grande variação comparado com as outras estimativas, segundo Silva et al. (2003) a amplitude entre o valor máximo e mínimo do intervalo de credibilidade permite inferir, com maior confiabilidade, sobre as estimativas obtidas. Entre as características estudadas, REC continha o menor número de observações, portanto, a quantidade de informações pode ter sido insuficiente para gerar resultados mais confiáveis no que diz respeito a maior amplitude do HPD.

Os resultados apresentados de herdabilidades indicam que a variância fenotípica das características analisadas na população Brahman é pouco explicada pela variância genética, e por isso pode se esperar um ganho genético menor por intervalo de tempo por meio da seleção. Isso é mais evidente para IEP, onde a herdabilidade foi ainda menor (0,02).

No geral, trabalhos no Brasil com fêmeas de várias raças bovinas de corte, principalmente Nelore, também reportam estimativas baixas de herdabilidade para

IPP, IEP, REC e HABP (BOLIGON e ALBUQUERQUE, 2010; CAETANO et al., 2013; ELER et al., 2014; MELLO et al., 2014; YOKOO et al., 2012; VAN MELIS et al., 2010; BUZANSKAS et al., 2010; MARTINES et al., 2004).

No entanto, as baixas herdabilidades estimadas no presente trabalho não implicam em não inclusão das características reprodutivas IPP, IEP, REC e HABP em programas de melhoramento genético, pelo contrário, devido a importância econômica dessas características grandes impactos econômicos seriam alcançados mesmo com modestas alterações nos valores genéticos.

Devido a correlação genética baixa entre IPP e IEP, espera-se uma resposta indireta a seleção de baixa magnitude. O valor estimado de -0,13 pode apontar uma relação, ainda que pequena, entre menor idade ao primeiro parto e maiores intervalos entre partos. Alguns trabalhos encontrados na literatura estimaram correlações entre idade ao primeiro parto e primeiro intervalo entre partos, porém os resultados são divergentes; como o reportado por Berry e Evans (2014) de 0,22 com bovinos *Bos taurus* e por Mercadante, Lôbo e Oliveira (2000) de -0,06 com Nelore. Os diferentes resultados podem ser explicados pelas diferenças entre populações em relação a idade de exposição das novilhas a reprodução e a imprecisão da coleta dos dados fenotípicos.

Apesar da correlação genética mediana entre as características IPP e REC, o valor estimado de -0,35 é suficiente para esperar que a seleção de animais com menor idade ao primeiro parto possa levar a seleção de animais com valor fenotípico igual a 1 para reconcepção, ou seja, fêmeas que após o primeiro parto tenham sucesso na concepção. Esses resultados são diferentes do que geralmente se espera, devido ao grande desgaste fisiológico imposto a fêmeas primíparas (PEREIRA, 2008). No entanto, a maioria das fêmeas Brahman da população estudada não foram expostas precocemente, sendo a média por volta de 2 anos, idade em que os prejuízos causados pela primeira parição podem ser menores.

A correlação genética negativa entre IPP e HABP é favorável, pois indica que a seleção de fêmeas que parem mais cedo pode levar à seleção de fêmeas que permanecem produtivas no rebanho por mais tempo. Esses resultados corroboram aqueles em Buzanskas et al. (2010) e Mello et al. (2014). Os autores trabalharam

com a raça Canchim e encontraram correlações genéticas de -0,63 e -0,35, respectivamente.

A correlação genética positiva entre REC e HABP pode levar a conclusão de que fêmeas que emprenham pela segunda vez em no máximo 55 meses tendem a atingir a idade de 6 anos com no mínimo 3 crias.

De modo geral, as correlações apresentadas na Tabela 2 apontam que fêmeas que permanecem por mais tempo no rebanho produtivas iniciam sua vida reprodutiva mais cedo e possuem maior facilidade na reconcepção, porém novilhas que parem muito jovens tendem a apresentar problemas que pode ocasionar o aumento no intervalo entre partos.

A alteração genética dessas características em programas de melhoramento somente é viável por meio de respostas indiretas produzidas pela seleção direta em uma característica importante economicamente e com herdabilidade mais alta. Assim, torna-se importante para o melhoramento genético da raça Brahman, o desenvolvimento de trabalhos que estimem as correlações genéticas entre características reprodutivas e produtivas.

#### **4 CONCLUSÕES**

A seleção de animais da raça Brahman para as características reprodutivas idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, reconcepção e habilidade de permanência dará respostas de baixa magnitude e a longo prazo.

## REFERÊNCIAS

- ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE BRAHMAN DO BRASIL - ACBB, 2012. **Estágio Atual da Raça**. Disponível em: <<http://www.brahman.com.br>>. Acesso em: 10 ago. 2014.
- ARAÚJO, C. V.; CARDOSO, A. M. C.; RAMOS, A. A.; ARAÚJO, S. I.; MARQUES, J. R. F.; TOMAZINI, A. P. I.; CHAVES, L. C. Heterogeneidade de variâncias e parâmetros genéticos para produção de leite em bubalinos da raça Murrah, mediante inferência Bayesiana. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 9, n. 3, p. 416-425, 2008.
- BERRY, D. P.; EVANS, R. D. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 92, p. 1412-1422, 2014.
- BOLIGON, A. A.; ALBULQUERQUE, L.G. Correlações genéticas entre escores visuais e características reprodutivas em bovinos Nelore usando inferência bayesiana. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 45, n. 12, p. 1412-1418, 2010.
- BOLIGON, A. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; RORATO, P. R. N. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 37, p. 596-601, 2008.
- BUZANSKAS, M. E.; GROSSI, D. A.; BALDI, F.; BARROZO, D.; SILVA, L. O. C.; TORRES JUNIOR, R. A. A.; MUNARI, D. P.; ALENCAR, M. M. Genetic associations between stayability and reproductive and growth traits in Canchim beef cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 132, p. 107-112, 2010.
- CAETANO, S. L.; SAVEGNAGO, R. P.; BOLIGON, A. A.; RAMOS, S. B.; CHUD, T. C. S.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Estimates of genetic parameters for carcass, growth and reproductive traits in Nellore cattle. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 155, p. 1-7, 2013.
- ELER, J. P.; BIGNARDI, A. B.; FERRAZ, J. B. S.; SANTANA JR, M. L. Genetic relationships among traits related to reproduction and growth of Nelore females. **Theriogenology**, Philadelphia, v. 82, p. 708-714, 2014.
- GELMAN, A.; RUBIN, D. B. Inference from iterative simulation using multiple sequences. **Statistical Science**, Hayward, v. 35, p. 1239-1335, 2006.

GEWEKE, J. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments. In: BERNARDO, J. M.; BERGER, J. O.; DAWID, A. P.; SMITH, A. F. M. (Ed.). **Bayesian statistics**. New York: Oxford University, 1992, p. 625-631.

GIANOLA, D.; SORENSEN, D. **Likelihood, bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics**. New York: Springer, 2002. 740 p. (Statistics for biology and health).

HELDELBERGER, P.; WELCH, P. Simulation run length control in the presence of an initial transient. **Operations Research**, Catonsville, v. 31, p. 1109-1144, 1983.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE, 2012. **Produção da Pecuária Municipal**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 22 out. 2014.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; FILHO, R. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PALA, A.; CARRILLO, J. A. Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. **Livestock Science**, Amsterdam, v. 154, p. 28-33, 2013.

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; AFFONSO, P. R. A. M.; PEREIRA, D. G.; SOUZA, J. C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v. 10, n. 4, p.830- 839, 2009.

MARTINEZ, G. E.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; VLECK, L. D. van. Genetic parameters for six measures of length of productive life and three measures of lifetime production by 6 yr after first calving for Hereford cows. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 82, p. 1912-1918, 2004.

MELLO, S. P.; ALENCAR, M. M.; SANTOS, D. C. C.; TORAL, F. L. B. Análise genética de características de fertilidade, de crescimento e de produtividade em vacas da raça Canchim. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 66, n. 2, p. 555-562, 2014.

MERCADANTE, M. E. Z.; LÔBO, R. B.; OLIVEIRA, H. N. Estimativas de (co)variâncias entre características de reprodução e de crescimento em fêmeas de um rebanho Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, p. 997-1004, 2000.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. H. BLUPF90 and related programs (BGF90). In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7, 2002, Montpellier. **Proceeding of the...** Montpellier, 2002. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=28-07.pdf>>. Acesso em: 15 jan. 2014.

PLUMMER, M.; BEST, N.; COWLES, K.; VINES, K. Coda: Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. **R News**, v. 6, n. 1, p.7-11, 2006.

SILVA, J. A. IIV.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S.; OLIVEIRA, H. N. Análise genética da habilidade de permanência em fêmeas da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, n. 3, p. 598-604, 2003.

VAN MELIS, M. H.; ELER, J. P.; ROSA, G. J. M.; FERRAZ, J. B. S.; FGUEIREDO, L. G. G.; MATOS, E. C.; OLIVEIRA, H. N. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nelore cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, p. 3809-3813, 2010.

YOKOO, M. J.; MAGNABOSCO, C. U.; ROSA, G. J. M.; LÔBO, R. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Características reprodutivas e suas associações com outras características de importância econômica na raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 64, n. 1, p. 91-100, 2012.

**ANEXO 1** – Script do software R: Divisão das informações de pedigree

```

install.packages("pedigree")

#####
##### Divisão do pedigree em 2 períodos #####
#####

### P1: 1994 a 2004 ###
#####

pedrecod<-pedigree,print.list=TRUE
pednew<-pedrecod$Pedigree.reco
names(pednew)<-c("newid","newidpa","newidmae")

# Criando um "data frame" onde os animais que nasceram no P1 recebem TRUE e
os outros FALSE

data_per1<-pedig[,c("newid","dtnasc","tipo")] #pedig é o pednew com informações
de data de nascimento e sexo
data_per1$tipo<ifelse(data_per1$dtnasc>=1994&data_per1$dtnasc<=2004,TRUE,
FALSE)

# Aplicando a função trimPed
yn_per1<-trimPed(pednew,data_per1$tipo,ngenback=8)
ped_per1<-pednew[yn_per1,]

# Recodificação do arquivo de animais nascidos no período 1:
recod(ped_per1,print.list=TRUE)
recod_per1<-recod(ped_per1,print.list=TRUE)

### P2: 2005 a 2012 ###
#####

# Criando um "data frame" onde os animais que nasceram no P2 recebem TRUE e
os outros FALSE

data_per2<-pedig[,c("newid","dtnasc","tipo")]
data_per2$tipo<ifelse(data_per2$dtnasc>=2005&data_per2$dtnasc<=2012,TRUE,
FALSE)

# Aplicando a função trimPed
yn_per2<-trimPed(pednew,data_per2$tipo,ngenback=8)
ped_per2<-pednew[yn_per2,]

```

```

# Recodificação do arquivo de animais nascidos no período 2:
recod(ped_per2,print.list=TRUE)
recod_per2<-recod(ped_per2,print.list=TRUE)

#####
##### Divisão do pedigree por condição de criação #####
#####

##### Ppasto #####
#####

# Criando um "data frame" onde os animais em pasto receberam TRUE e os
estabulados FALSE

d<-pedra1[,c(1,7)]      #pedra1 contém informações dos animais criados em pasto
names(d)<-c("id","tipo")
d$tipo<-TRUE

e<-pedra2[,c(1,7)]     #pedra2 contém informações dos animais criados estabulado
names(e)<-c("id","tipo")
e$tipo<-FALSE

pasto<-rbind(d,e)
pasto<-pasto[order(pasto$id),]

mergepasto<-merge(pasto,pedrecod$Mapa,by="id",all.y=TRUE)
mergepasto<-mergepasto[order(mergepasto$id_n),]
mergepasto<-mergepasto[,c(3,2)]

datapasto<-mergepasto
datapasto$tipo[is.na(datapasto$tipo)]<-FALSE

pednew<-pedrecod$Pedigree.reco

# Aplicando a função trimPed
yn<-trimPed(pednew,datapasto$tipo,ngenback=8)
ped_pasto<-pednew[yn,]
ped_pasto[(ped_pasto$pai_n==0),2]<-NA
ped_pasto[(ped_pasto$mae_n==0),3]<-NA

# Recodificação do arquivo de animais em pasto
recod(ped_pasto,print.list=TRUE)
recodpasto<-recod(ped_pasto,print.list=TRUE)
names(recodpasto) #Mapa da recodifica??o dos animais a pasto

```

```
##### Pest #####
#####
```

```
# Criando um data frame onde os animais em pasto receberam FALSE e os
estabulados TRUE
```

```
f<-pedra2[,c(1,7)]
names(f)<-c("id", "tipo")
f$tipo<-TRUE
```

```
g<-pedra1[,c(1,7)]
names(g)<-c("id", "tipo")
g$tipo<-FALSE
```

```
estabulado<-rbind(f,g)
estabulado<-estabulado[order(estabulado$id),]
```

```
mergeestabulado<-merge(estabulado,pedrecod$Mapa,by="id",all.y=TRUE)
mergeestabulado<-mergeestabulado[order(mergeestabulado$id_n),]
mergeestabulado<-mergeestabulado[,c(3,2)]
```

```
dataestabulado<-mergeestabulado
dataestabulado$tipo[is.na(dataestabulado$tipo)]<-FALSE
```

```
pednew<-pedrecod$Pedigree.reco
```

```
# Aplicando a função trimPed
yn<-trimPed(pednew,dataestabulado$tipo,ngenback=8)
ped_estabulado<-pednew[yn,]
ped_estabulado[(ped_estabulado$pai_n==0),2]<-NA
ped_estabulado[(ped_estabulado$mae_n==0),3]<-NA
```

```
# Recodificação do arquivo de animais estabulados
recod(ped_estabulado,print.list=TRUE)
recodestabulado<-recod(ped_estabulado,print.list=TRUE)
names(recodestabulado) #Mapa da recodifica??o dos animais a pasto
```

**ANEXO 2** – Script do software R: Consistência dos dados para estimar parâmetros genéticos de características reprodutivas.

```

### Lendo e nomeando o arquivo FILHOS.txt ###
ligia<-read.fwf("FILHOS.txt",c(10,10,10,8,4,2,8,2),col.names=c("idfemea","idfilho",
"dataparto","idadeparto","tempogest","tipogest","idcriador","idfaz"))

### Selecionando as fêmeas (IA, MN e MC) ###
ligia<-ligia[ligia$tipogest=="IA"|ligia$tipogest=="MN"|ligia$tipogest=="MC",]

### Lendo e nomeando o arquivo PESO.txt ###
peso<-read.fwf("PESO.txt",c(10,4,1,2,10,8,2,1),col.names=c("idfemea","pesofemea",
"alimfemea","condcriacaofemea","dtpesagemfemea","criador","faz","sexo"))

### Criar objeto do arquivo PESO com idfemea, alimfemea e condcriacaofemea ###
pesof<-peso[,c(1,3,4)]

### Selecionar para condição de criação 6 e regime alimentar 1 ###
pesof<-pesof[pesof$condcriacaofemea=="6",]
pesof<-pesof[pesof$alimfemea=="1",]
ligiapesof<-merge(ligia,pesof)

### Excluir colunas alimfemea e condcriacaofemea do arquivo ligiapesof ###
ligiapesof<-ligiapesof[,c(1,2,3,4,5,6)]

### Distribuição das características em gráficos ###
qqnorm(ligiapesof$tempogest);qqline(ligiapesof$tempogest,col=2)
hist(ligiapesof$tempogest)

### Ajustando formato da data ###
ligiapesof$dataparto<-as.Date(ligiapesof$dataparto,"%d/%m/%Y")

### Ordenando de forma crescente o idfemea e dataparto ###
ligiapesof<-ligiapesof[order(ligiapesof$idfemea,ligiapesof$dataparto),]
ligiapesof<-unique(ligiapesof)

### Gerando ordem de parto (op) ###
partos<-table(ligiapesof$idfemea)
partos<-as.data.frame(partos)

op<-NULL
for(i in 1:nrow(partos)){op<-c(op,seq(1:partos$Freq[i]))}

### Acrescentando uma coluna (op) em ligiapesof ###
ligiapesof<-data.frame(ligiapesof,op)

```

```
### Gerando Intervalo entre Partos(iep) ###
```

```
somap<-0
iep<-NULL
```

```
for(i in 1:nrow(partos)){
  inicio<-somap+1
  fim<-(inicio+partos$Freq[i])-1
  temp<-ligiapesof$dataparto[inicio:fim]
  temp<-diff(temp)
  iep<-c(iep,NA,temp)
  somap<-somap+partos$Freq[i]}
```

```
### Acrescentando uma coluna (iep) em ligiapesof ###
```

```
ligiapesof<-data.frame(ligiapesof,iep)
```

```
### Ajustando iep###
```

```
ligiapesof[(ligiapesof$iep<320|ligiapesof$iep>1095)&!is.na(ligiapesof$iep),8]<-NA
```

```
### Calculando idade ao primeiro parto (ipp) ###
```

```
ipp<-ligiapesof[,c(1,4,7)]
ipp<-ipp[ipp$op==1,]
names(ipp)<-c("idfemea","ipp","op")
ipp<-ipp[,c(1,2)]
```

```
ligiapesof<-merge(ipp,ligiapesof)
```

```
### Ajustando ipp ###
```

```
ligiapesof[(ligiapesof$ipp>1530),2]<-NA
```

```
qqnorm(ligiapesof$ipp);qqline(ligiapesof$ipp,col=2)
hist(teste$ipp)
```

```
summary(ligiapesof$ipp)
```

```
### Criando uma coluna no objeto ligiapesof com a data de nascimento das fêmeas
```

```
# Informação de data de nascimento está no arquivo "genealogia.txt", objeto "ped"
```

```
dtnasc<-ped[, c("idfemea","dtnasc")]
names(dtnasc)<-c("idfemea","dtnasc")
ligiapesof<-merge(dtnasc,ligiapesof,by="idfemea",all.y=TRUE)
ligiapesof$dtnasc<-as.Date(ligiapesof$dtnasc,"%d/%m/%Y")
```

```
ligiapesof$idde<-(as.Date("2012-12-31")-ligiapesof$dtnasc)
```

```
### Gerando Habilidade de Permanência (habp) ###
```

```
stay<-ligiapesof[,c("idfemea","idadeparto","op","idde")]
```

```

stay1<-subset(stay,op==3)
stay2<-subset(stay1,idade>=2180)
stay2$habp<-ifelse(stay2$idadeparto<=2200,1,0)
stay3<-subset(stay,op<3)
stay4<-subset(stay3,idade>=2180)
stay4<-stay4[!duplicated(stay4$idfemea),]
stay4$habp<-0
stay5<-stay4[!stay4$idfemea%in%stay2$idfemea,]
stayfinal<-rbind(stay2,stay5)

```

```

### Gerando a característica Reconcepção (rec) ###

```

```

rec<-data.frame(ligiapesof[,c(1,6,9)],NA)
names(rec)<-c("idfemea","idadeparto","op","rec")
rec<-rec[,c(4)]
ligiapesof<-data.frame(ligiapesof,rec)

```

```

somap<-0
rec<-NULL

```

```

for(i in 1:nrow(partos)){
  inicio<-somap+1
  fim<-(inicio+partos$Freq[i])-1
  if(partos$Freq[i]==1&&ligiapesof$idadeparto[inicio]>1950){
    ligiapesof$rec[inicio]<-0
  }else{
    if(partos$Freq[i]!=1&&ligiapesof$idadeparto[inicio+1]<=1950&&ligiapesof$idadeparto[inicio+1]!=-1){
      ligiapesof$rec[inicio+1]<-1
    }else{
      if(partos$Freq[i]!=1&&ligiapesof$idadeparto[inicio+1]>1950&&ligiapesof$idadeparto[inicio+1]!=-1){
        ligiapesof$rec[inicio+1]<-0
      }
    }
  }
  somap<-somap+partos$Freq[i]
}

```

```

### lendo o arquivo genealogia.txt ###

```

```

ped<-read.fwf("genealogia.txt",c(10,1,10,10,10,10,10,5,5,5,3,3,3,3,3,3,8,2,8,2,8,2,3,
3,3,8,2,8,2,8,2,4,2,4,2,4,2),col.names=c("idfemea","sexo","idpai","idmae","dtnasc","dt
nascpai","dtnascmae","raca","racapai","racamae","catreg","catregpai","catregmae","u
f","ufpai","ufmae","prop","faz","proppai","fazpai","propmae","fazmae","ufnasc","ufnasc
pai","ufnascmae","criador","fazcriador","criadorpai","fazcriadorpai","criadormae","fazc

```

```
riadormae", "tempogest", "tipogest", "tempogestpai", "tipogestpai", "tempogestmae", "tipo
gestmae"))
pedigree<-ped[, c("idfemea", "idpai", "idmae")]
```

```
### Recodificação do Pedrigree ###
recod(pedigree, print.list=TRUE)
pedigreerecod<-recod(pedigree, print.list=TRUE)
```

```
#### Acrescentando características do modelo ####
# Ano/Estação de nascimento da fêmea
ligiapesosof$anonasc<-format(ligiapesosof$dtnasc,"%Y")
ligiapesosof$mesnasc<-format(ligiapesosof$dtnasc,"%m")
mode(ligiapesosof$mesnasc)
ligiapesosof$mesnasc<-as.numeric(ligiapesosof$mesnasc)
ligiapesosof$epocanasc<-
ifelse(ligiapesosof$mesnasc<=9&ligiapesosof$mesnasc>=4,"seca","agua")
```

```
# Usar as informações de criador e fazenda do arquivo ped:
criadorfaz<-ped[,c("idfemea","criador","faz")]
ligiapesosof<-merge(criadorfaz,ligiapesosof,by="idfemea",all.y=TRUE)
```

```
# Criador + Fazenda
ligiapesosof$criadorfaz<-paste(ligiapesosof$criador,ligiapesosof$faz,sep="")
```

```
#Idade da mãe da vaca
iddmae<-ligia[,c("idfilho","idadeparto"),]
names(iddmae)<-c("idfemea","iddmae")
ligiapesosof<-merge(ligiapesosof,iddmae,by="idfemea",all.x=TRUE)
```

```
# Sexo do bezerro
sexofilho<-ped[,c("idfemea","sexo")]
names(sexofilho)<-c("idfilho","sexo")
ligiapesosof<-merge(ligiapesosof,sexofilho,by="idfilho",all.x=TRUE)
```

```
# Ano/Estação de nascimento do filho
ligiapesosof$anonascfilho<-format(ligiapesosof$dataparto,"%Y")
ligiapesosof$mesnascfilho<-format(ligiapesosof$dataparto,"%m")
mode(ligiapesosof$mesnascfilho)
ligiapesosof$mesnascfilho<-as.numeric(ligiapesosof$mesnascfilho)
ligiapesosof$epocanascfilho<-
ifelse(ligiapesosof$mesnascfilho<=9&ligiapesosof$mesnascfilho>=4,"seca","agua")
```

```
# Ordenar o objeto pelo id da fêmea e a data do parto:
ligiapesosof<-ligiapesosof[order(ligiapesosof$idfemea,ligiapesosof$dataparto),]
```

```

### Objetos das características com todas as informações de efeitos fixos ###
efeitosfixos<-ligiapesosof[,c("idfemea","criadorfaz","anonasc","mesnasc","epocanasc",
"iddmae")]
efeitosfixos<-unique(efeitosfixos)
stayfinal<-merge(stayfinal,efeitosfixos,by="idfemea",all.x=TRUE)
recfinal<-ligiapesosof[!is.na(ligiapesosof$rec),]
iepfinal<-ligiapesosof[!is.na(ligiapesosof$iep),]
ippfinal<-ligiapesosof[!is.na(ligiapesosof$ipp),]
ippfinal<-ippfinal[,c("idfemea","tipogest","op","criadorfaz","anonasc","epocanasc",
"iddmae","ipp")]
ippfinal[ippfinal$op!=1,3]<-NA
ippfinal<-ippfinal[!is.na(ippfinal$op),]

```

```

### Análise de Variância (testando os efeitos de ambiente)###
library(car)

```

```

### IPP ###

```

```

modeloipp<-lm(ippfinal$ipp~as.factor(ippfinal$criadorfaz)+as.factor(ippfinal$tipogest)
+as.factor(ippfinal$anonasc)+as.factor(ippfinal$epocanasc)+(ippfinal$iddmae))
Anova(modeloipp)
plot(ippfinal$iddmae,ippfinal$ipp)
modeloipp<-lm(ippfinal$ipp~as.factor(ippfinal$criadorfaz)+as.factor(ippfinal$tipogest)
+as.factor(ippfinal$anonasc)+as.factor(ippfinal$epocanasc))
Anova(modeloipp)

```

```

# testando interação

```

```

modeloipp<-
lm(ippfinal$ipp~as.factor(ippfinal$criadorfaz)*as.factor(ippfinal$tipogest)*as.factor(ipp
final$anonasc))
Anova(modeloipp)

```

```

### IEP ###

```

```

modeloiep<-lm(iepfinal$iep~as.factor(iepfinal$criadorfaz)+as.factor(iepfinal$tipogest)
+as.factor(iepfinal$anonasc)+as.factor(iepfinal$epocanasc)
+as.factor(iepfinal$anonascfilho)+as.factor(iepfinal$epocanascfilho)
+as.factor(iepfinal$sexo)+(iepfinal$idadeparto))
Anova(modeloiep)
plot(iepfinal$idadeparto,iepfinal$iep)

```

```

# testando quadrática para idadeparto

```

```

modeloiep<-lm(iepfinal$iep~as.factor(iepfinal$criadorfaz)+as.factor(iepfinal$tipogest)
+as.factor(iepfinal$anonasc)+as.factor(iepfinal$anonascfilho)
+as.factor(iepfinal$epocanascfilho)+iepfinal$idadeparto+l(iepfinal$idadeparto^2))
Anova(modeloiep)

```

```
#testando interação
modeloiep<-lm(iepfinal$iep~as.factor(iepfinal$criadorfaz)*as.factor(iepfinal$tipogest)
+as.factor(iepfinal$criadorfaz)*as.factor(iepfinal$anonasc)
+as.factor(iepfinal$criadorfaz)*as.factor(iepfinal$anonascfilho)
+as.factor(iepfinal$criadorfaz)*as.factor(iepfinal$epocanascfilho)
+as.factor(iepfinal$tipogest)*as.factor(iepfinal$anonasc)
+as.factor(iepfinal$tipogest)*as.factor(iepfinal$anonascfilho)
+as.factor(iepfinal$tipogest)*as.factor(iepfinal$epocanascfilho)
+as.factor(iepfinal$anonasc)*as.factor(iepfinal$anonascfilho)
+as.factor(iepfinal$anonasc)*as.factor(iepfinal$epocanascfilho)
+as.factor(iepfinal$anonascfilho)*as.factor(iepfinal$epocanascfilho))
Anova(modeloiep)
```

```
#### Formação dos GC ####
```

```
#ipp
```

```
ippfinal$gcipp<-paste(ippfinal$criadorfaz,ippfinal$tipogest,ippfinal$anonasc,sep="")
gcipp <- as.data.frame(table(ippfinal$gcipp))
names(gcipp) <- c("gcipp","n")
table(gcipp$n)
sum(gcipp$n)
gcipp<-gcipp[gcipp$n>3,]
```

```
dadosipp<-merge(ippfinal,gcipp,by="gcipp",all.y=TRUE)
```

```
#iep
```

```
iepfinal$gciep<-paste(iepfinal$criadorfaz,iepfinal$tipogest,iepfinal$anonasc,sep="")
gciep <- as.data.frame(table(iepfinal$gciep))
names(gciep) <- c("gciep","n")
table(gciep$n)
sum(gciep$n)
gciep<-gciep[gciep$n>3,]
```

```
dadosiep<-merge(iepfinal,gciep,by="gciep",all.y=TRUE)
```

```
#### Análise de Variância (testando os efeitos de ambiente)####
```

```
#### REC ####
```

```
modelorectotal<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$tipogest)
+as.factor(recfinal$criadorfaz)+as.factor(recfinal$anonasc)
+as.factor(recfinal$anonascfilho)
+as.factor(recfinal$epocanascfilho),family="binomial")
```

```
modelorec1<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$criadorfaz)
+as.factor(recfinal$anonasc)+as.factor(recfinal$anonascfilho)
+as.factor(recfinal$epocanascfilho),family="binomial")
```

```
anova.glm(modelorectotal,modelorec1,test="Chisq")
```

```
modelorec2<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$tipogest)
+as.factor(recfinal$anonasc)+as.factor(recfinal$anonascfilho)
+as.factor(recfinal$epocanascfilho),family="binomial")
anova.glm(modelorectotal,modelorec2,test="Chisq")
```

```
modelorec3<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$tipogest)
+as.factor(recfinal$criadorfaz)+as.factor(recfinal$anonascfilho)
+as.factor(recfinal$epocanascfilho),family="binomial")
anova.glm(modelorectotal,modelorec3,test="Chisq")
```

```
modelorec5<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$tipogest)
+as.factor(recfinal$criadorfaz)+as.factor(recfinal$anonasc)
+as.factor(recfinal$epocanascfilho),family="binomial")
anova.glm(modelorectotal,modelorec5,test="Chisq")
```

```
modelorec6<-glm(recfinal$rec~as.factor(recfinal$tipogest)
+as.factor(recfinal$criadorfaz)+as.factor(recfinal$anonasc)
+as.factor(recfinal$anonascfilho),family="binomial")
anova.glm(modelorectotal,modelorec6,test="Chisq")
```

```
recfinal$gcrec<-paste(recfinal$criadorfaz,recfinal$tipogest,recfinal$anonasc,sep="")
gcrec <- as.data.frame(table(recfinal$gcrec))
names(gcrec) <- c("gcrec","ngc")
recf2 <- merge(recfinal,gcrec,by="gcrec")
library(psych)
gc2rec <- describeBy(as.numeric(recf2$rec),recf2$gcrec,mat=T,skew=F)
```

```
gc3rec<-gc2rec[gc2rec$mean!=0&gc2rec$mean!=1,] #eliminando GC que só tem 1
ou 0
```

```
table(gc3rec$n)
sum(gc3rec$n)
gc3rec<-gc3rec[gc3rec$n>3,]
```

```
gcrec_merge<-gc3rec
gcrec_merge<-gcrec_merge[,c("group1","n")]
names(gcrec_merge)<-c("gcrec","n")
```

```
dadosrec<-merge(recfinal,gcrec_merge,by="gcrec",all.y=TRUE)
```

```
### HABP ###
```

```
modelohabptotal<-glm(stayfinal$habp~as.factor(stayfinal$criadorfaz)
+as.factor(stayfinal$anonasc)+as.factor(stayfinal$epocanasc),family="binomial")
```

```

modelohabp3<-glm(stayfinal$habp~as.factor(stayfinal$anonasc)
+as.factor(stayfinal$epocanasc),family="binomial")
anova.glm(modelohabtotal,modelohabp3,test="Chisq")

```

```

modelohabp4<-glm(stayfinal$habp~as.factor(stayfinal$criadorfaz)
+as.factor(stayfinal$epocanasc),family="binomial")
anova.glm(modelohabtotal,modelohabp4,test="Chisq")

```

```

modelohabp5<-glm(stayfinal$habp~as.factor(stayfinal$criadorfaz)
+as.factor(stayfinal$anonasc),family="binomial")
anova.glm(modelohabtotal,modelohabp5,test="Chisq")

```

```

stayfinal$gcstay
paste(stayfinal$criadorfaz,stayfinal$anonasc,stayfinal$epocanasc,sep="")
gcstay <- as.data.frame(table(stayfinal$gcstay))
names(gcstay) <- c("gcstay","ngc")
stayf2 <- merge(stayfinal,gcstay,by="gcstay")
library(psych)
gc2stay <- describeBy(as.numeric(stayf2$habp),stayf2$gcstay,mat=T,skew=F)

```

&lt;-

```

gc3stay<-gc2stay[gc2stay$mean!=0&gc2stay$mean!=1,]
table(gc3stay$n)
sum(gc3stay$n)
gc3stay<-gc3stay[gc3stay$n>3,]

```

```

gcstay_merge<-gc3stay
gcstay_merge<-gcstay_merge[,c("group1","n")]
names(gcstay_merge)<-c("gcstay","n")

```

```

dadosstay<-merge(stayfinal,gcstay_merge,by="gcstay",all.y=TRUE)

```

```

##### Juntando os dados #####

```

```

dadosipp_final<-dadosipp[,c("idfemea","gcipp","ipp")]

```

```

dadosiep_final<-
dadosiep[,c("idfemea","gciep","anonascfilho","epocanascfilho","idadeparto","iep")]
names(dadosiep_final)<-
c("idfemea","gciep","anonascfilhoiep","epocanascfilhoiep","idadepartoiep","iep")

```

```

dadosrec_final<-
dadosrec[,c("idfemea","gcrec","anonascfilho","epocanascfilho","rec")]
names(dadosrec_final)<-
c("idfemea","gcrec","anonascfilhorec","epocanascfilhorec","rec")

```

```

dadosstay_final<-dadosstay[,c("idfemea","gcstay","habp")]

#merge entre ipp e rec
ipp_rec<-merge(dadosipp_final,dadosrec_final,all=TRUE)

#merge entre ipp_rec e stay
ipp_rec_stay<-merge(ipp_rec,dadosstay_final,all=TRUE)

#merge entre ipp_rec_stay e iep
ipp_rec_stay_iep<-merge(ipp_rec_stay,dadosiep_final,all=TRUE)

#Retirando as informações duplicadas
freq<-table(ipp_rec_stay_iep$idfemea)
freq<-as.data.frame(freq)

ordem<-NULL
for(i in 1:nrow(freq)){
  ordem<-c(ordem,seq(1:freq$Freq[i]))
}

ipp_rec_stay_iep<-data.frame(ipp_rec_stay_iep,ordem)

ipp_rec_stay_iep[ipp_rec_stay_iep$ordem!=1,2:9]<-NA

dadosligia<-ipp_rec_stay_iep

### Recodificando os ids ###
names(dadosligia)[1]<-"id"
dadosligia<-merge(dadosligia,pedigreerecod$Mapa,by="id",all.x=TRUE)
dadosligia<-dadosligia[,-1]
dadosligia<-dadosligia[order(dadosligia$id_n),]

# Acrescentando colunas pai e mae no arquivo
dadosligia<-merge(dadosligia,pedigreerecod$Pedigree.reco,by="id_n",all.x=TRUE)

# Reorganizando as colunas
dadosligia<-dadosligia[,c("id_n","pai_n","mae_n","gcipp","gciiep","anonascfilhoiep",
"epocanascfilhoiep","idadepartoiep","grec","anonascfilhorec","epocanascfilhorec","g
cstay","ipp","iep","rec","habp")]

```