

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS  
ESCOLA DE VETERINÁRIA E ZOOTECNIA  
GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**GUSTAVO JOSÉ MARTINS DE PAULA SILVA**

**TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO**  
**PROGRESSO GENETICO, FATORES QUE DETERMINAM SUA MAGNITUDE**

Trabalho de Conclusão do Curso de Graduação em Zootecnia da Universidade Federal de Goiás, apresentado como exigência parcial à obtenção do título de Bacharel em Zootecnia.

Orientador: Prof. Dr. Arcádio de Los Reyes Borjas.

**GOIÂNIA**  
**2014**

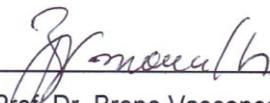
GUSTAVO JOSE MARTINS DE PAULA SILVA

PROGRESSO GENÉTICO, FATORES QUE DETERMINAM SUA  
MAGNITUDE

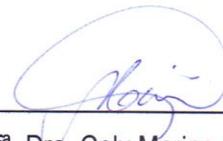
Trabalho de Conclusão do Curso de  
Gradação em Zootecnia da  
Universidade Federal de Goiás,  
apresentado como exigência parcial  
à obtenção do título de Bacharel em  
Zootecnia.

APROVADA: 26/ 06/ 2014

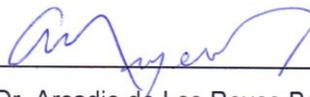
Nota: 9,01



Prof. Dr. Breno Vasconcelos  
(Membro da banca)



Prof. Dra. Cely Marine Melo e Oña  
(Membro da banca)



Prof. Dr. Arcadio de Los Reyes Borjas  
(Orientador)

Dedico esse trabalho primeiro a Deus, pois sem ele nada disso seria possível, aos que se interessam pelo assunto, para aquele que me deram força e não me deixaram abaixar a cabeça diante as dificuldades, aos meus familiares: meu pai João Augusto de Paula Silva, a minha Mãe Cleonice Martins de Paula Silva, meu irmão Alexandre Martins de Paula Silva (Xandão), meus avós Belarmino José da Silva, Mercedes de Paula Silva, Aurelina Marques Martins e em memória de meu avô Jonas Augusto Martins (Vagalume), aos meus amigos Virgílio Carneiro (Rato), Lennon Mesquita (Lennin), Guilherme Cardoso (Dito), que durante 5 anos foram companheiros de carona nas idas e vindas até a faculdade.

Dedico aos amigos Pedro Cândido (Carabina), Victor Hugo (Pagode), Regis Lopes, Caniggia Lacerda, Vyctor Rafael (Vito) e não poderia deixar de lembrar a grande ajuda que tive da Karla Andrade para a finalização do trabalho.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço a Universidade Federal de Goiás e a todos os funcionários da Escola de Veterinária e Zootecnia, que mantiveram a escola em condições para o aprendizado.

Em especial aos professores que ministraram aulas no curso de Zootecnia e contribuíram de forma considerável pra o meu aprendizado, principalmente nas áreas em que pretendo trabalhar.

## Sumário

1. INTRODUÇÃO .....	8
2. HISTÓRICO SOBRE OS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL.....	10
2.1. Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP) .....	11
3. FATORES QUE INTERFEREM NO PROGRESSO GENÉTICO DOS REBANHOS .....	13
3.1. Intensidade de seleção.....	13
3.1.1. Curva de distribuição normal.....	14
3.2. Variabilidade genética.....	15
3.3. Intervalo de geração.....	15
3.4. Acurácia de seleção.....	17
4. ENDOGAMIA.....	17
5. TENDÊNCIAS GENÉTICAS .....	18
6. CONCLUSÃO.....	22
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	23

## Lista de Tabelas

Tabela 1 - Principais programas de avaliação genética existentes no Brasil e número aproximado de animais em cada programa .....	12
--	----

## Lista de Figuras

Figura 1 - Curva de distribuição normal .....	15
Figura 2 - Valor genético médio dos pais (linha superior) e mães (linha inferior) de cada ano, para duas estratégias: 1) 20% de novilhas expostas e 2) 40% de novilhas expostas.....	17
Figura 3 - Frequência relativa do nascimento em função da idade da vaca ao parto para duas estratégias de renovação do rebanho: 1) novilhas expostas na taxa de 20% do rebanho de vacas e 2) novilhas expostas na taxa de 20% do rebanho de vacas .....	17
Figura 4 - Tendências genéticas aditivas diretas para peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS), ganho de peso do nascimento à desmama (GND) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GDS), no período de 1984 a 2006. ....	21
Figura 5 - Médias ajustadas de peso (P378) por ano de realização da PGP e rebanho .....	22

## 1. INTRODUÇÃO

O melhoramento animal é resultado da aplicação de técnicas que alteram as frequências de genes, com o interesse em aumento de produtividade, em um ambiente específico. Esses processos são aplicados a populações reais, com a intenção de alterar as frequências dos genes de interesse, com a certeza de que essas alterações serão refletidas nas próximas gerações, já que as fêmeas serão mantidas nos rebanhos, substituindo as mais velhas, mudando, assim o equilíbrio gênico e genotípico das populações. Essas populações reais, utilizadas pelos criadores, fornecem dados para os pesquisadores, que retornam aos criadores os resultados das avaliações nos processos de tomada de decisão sobre quais materiais genéticos serão utilizados para formar as próximas gerações (FERRAZ E ELLER, 2010).

Isso tudo levaria ao surgimento a cada geração de reprodutores jovens, que ao serem utilizados nos rebanhos, diminuiriam assim o intervalo de geração e potencializaria o progresso genético anual dos rebanhos. Porém o que acontece vai à contra mão destes princípios. No Brasil é recorrente a disseminação de animais sem avaliação genética nos rebanhos e, em contraponto a utilização de touros o mais jovens possível, existe uma disseminação do material genético de reprodutores com idade avançada, conseqüentemente o progresso genético por geração está muito aquém do que seria possível teoricamente. Se considerarmos o fato que estes touros com idade muito avançada são melhoradores até hoje, ou os métodos de seleção pioraram ou há algo de errado nas predições dos valores genéticos, pois a cada ano deveria-se identificar os animais superiores daquela geração para gerar as próximas gerações e com isso maximizar o progresso genético anual.

Há que ressaltar que o Brasil tem um rebanho de cerca de 70 milhões de vacas de corte que, não contabilizando 5 a 6% que são inseminadas, demandam cerca de 2 milhões de touros. Considerando que aproximadamente 20% desses touros são repostos/ano, a pecuária de corte brasileira tem uma necessidade de cerca de 400.000 tourinhos jovens de reposição por ano. A somatória de todos os programas de seleção do país não chega a 20.000 tourinhos avaliados/ano, ou

seja, mais de 95% dos touros de reposição do país são touros vendidos sem avaliação genética (FERRAZ E ELLER, 2010). No Brasil basicamente, a produção de bezerros é dependente da monta natural. Este tipo de manejo reprodutivo pode provocar uma necessidade de utilização de mais de 1,5 milhão de reprodutores por estação reprodutiva (FRENEAU, 2011).

## 2. HISTÓRICO SOBRE OS PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS DE CORTE NO BRASIL

FERRAZ e FRIES (2004) mostraram um histórico sobre o melhoramento no Brasil:

1951 – A Estação Experimental de Sertãozinho, SP, inicia as provas desempenho individual e avaliação de touros, orientação dos Drs. Barrison Villares e Dr. Fausto Pereira Lima;

1968 – O Departamento de Genética da Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, da Universidade de São Paulo, localizada em Ribeirão Preto, SP, cria o GEMAC sob a coordenação do Dr. Warwick Kerr, que traz para o grupo do Dr. F.A. Moura Duarte (1969) e um criador da raça Nelore, Dr. Arnaldo Zancaner, começa uma cooperação de longa duração, visando melhorar os processos de seleção na raça Nelore. Esse trabalho foi a base do atual Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, o PMGRN, hoje na Associação Nacional de Produtores e Pesquisadores (ANCP). A esse grupo se junta, em 1977 o Prof. Raysildo Barbosa Lôbo;

1974 – PROMEBO (Programa de Melhoramento de Bovinos), sob orientação do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (Dr. Luiz Alberto Fries) e patrocínio da Associação Nacional de Criadores (ANC);

1975 - Testes de Progênie na raça Nelore, promovido, no Paraná pela Empresa Cipari, em convênio com a ANC e a ABCZ – Associação Brasileira de Criadores de Zebu. O teste dos primeiros 10 touros Nelore completou-se em 1978, sob orientação do Dr. Sérgio Padilha;

1984 - Geneplan – Programa de Avaliação da Agropecuária CFM Ltda. é iniciado, sob a orientação de cientistas neozelandeses, tanto na raça Nelore, como em programas de cruzamento;

1984 - 1º Sumário de Touros Nelore, patrocinado pela Embrapa e ABCZ, com participação dos cientistas Antônio Nascimento Rosa, Paulo Roberto Costa Nobre e Luiz Otávio Campos da Silva, utilizando um modelo de efeitos fixos, com desvios das médias ajustadas para a raça;

1986 - Inicia-se o programa Natura (MLM do Brasil e Comega, empresa Argentina, Dr. Eduardo Macedo Linhares e Hector Caraballo);

1987 – A Embrapa começa a utilizar o modelo de touro;

1992 – Inicia-se, oficialmente, o Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore, o Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore-PMGRN/FMRP/ ANCP, com participação do Drs. Francisco de Moura Duarte e Raysildo Barbosa Lôbo;

A Tabela 1 apresenta informação relativa ao tamanho dos programas de avaliação genética existentes no Brasil até 2004 (FRIES & FERRAZ, 2004).

Em 29/12/1989, o Ministério da Agricultura do Brasil emitiu a Portaria 690, que estendia a isenção fiscal para animais que fizessem parte de um programa de avaliação genética e que fossem classificados, segundo critério de seleção definido em projeto, dentre os 20% melhores animais de cada safra. Esse percentual poderia ser acrescido de 0,5% por ano de existência do programa, se comprovado o progresso genético. Essa inovadora portaria, baixada após intensas negociações com o meio produtivo, contou com o destaque do Dr. Luiz Alberto Fries, da empresa Gensys e dos técnicos do Ministério da Agricultura, Jader Giacomini Ferreira e Walmore Lacorte, gerando o Certificado Especial de Identificação e Produção (CORRÊA, 2008).

### **2.1. Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP)**

Pensando em atender aos anseios dos pecuaristas brasileiros sobre a importância de criar animais adaptados a sua realidade que o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), no ano de 1995, instituiu o Certificado Especial de Identificação e Produção (CEIP), por meio da Portaria Ministerial nº 267/95, de 04 de Maio deste ano. O CEIP é um programa do MAPA que surgiu da adaptação de um programa anterior (instituído em 1989) que possuía o mesmo embasamento teórico, porém era extremamente burocrático o que desestimulava os interessados a pleitearem o direito de participar do programa. Posteriormente, em 02 de Agosto de 1995, a Portaria SDR nº 22 estabeleceu normas complementares contendo os requisitos operacionais necessários à execução do programa (CORRÊA, 2008).

Tabela 1 - Principais programas de avaliação genética existentes no Brasil e número aproximado de animais em cada programa

Programa	Início	Nº de rebanhos	Nº de animais no pedigree	Avaliação genética
ABCC - Caracu	1998	20	-	Embrapa
ABCCAN - Canchim	1999	2000	>230.000	Embrapa
ABCRS - Simental	1993	202	41.500	UNESP
ABCZ – Zebu	1984	>1000	>1.2 milhões	Embrapa
ABSG – Santa Gertrudis	1997	15	>250.000	GMA/FZEA/USP
ACGB - Guzerá	2001	-	11.670	FMRP/USP
Aliança - Nelore	1997	183	>340.000	Gensys
Bonsmara	2003		>168.000	GMA/FZEA/USP
CFM – Nelore	1984	20	>500.000	GMA/FZEA/USP
CFM Leachman – Montana	1997	30	>500.000	GMA/FZEA/USP
Delta G – Nelore, Hereford e Braford	1992	45	350.000	Gensys
Geneplus	-	Muitos	>220.000	Embrapa
Nelore Lemgruber – Fazenda Mundo Novo	1998	1	>38.000	GMA/FZEA/USP
Natura (Brangus)	1986	98	-	Gensys
Paint – Nelore	1994	161	>300.000	Equipe Lagoa
Pardo-Suíço Corte	2000	38	>35.000	GMA/FZEA/USP
PMGRN - Nelore	1992	180	>350.000	FMRP/USP
Promebo Angus	1992	168	-	ANC
Promebo Charoles	1992	62	-	ANC
Promebo - Hereford	1992	96	-	ANC
Qualitas - Nelore	2002	25	37.000	GMA&FMRP/USP

Fonte: DBO Genética (2004), citado por Ferraz e Eler (2010).

As informações que constam no certificado em relação à identificação do animal são: nome ou equivalente; sexo; data de nascimento; composição racial; identificação do pai; composição racial do pai; identificação da mãe; e composição racial da mãe. Porém, estas informações não substituem a necessidade do Registro Genealógico do animal. Deste modo, entendemos que o animal que

porventura participe do programa CEIP e seja apto a receber Registro em sua Associação de Raça deve fazê-lo, visando tornar-se um animal documentalmente completo (CORRÊA, 2008).

Em 2002 o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, MAPA, autorizou o primeiro programa de formação de compostos da pecuária de corte brasileira ao emitir CEIP, para a empresa CFM-Leachman Pecuária Ltda., para o Composto Montana Tropical (FERRAZ e ELLER, 2010).

Como os animais recebem CEIP apenas se forem corretamente identificados, pertencerem a um programa autorizado, e fiscalizado pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) e forem classificados dentre os 20% (para programas novos) e no máximo 30% (para programas com 20 ou mais anos de existência) melhores animais, segundo critérios de seleção descritos pelas Portarias relacionadas com o esse tipo de certificado, adquirir um animal com CEIP é como comprar uma mercadoria certificada, avalizada pelo órgão que o controla. Por isso, os criadores devem estar familiarizados com o conceito de CEIP, com os critérios de seleção dos programas e verificar se esses critérios coincidem com os seus objetivos para determinado sistema de produção (FERRAZ e ELLER, 2010).

### **3. FATORES QUE INTERFEREM NO PROGRESSO GENÉTICO DOS REBANHOS**

Para que se tenha viabilidade dos programas de melhoramento genético, é imprescindível que se conheçam os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e Intensidade de seleção no progresso genético, como por exemplo, tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética (MALHADO et al., 2008).

#### **3.1. Intensidade de seleção**

A intensidade de seleção  $i$  depende somente da proporção selecionada entre os indivíduos avaliados. Se  $p$  denota a proporção selecionada, isto é, a proporção de indivíduos situados além do ponto de truncamento, e  $z$  a altura da

ordenada nesse ponto, então, com base nas propriedades da curva normal, tem-se:

$$\frac{DS}{\sigma_p} = i = \frac{z}{p}$$

Em todas as importantes espécies de animais domésticos, devido à diferença de taxa reprodutiva entre os sexos, a intensidade de seleção aplicada aos machos é maior do que a que é possível aplicar nas fêmeas. Por exemplo, através da inseminação artificial, é possível acasalar um touro com mais de 30 000 vacas por ano. Assim sendo, uma pequena fração de todos os machos nascidos, talvez 1/10 000, deva ser selecionada para reproduzir a população. Por outro lado, entre a metade e dois terços das fêmeas nascidas têm que ser mantidos para manter a população. Além disso, o intervalo de geração pode ser diferente entre machos e fêmeas dependendo do programa de seleção. Para levar em conta essas diferenças, a equação de predição do ganho genético torna-se:

$$\Delta_{G_t} = \left( \frac{i_m}{t_m} + \frac{i_f}{t_f} \right) \sigma_p h^2$$

em que  $i_m$  e  $i_f$  referem-se às intensidades de seleção dos machos e das fêmeas, respectivamente, e  $t_m$  e  $t_f$  aos intervalos de geração dos machos e das fêmeas respectivamente (PEROTTO, 2000).

### 3.1.1. Curva de distribuição normal

Os procedimentos de estimação/predição estatística usados em genética quantitativa geralmente envolvem o uso de grandes números de registros chamados bancos de dados. Obviamente, são requeridas técnicas para sumariar esses grandes números de dados num pequeno número de valores denominados estatísticas. Muitos dos procedimentos de estimação baseiam-se nas propriedades da distribuição normal. O formato da curva normal é mostrado na Figura 1. Esta curva é uma distribuição de frequências em que a altura da curva em qualquer ponto da linha base representa a frequência (f) ou proporção relativa de indivíduos na população cujo fenótipo tem aquele valor particular (x). A variabilidade da maioria dos caracteres biológicos, como eles ocorrem em seu estado natural, segue a distribuição normal com bastante aproximação. Portanto, conhecendo-se

este fato acerca da distribuição desses caracteres, tem-se um ótimo ponto de partida para os trabalhos de estimação. Os mais importantes parâmetros da distribuição normal são o ponto central, ou seja, a média de todos os valores de  $x$ , denotado pela letra grega  $\mu$  (lê-se mi) e a forma como os dados se distribuem a partir da média, chamado variância, denotado pela letra grega sigma elevada ao quadrado ( $\sigma^2$ ), indicando que matematicamente este parâmetro é uma média dos quadrados dos desvios de cada valor de  $x$  em relação à media. A medida da variância mais comumente usada em conjunto com a média para descrever uma dada distribuição é o desvio padrão, denotado por  $\sigma$  (PEROTTO, 2000).

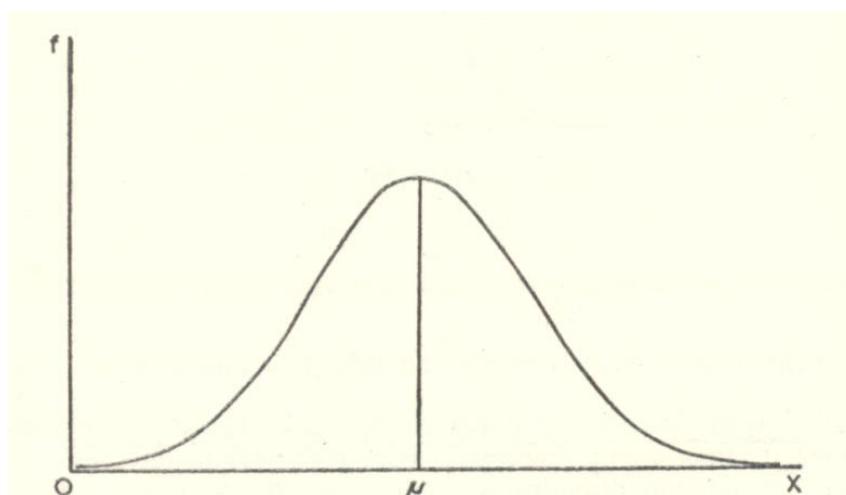


Figura 1 - Curva de distribuição normal  
Fonte: PEROTTO (2000).

### 3.2. Variabilidade genética

A variabilidade genética, inerente de cada característica e população, é determinante na definição de quanto progresso genético pode ser obtido. Quanto maior a variabilidade genética, maior é a possibilidade de progresso genético (CARVALHEIRO, 2011).

Para aperfeiçoar este componente, os programas devem procurar controlar o maior número de animais possível e estarem abertos ao uso de material genético de outros programas (CARVALHEIRO, 2011).

A existência de variabilidade genética é importante. Se determinado rebanho for endogâmico ou mesmo concentrado em determinada linhagem, é importante a utilização de reprodutores de outras famílias previamente, se possível com valor genético comprovado, ou mesmo no processo de seleção (MERCADANTE et al., 2004).

### 3.3 Intervalo de geração

Para potencializar o progresso genético anual da do rebanho, ou seja, para tornar a seleção mais eficiente, é necessário reduzir ao máximo o intervalo de gerações. No gado de corte, isso é alcançado selecionando-se os indivíduos com base na informação do seu próprio desempenho, utilizando-se os reprodutores tão jovens quanto possível e por um número limitado de anos (MERCADANTE et al., 2004).

Um dos fatores importantes que maximizam o ganho genético anual, em processos de seleção, é a redução do intervalo de geração. O intervalo de geração (IG) corresponde à idade média dos pais no nascimento da progênie (MERCADANTE et al., 2004).

A redução do intervalo médio de gerações é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, pois o ganho genético anual para as características avaliadas é prejudicado à medida que os intervalos aumentam. A utilização de touros jovens geneticamente superiores é uma ferramenta para a redução deste intervalo (BONIFÁCIO et al., 2009).

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

Torres Júnior et al. (2008), a partir de dados simulados com o sistema computacional MATLAB 6.5, versão 13, a partir de um rebanho com 40 machos, 1.000 vacas e 200 ou 400 novilhas sendo expostas, produzindo 900 bezerros por ano, divididos em grupos contemporâneos (GC) de 100 animais. A avaliação genética foi feita com os efeitos de GC, genéticos aditivos diretos e maternos, de ambiente materno e residual. A seleção foi baseada nas soluções para o efeito aditivo direto, ao longo de 25 anos. Na Figura 2 estão os gráficos com a evolução do valor genético dos animais a cada ano, as estimativas da tendência genética e da defasagem genética, expressa em kg e do tempo que ela representa para as situações avaliadas, a renovação mais rápida do rebanho de fêmeas levou a uma

redução da diferença entre machos e fêmeas em 0,97 kg ou 1,3 anos. Na Figura 3 são apresentadas as frequências relativas de nascimento de acordo com a idade da vaca ao parto, juntamente com o intervalo de geração de fêmeas e a taxa média de prenhez calculada para as duas estratégias. Pode-se observar a queda drástica na frequência de vacas mais velhas quando 400 novilhas são expostas, o que reduziu o intervalo de geração em 1,6 anos (25%), que foi, possivelmente, a causa do aumento na taxa anual de ganho.

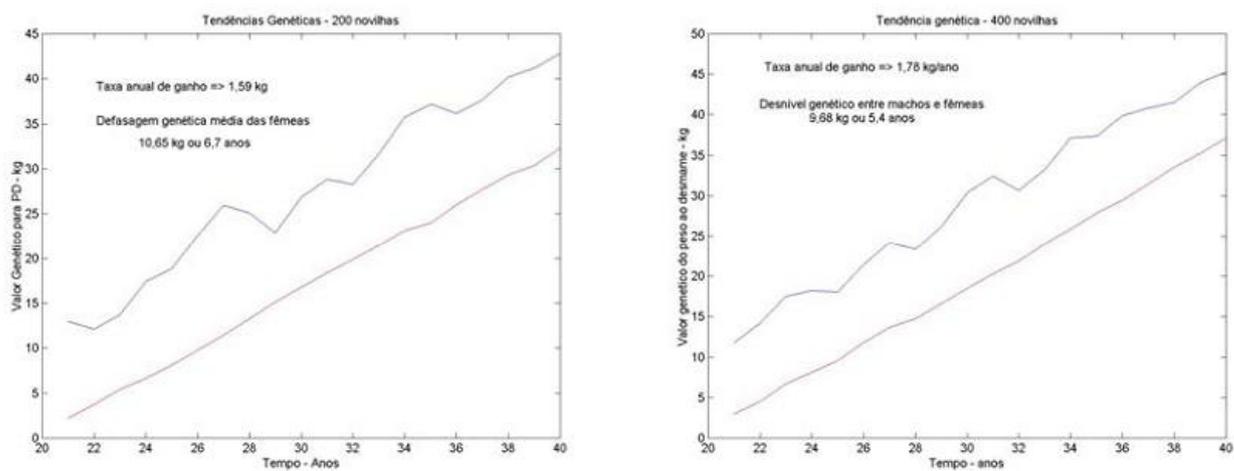


Figura 2 - Valor genético médio dos pais (linha superior) e mães (linha inferior) de cada ano, para duas estratégias: 1) 20% de novilhas expostas e 2) 40% de novilhas expostas.  
 Fonte: TORRES JÚNIOR et al. (2008).

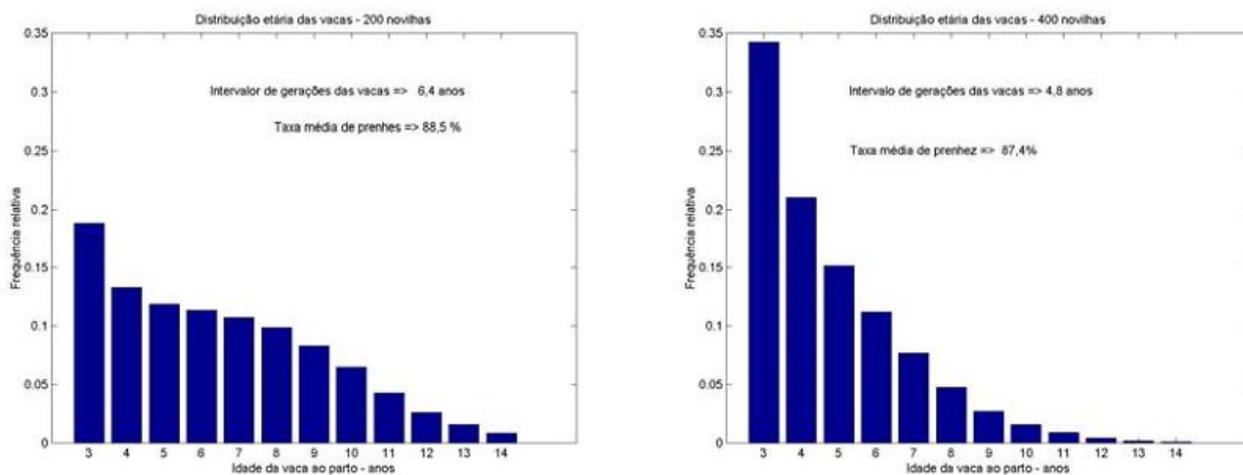


Figura 3 - Frequência relativa do nascimento em função da idade da vaca ao parto para duas estratégias de renovação do rebanho: 1) novilhas expostas na taxa de 20% do rebanho de vacas e 2) novilhas expostas na taxa de 40% do rebanho de vacas  
 Fonte: TORRES JÚNIOR et al. (2008).

### 3.4 Acurácia de seleção

A acurácia de seleção é uma indicação de quão boa pode ser a estimativa do verdadeiro mérito genético. Formalmente, ela é a correlação entre o valor genético estimado e o verdadeiro. Quanto melhor a habilidade em determinar o verdadeiro mérito genético dos animais, mais da superioridade dos pais selecionados será transmitida à próxima geração. A acurácia depende da herdabilidade da característica, para uma determinada população, da qualidade das informações coletadas, da técnica de predição do mérito genético e do critério de seleção adotado. Se informações dos parentes ou de características correlacionadas forem incluídas na estimação do valor genético, então a acurácia depende também da quantidade total de informação utilizada (CARVALHEIRO, 2011).

### 4. Endogamia

Dois indivíduos são geneticamente relacionados quando possuem ancestrais em comum. A partir disto, o grau de endogamia dependerá da relação de parentesco existente entre seus ascendentes. Logo, a definição tecnicamente correta é de que endogamia corresponde ao indivíduo descendente de progenitores que tenham algum grau de parentesco indivíduos (LUSH, 1945).

O uso mais intenso de descendentes de certos touros tem sido uma prática comum nas raças zebuínas. A endogamia foi utilizada por criadores de elite para assegurar uniformidade racial e fixação de características peculiares a certas linhagens de touros famosos (SCHENKEL et al., 2002).

Deve-se tomar cuidado com os efeitos da endogamia nos rebanhos. Esta pode ser reduzida levando-se em consideração a genealogia de touros e matrizes na formação dos lotes de acasalamento, assim como, utilizar os reprodutores por tempo determinado (MERCADANTE et al., 2004).

O desempenho quanto as características reprodutivas e de adaptabilidade diminui cerca de 1% da sua média para cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia, enquanto que as demais características quantitativas de interesse econômico podem decrescer menos de 1 % da média (NICHOLAS, 1999).

O efeito da depressão endogâmica sobre características de crescimento em zebuínos adaptados ao ambiente tropical, tem mostrado que por cada 1% de

aumento da endogamia o decréscimo correspondente é de 0,04, 0,72, 1,07, 1,49 kg para pesos ao nascer, 6 meses, 12 meses e 18 meses, respectivamente. Também foi constatado que a endogamia reduz a taxa de prenhez, aumenta o período de gestação, e conseqüentemente, o intervalo de partos (BURROW, 1998).

## 5. TENDÊNCIAS GENÉTICAS

A tendência genética é uma medida que permite avaliar a mudança ocasionada pelo processo de seleção para determinadas características ao longo dos anos. A estimativa da tendência genética é, então, a melhor maneira de se verificar o progresso genético, visto que a melhoria no desempenho ponderal não significa obrigatoriamente melhoria genética (ZOLLINGER e NIELSEN,1984; EUCLIDES FILHO et al.,1997). A taxa de mudança genética anual possível de ser obtida é de 1 a 3 % da média da população avaliada (SMITH, 1985).

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

À medida que a eficiência se torna um componente de importância no sistema de produção, é necessário avaliar o progresso que vem sendo alcançado ao longo do tempo. O acompanhamento do progresso genético obtido deve ser uma preocupação em toda e qualquer raça. O conhecimento da evolução genética de uma população tem importância não apenas para proceder aos ajustes que se fizerem necessários, mas também para que se avalie o resultado do programa de seleção que vem sendo desenvolvido (EUCLIDES FILHO et al., 2000).

Segundo HOLANDA et al. (2004), utilizando dados referentes a animais de ambos os sexos da raça Nelore, mocha e padrão, nascidos de 1977 a 1997 e provenientes de rebanhos comerciais do estado de Pernambuco, obtidos pelo Controle de Desenvolvimento Ponderal (CDP) da Associação Brasileira de

Criadores de Zebu - ABCZ. Estimaram peso médio ajustado aos 205 dias de  $157,55 \pm 22,80$  kg e estimativa negativa do ganho anual para efeito genético direto, de  $-15,80$  g/ano, correspondendo a 97,53 % da tendência genética total, e positiva para efeito genético materno,  $0,40$  g/ano, correspondendo a 2,47 %. A tendência genética total de  $-15,40$  g/ ano globaliza uma perda de 323,40 g ao longo dos 21 anos analisados.

MALHADO et al. (2008), a partir de dados de animais criados a pasto nascidos no período de 1965 a 2001 no nordeste do Brasil, provenientes do controle de desenvolvimento ponderal da raça Nelore, da Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ). Encontraram tendências genéticas para os efeitos diretos para as características D160 e D240 foram significativas ( $P < 0,001$ ) e iguais a  $-0,14$  e  $-0,41$  dias/ano. Em termos de mudança genética anual, isto representa 0,053 e 0,055%, com ganhos genéticos nos 36 anos de estudo de 5,04 e 14,76 dias a menos para ganhar 160 e 240 kg. A tendência genética materna foi significativa ( $P < 0,05$ ) e igual a  $-0,0037$  dias/ano para D160, com um ganho total nos 36 anos de 0,133 dias a menos para ganhar 160 kg, resultando numa contribuição quase nula, o que reflete a inexistência de seleção materna para esta característica.

LAUREANO et al., (2011), avaliaram registros de 128.148 animais da raça Nelore, nascidos entre os anos de 1984 e 2006, provenientes de uma empresa agropecuária que se dedica à bovinocultura de corte, localizada no estado de São Paulo, os valores médios observados para os pesos a desmama e ao sobreano foram 171,15kg e 274,7kg. Para peso a desmama e peso ao sobreano, as tendências genéticas foram de 0,171 (0,01) e 0,219 (0,02) kg/ano, respectivamente (Figura 4). Em termos de mudança genética anual, isso representa incrementos de 0,10 e 0,08% nas médias anuais do peso a desmama e peso ao sobreano, respectivamente, e uma diferença de, aproximadamente, 3,9 e 5,0kg no período de seleção estudado, para estas características, respectivamente.

FERRAZ FILHO et al. (2002), utilizaram dados provenientes de rebanhos bovinos da raça Tabapuã incluídos no Controle de Desenvolvimento Ponderal da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ). Consideraram-se apenas os animais criados em regime exclusivo de pastagens, nascidos no período de 1959

a 1996. As tendências genéticas dos efeitos genéticos aditivos diretos foram iguais a 0,13; 0,21 e 0,28 kg/ano, para P205, P365 e P550, respectivamente. Em termos de mudança genética anual, isto representa incrementos de 0,08; 0,09 e 0,10% nas médias dos três pesos, representando uma diferença de aproximadamente 3,6 kg no peso a desmama, 5,6 kg no peso ao ano e 7,5 kg no peso ao sobreano, como consequência do progresso genético oriundo do efeito genético direto, nos 27 anos estudados.

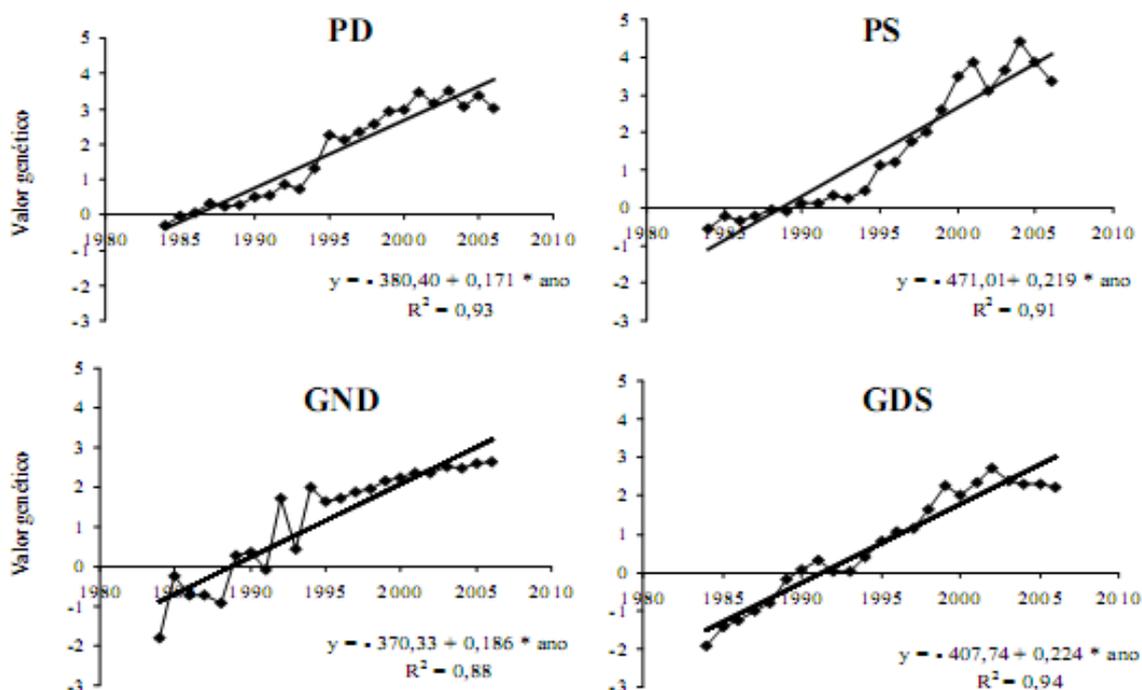


Figura 4 - Tendências genéticas aditivas diretas para peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS), ganho de peso do nascimento à desmama (GND) e ganho de peso da desmama ao sobreano (GDS), no período de 1984 a 2006.

Fonte: LAUREANO et al. (2011).

EUCLIDES FILHO et al. (2000), avaliaram informações oriundas da avaliação de animais da raça Gir, resultante do convênio existente entre a Associação Brasileira de Criadores Zebu (ABCZ), Ministério da Agricultura e do Abastecimento (MAPA) e a Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC). Os dados originais foram constituídos por pesos de 53.123 animais e referiam-se a pesos ao nascimento, a desmama (205 dias de idade) e ao sobreano (550 dias de idade), coletados no período de 1962 a 1994. Observou-se que durante o período compreendido pela avaliação a média de ganho peso diário pré-desmama foi de 504g. A regressão das diferenças

esperadas na progênie do efeito genético direto sobre o ano de nascimento resultou em um coeficiente de regressão, com tendência positiva equivalente a 0,04% de incremento anual em relação ao ganho médio de peso. Já pra o ganho de peso pós-desmama o incremento anual foi de 0,08%, ou seja, 2,64% no período (33 anos), ou 9,41g durante o ano.

CYRILLO et al. (2001), com informações provenientes dos rebanhos da raça Nelore pertencentes à Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho, unidade de pesquisa do Instituto de Zootecnia, localizada ao norte do estado de São Paulo, Brasil. A população bovina da raça Nelore da Estação Experimental atualmente é composta de 791 animais puros de origem, sendo 349 matrizes, 58 reprodutores, incluindo reservas e 384 bezerros, garrotes e novilhas, manejados de acordo com o Projeto de Melhoramento Genético das Raças Zebuínas. No rebanho Nelore seleção (NeS), foi observado coeficiente de regressão linear significativo e mudança genética de cerca de 4,92 kg/ano, o mesmo ocorrendo com o rebanho Nelore tratamento (NeT), com mudança genética de cerca de 3,08 kg/ano. Observa-se que, para os rebanhos selecionados, há tendência sempre crescente para a característica P378. Na Figura 5, pode-se observar estimativas de ganho genético de 2,71 e 3,08 kg/ano, para os rebanhos NeS e NeT respectivamente.

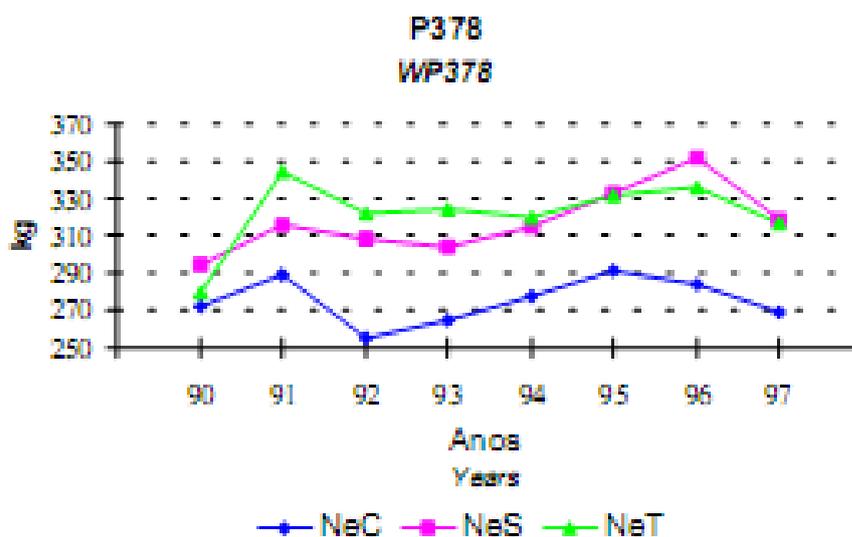


Figura 5 - Médias ajustadas de peso (P378) por ano de realização da PGP e rebanho  
Fonte: CYRILLO et al. (2001).

## 6. CONCLUSÃO

Com base nas informações reunidas neste trabalho pode-se concluir que, os ganhos genéticos alcançados pelos programas de melhoramento de raças zebuínas, estão muito aquém do que seria possível em teoria. Isto em decorrência, entre outros fatores, do intervalo de geração elevado, devido ao uso intenso de poucos touros com idade avançada, fato este que ocasiona ademais redução da variabilidade genética, aumento do parentesco médio na população e como consequência elevação da taxa média de endogamia e o efeito da depressão endogâmica nos caracteres de maior importância econômica.

O anterior mostra que o valor genético tem idade, e por tanto, é necessário e urgente estabelecer tempo máximo de uso dos touros assim como das vacas na reprodução, e dar prioridade ao uso de touros jovens com maior valor genético que seus ancestrais, desde que o programa de seleção funcione efetivamente.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BONIFÁCIO, A.; LEITE, J.; RAYMUNDO, A.; FARIA, L.C.; LÔBO, R.B. **Progresso genético e intervalo de gerações na raça Brahman no Brasil**. 2009. Disponível em: <[http://www.ancp.org.br/up\\_artigos/351tico\).pdf](http://www.ancp.org.br/up_artigos/351tico).pdf)> . Acesso em: 20 de Fevereiro 2014.

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

CARVALHEIRO, R. **Fatores que afetam o progresso genético no rebanho**. 2011. Disponível em: <<http://www.beefpoint.com.br/cadeia-produtiva/dicas-de-sucesso/fatores-que-afetam-o-progresso-genetico-do-rebanho-73289/>>. Acesso em: 19 de Março de 2014.

CORRÊA, F.J.C. Certificado especial de identificação e produção (CEIP) e sua relação com a bovinocultura funcional. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE PRODUÇÃO DE GADO DE CORTE, 6, 2008, Viçosa. Anais...Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2008.

CYRILLO, J.N.S.G.; RAZOOK, A.G.; FIGUEIREDO, L.A.; BONILHA NETO, L.M.; MERCADANTE, M.E.Z.; TONHATI, H. Estimativas de tendências e parâmetros genéticos do peso padronizado aos 378 dias de idade, medidas corporais e perímetro escrotal de machos Nelore de Sertãozinho, SP. **Revista Brasileira. Zootecnia**, v. 30, p.56-65, 2001.

EUCLIDES FILHO, K.; NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N. Tendência genética na raça Guzerá. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. Anais... Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997.

EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; ALVES, R.G.O.; FIGUEIREDO, G.R. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.4, p.787-791, 2000.

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

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J.C.; ALENCAR, M.M.; MALHADO, C.H.M. Tendência Genética dos Efeitos Direto e Materno sobre os Pesos à Desmama e Pós-Desmama de Bovinos da Raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.31, n.2, p.635-640, 2002.

FERRAZ, J. B. S.; ELER, J.P. Parceria público x privada no desenvolvimento de pesquisa em melhoramento genético animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, p.216-222, 2010.

FRENEAU, G.E. Aspectos da morfologia espermática em touros. **Revista Brasileira Reprodução Animal**. v.35, n.2, p.160-170. 2011.

FERRAZ, J.B.S.; FRIES, L.A. Programas de avaliação genética de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga. Anais...Pirassununga, 2004. (CD-ROM).

HOLANDA, M.C.R.; BARBOSA, S.B.P.; RIBEIRO, A.C.; SANTORO, K.R. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Arch. Zootec**. v.53. p.185-194. 2004.

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

LAUREANO, M.M.M.; BOLIGON, A.A.; COSTA, R.B.; FORNI, S.; SEVERO, J.L.P.; ALBUQUERQUE, L.G. Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.63, n.1, p.143-152, 2011.

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

MERCADANTE, M.E.Z.; RAZOOK, A.G.; CYRILLO, J.N.S.G.; FIIGUEIREDO, L.A. **Programa de seleção da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho: resultados de pesquisas, sumário de touros Nelore**. Boletim Científico 12. Nova Odessa. 2004.

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

PEROTTO D.; **Raças e cruzamentos na produção de bovinos de corte.** Apostila. 2000. Disponível em: <<http://pt.scribd.com/doc/90849614/RACAS-E-CRUZAMENTOS-NA-PRODUCAO-DE-BOVINOS-DE-CORTE>>. Acesso em: 24 de Abril de 2014.

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

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

TORRES JÚNIOR, R.A.A.; BETTONI, T.V.; SILVA, L.O.C.; FALCÃO, A.J.S. Estratégias de reposição de matrizes em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL. 7. 2008. São Carlos. Anais... São Carlos: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008. p.468.

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