

Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber

Priscila Silva Oliveira⁽¹⁾, Mário Luiz Santana Júnior⁽¹⁾, Victor Breno Pedrosa⁽¹⁾, Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira⁽¹⁾, Joanir Pereira Eler⁽¹⁾ e José Bento Sterman Ferraz⁽¹⁾

⁽¹⁾Universidade de São Paulo, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, Caixa Postal 23, CEP 13635-970 Pirassununga, SP. E-mail: pri_med_vet@hotmail.com, 10mario@gmail.com, vbpedrosa@yahoo.com.br, limattos@usp.br, joapeler@usp.br, jbferraz@usp.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi determinar a estrutura populacional e os efeitos causados pela endogamia, em um rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. O arquivo de pedigree avaliado incluiu registros de 39.290 animais, 17.646 machos e 21.644 fêmeas, nascidos entre 1951 e 2007. A estrutura da população foi analisada com uso dos programas Poprep e Endog, tendo-se determinado algum nível de endogamia em 61,82% dos animais. O valor do F médio foi 3,02% para toda a população e 4,89% para os animais endogâmicos; e o F máximo foi de 37,5%. O número de ancestrais que contribuiu para a população referência foi 2.380 animais, dos quais apenas sete explicam 50% da variabilidade genética da população. O número efetivo de fundadores (N_f) e o número efetivo de ancestrais (N_a) nessa população foram 25 e 21, respectivamente. O incremento esperado de endogamia, causado pela contribuição desequilibrada dos fundadores, foi de 1,62%. A estrutura populacional do rebanho apresenta envelhecimento dos reprodutores, com consequente aumento no intervalo de gerações, além de um contínuo incremento de endogamia e alta percentagem de indivíduos endogâmicos, fatos que comprometem o ganho genético anual e que devem merecer maior atenção dos selecionadores.

Termos para indexação: endogamia, Nelore Lemgruber, tamanho efetivo populacional, variabilidade genética.

Population structure of a closed herd of Nelore cattle of the Lemgruber line

Abstract – The objective of this work was to determine the population structure and the effects caused by inbreeding in a closed herd of Nelore cattle of the Lemgruber line. The pedigree file included records of 39,290 animal, 17,646 males and 21,644 females, born between 1951 and 2007. The population structure was analysed using the software Poprep and Endog, which resulted in some level of inbreeding for 61,82% of the animals. The average F value was 3.02% for the whole population and 4.89% for the inbred animals; and F maximum value was 37.5%. The number of ancestors that contributed to the reference population was 2,380 animals, from which only seven explained 50% of the genetic variability of the population. The effective number of founders (N_f) and the effective number of ancestors (N_a) in this population were, respectively, 25 and 21. The expected increase of inbreeding, caused by the unbalanced contribution of founders, was 1.62%. The herd populational structure shows the aging of the breeders, with a consequent increase of the generation's interval, as well as a continuous increase of inbreeding and a high percentage of inbred individuals. Such facts compromise the annual genetic gain and should deserve a closer attention from breeders.

Index terms: inbreeding, Nelore Lemgruber, effective population size, genetic variability.

Introdução

Os animais da raça Nelore da linhagem Lemgruber, muito conhecida por ser isolada dentro da raça, tem conquistado espaço na pecuária brasileira nos últimos anos, principalmente por meio da ampla utilização de alguns touros considerados geneticamente superiores, descendentes de uma pequena parcela de fundadores dessa linhagem. Atualmente, esses animais destacam-se pela intensa contribuição ao rebanho nacional, além da alta rusticidade, precocidade no ganho de peso e

na reprodução, habilidade materna e temperamento menos reativo.

O isolamento de uma população, principalmente daquelas submetidas a um constante programa de seleção, é considerado uma das principais causas do aumento da endogamia (Pedrosa et al., 2010). Nessas populações, teoricamente, não há introdução de animais oriundos de outros rebanhos, e aqueles considerados inapropriados para a reprodução são descartados. Assim, há redução da variabilidade genética, já que há uma redução do número de reprodutores com o

descarte, o que propicia a fixação de alguns alelos. Esse fato acarreta um processo prejudicial para o progresso genético, pois impossibilita a identificação de animais superiores portadores de outros alelos.

O principal objetivo, ao se definir a estrutura dessas populações teoricamente isoladas, é estimar os parâmetros que as caracterizam, como a endogamia, o tamanho efetivo populacional e o intervalo de gerações, de modo que se possa direcionar o desenvolvimento de estratégias para um gerenciamento adequado dos recursos genéticos para a preservação e o aproveitamento da máxima diversidade.

Apesar de ser um processo prejudicial, tanto para a expressão das características de interesse econômico quanto para o ganho genético em programas de seleção, a endogamia é utilizada por alguns produtores com a finalidade de aumentar a prepotência nas linhagens (capacidade de um indivíduo de produzir descendentes semelhantes a ele), uma vez que indivíduos mais endogâmicos possuem menor variação de gametas e, assim, a progênie tende a ser mais uniforme. De acordo com Oliveira et al. (2002), é possível que grupos de animais, pertencentes a diferentes linhagens constituam, a cada dia, material genético distinto, com maior uniformidade dentro das linhagens. Assim, acasalamentos entre linhagens diferentes podem propiciar a manifestação da heterose, com o aumento do desempenho dos animais, decorrente da restauração da perda de vigor adaptativo ocorrida com a endogamia. Tal heterose, no entanto, será dependente da diferença entre as frequências gênicas das duas linhagens. Se as diferenças entre as frequências não forem significativas, o valor da heterose pode ser de pequena magnitude ou mesmo desprezível (Falconer & Mackay, 1996).

O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura populacional e os efeitos causados pela endogamia, em um rebanho fechado de bovinos da raça Nelore da linhagem Lemgruber.

Material e Métodos

Os arquivos de dados dos animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, foram obtidos junto ao Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB), da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, da Universidade de São Paulo, em Pirassununga, SP. Os registros analisados no presente trabalho pertencem à Fazenda Mundo Novo, do Condomínio Agropecuário Irmãos Penteados Cardoso (Cipec Agropecuária),

localizada no Km 125, da BR 050, em Uberaba (19°22'S 48°13'W), MG.

O arquivo do pedigree utilizado nas análises incluiu registros de 39.290 animais, 17.646 machos e 21.644 fêmeas, nascidos entre 1951 e 2007. Além das informações genealógicas, disponíveis nos arquivos do GMAB, também foram utilizadas informações de ancestrais, fornecidas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebuínos, o que permitiu obter estimativas mais precisas dos parâmetros que caracterizam a estrutura populacional. Nesse arquivo de pedigree, 34.691 animais possuíam ambos os pais conhecidos.

Os parâmetros populacionais foram calculados com utilização dos programas Poprep (Groeneveld et al., 2009) e Endog v.4.6 (Gutiérrez & Goyache, 2005), que utilizam um conjunto mínimo de informações sobre cada animal para estimar os parâmetros relevantes que caracterizam a estrutura da população.

Esses programas estimam o coeficiente de endogamia individual (F) de acordo com Falconer & Mackay (1996), em que F é igual ao relacionamento genético aditivo (f) entre seus pais, ou coeficiente de coancestralidade. Ou seja, $F_i = f_{sd}$, em que i é o indivíduo, s é o pai e d é a mãe do indivíduo.

O tamanho efetivo de população N_e também foi calculado de acordo com Falconer & Mackay (1996), de duas maneiras distintas. Primeiro, utilizou-se a taxa de endogamia por geração, em que $N_e = 1/2\Delta F$ e $\Delta F = F_t - F_{t-1} / 1 - F_{t-1}$, em que F_t e F_{t-1} representam a endogamia média da progênie e de seus pais, respectivamente. Em seguida, calculou-se o N_e com base no número de reprodutores por geração, em que, $N_e = 4N_m N_f / N_m + N_f$ e, N_m e N_f representam o número de reprodutores machos e fêmeas, respectivamente.

O intervalo de geração (IG) foi calculado segundo Falconer & Mackay (1996), que o define como a média de idade dos pais ao nascimento de suas progênies mantidas para a reprodução. No cálculo do intervalo de geração, uma progênie foi considerada selecionada se deu origem a pelo menos um descendente. O resultado do IG foi computado por quatro caminhos distintos de seleção (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) por ano, para machos, fêmeas e para toda a população.

A integralidade do pedigree, que sintetiza a proporção de antepassados conhecidos em cada geração ascendente e quantifica a chance de detecção

de endogamia no pedigree, foi calculada segundo Maccluer et al. (1983), pelas seguintes equações:

$$I_d = 4I_{dpat} I_{dmat} / 4I_{dpat} + I_{dmat}$$

$$I_{dK} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i,$$

em que: K representa a linha paterna (pat) ou materna (mat) de um indivíduo; a_i é a proporção de ancestrais conhecidos na geração i ; e d é o número de gerações consideradas no cálculo da integralidade do pedigree.

Resultados e Discussão

O número de ancestrais que contribuíram para a população de referência foi 2.380 animais, dos quais apenas sete explicaram 50% da variabilidade genética da população. O número efetivo de fundadores (N_f), nessa população, foi de 25, e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores foi de 1,62%. O número efetivo de ancestrais (N_a) observado foi igual a 21, muito inferior

ao encontrado para a raça Indubrasil (107), por Vercesi Filho et al. (2002a). No entanto, valores semelhantes foram encontrados por Faria et al. (2010), para a raça Brahman (41 e 50,2), e por Vozzi et al. (2006), para a raça Nelore (59,8) e Nelore Mocho (61,5).

A razão entre o número efetivo de fundadores e ancestrais (N_f/N_a) na população de referência foi de 1,19, ou seja, nem todos os indivíduos apontados como fundadores dessa população foram efetivamente ancestrais dela; no entanto, esse resultado pode ser considerado satisfatório quando comparado a outros encontrados na literatura. De acordo com Faria et al. (2002), o valor médio para a razão N_f/N_a , encontrado para o Nelore Mocho, foi de 1,44. Reis Filho (2006) obteve para a raça Gir a razão de 1,95. Faria et al. (2010) relataram razão igual a 3,7, para o período de expansão da raça Brahman no Brasil (2002–2005), o que indica intenso uso de poucos reprodutores, provavelmente em consequência de predominância de inseminação artificial, produção in vitro e transferência de embriões.

A distribuição das matrizes quanto ao número de partos ao longo do tempo (Tabela 1) foi uma informação

Tabela 1. Distribuição das matrizes da raça Nelore, linhagem Lemgruber, quanto à ordem de partos por ano.

Ano	Distribuição das matrizes por número de partos															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16
1983	662	239	95	33	7	3	--									
1984	697	570	209	78	28	3	2									
1985	372	536	305	118	34	14	2	--								
1986	269	374	367	166	70	15	7	1	--							
1987	417	317	473	369	152	69	15	6	1	--						
1988	243	242	228	354	266	100	45	6	4	1	--					
1989	217	175	228	227	276	182	67	23	6	2	1					
1990	270	169	181	191	206	196	103	47	11	4	1	--				
1991	287	116	151	171	198	208	165	90	30	6	1	1	--			
1992	216	150	124	133	142	138	119	66	31	8	--	--	1	--	--	--
1993	239	189	126	125	118	128	105	64	34	11	1	--	--	1	1	--
1994	217	176	124	95	113	111	104	54	33	14	5	1	--	--	--	1
1995	261	171	151	150	107	108	98	102	52	27	11	5	--	--	--	1
1996	225	187	198	146	132	105	105	76	62	38	20	5	3	--	--	--
1997	208	157	160	131	111	115	84	79	65	33	22	16	4	2	--	--
1998	273	267	147	194	157	121	104	81	65	49	27	17	6	2	1	--
1999	228	211	211	126	143	107	98	70	43	41	29	14	11	2	1	--
2000	223	142	182	155	126	122	87	83	60	45	27	11	10	9	1	--
2001	269	188	182	174	125	105	94	70	63	40	28	16	4	2	2	--
2002	221	173	87	82	75	53	56	45	29	26	16	8	5	2	--	--
2003	149	180	196	131	116	90	69	72	55	38	25	15	9	6	1	--
2004	281	150	147	144	108	106	86	62	57	46	30	24	12	5	6	12
2005	198	168	131	127	123	87	67	58	40	32	26	9	10	4	1	--
2006	247	220	131	120	113	109	84	59	49	35	25	16	12	7	4	4
2007	205	123	171	100	114	91	88	64	47	36	23	16	3	7	--	--

bastante importante, pois permitiu avaliar a taxa de reposição e de descarte das matrizes do rebanho. Verificou-se que, com o decorrer dos anos, não houve crescimento do rebanho por meio das novilhas, mas sim a manutenção de matrizes com um número de partos elevados, o que pode prejudicar tanto o ganho genético anual, quanto também elevar a taxa de endogamia, pois aumentam as chances de ocorrer acasalamentos entre indivíduos aparentados.

Demonstrou-se que poucos reprodutores deram origem a um grande número de filhos, em que os 50 primeiros ancestrais mais representativos, equivalentes a 6,7% dos touros, foram responsáveis por 58,73% dos filhos nascidos neste rebanho (Tabela 2). Segundo Faria et al. (2002), quando um determinado número de animais é utilizado por mais tempo e deixa um número maior de filhos, além da influência sobre o intervalo de gerações, ocorre aumento na variância de tamanho de família, que é uma das principais causas da diminuição do tamanho efetivo da população.

A percentagem média de progênes dos touros e das matrizes selecionadas para se tornarem pais da geração seguinte foi de 72,86 e 16,94, respectivamente, e a proporção média touro:vaca foi de 1:13 (Tabela 3). No Brasil, a proporção touro:vaca adotada tradicionalmente pelos pecuaristas é de 1:25, o que resulta em subutilização dos touros, pois, segundo Santos et al. (2004), touros da raça Nelore em acasalamentos por monta natural podem suportar maior número de vacas,

Tabela 2. Descrição da contribuição individual e acumulada dos principais ancestrais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

Ancestrais	Contribuição individual (%)	Contribuição acumulada (%)
1ª (ZR7015)	5,48	5,48
2ª (A1646)	3,05	8,53
3ª (8107)	3,03	11,56
4ª (ZRC0095)	2,91	14,47
5ª (ZRB3194)	2,46	16,93
10 mais influentes	-	25,44
50 mais influentes	-	58,73

Tabela 3. Número de machos e fêmeas da raça Nelore, linhagem Lemgruber, na reprodução, por ano de nascimento da progênie.

Ano	Machos		Fêmeas		Nº de animais nascidos
	Machos com progênie	Com progênie selecionada ⁽¹⁾	Fêmeas com progênie	Com progênie selecionada	
1983	25	19	1.034	202	1.054
1984	24	20	1.583	153	1.595
1985	26	21	1.361	207	1.429
1986	37	26	1.254	152	1.278
1987	50	33	1.748	187	1.836
1988	50	42	1.488	186	1.504
1989	44	29	1.384	233	1.415
1990	44	39	1.371	215	1.391
1991	63	44	1.378	235	1.434
1992	56	40	1.114	211	1.136
1993	50	34	1.121	225	1.147
1994	53	33	1.026	209	1.053
1995	65	55	1.156	248	1.256
1996	61	52	1.216	229	1.331
1997	62	47	1.089	211	1.193
1998	69	60	1.393	296	1.514
1999	69	51	1.269	251	1.341
2000	75	47	1.217	217	1.288
2001	79	52	1.309	229	1.367
2002	57	46	854	202	883
2003	62	48	1.084	219	1.156
2004	75	58	1.185	225	1.298
2005	84	15	1.055	23	1.083
2006	82	-	1.214	-	1.237
2007	90	-	1.074	-	1.091

⁽¹⁾Número de reprodutores que tiveram sua progênie selecionada em um determinado ano, para se tornarem pais da geração seguinte.

o que certamente torna o sistema de acasalamento mais eficiente e econômico. De acordo com Fonseca (2000), a alteração nessa proporção tradicional para 1:60 e 1:80 acarreta redução no custo de cada bezerro desmamado de 18,6 e 22,8%, respectivamente.

Os intervalos de gerações nas passagens pai-filho e pai-filha foram de 9,01 e 8,7 anos, respectivamente (Tabela 4), e podem ser considerados altos e similares aos demais encontrados para raças zebuínas criadas no Brasil (Faria et al., 2001, 2002; Vercesi Filho et al., 2002a, 2002b; Reis Filho, 2006). Essas elevadas estimativas são atribuídas, em parte, à rusticidade e adaptação da raça Nelore ao clima tropical, à elevada idade das vacas ao parto (sete anos em média) e à tardia substituição delas. A redução do ganho genético por unidade de tempo, com menor retorno econômico do programa, é a principal consequência dos longos intervalos de gerações.

O intervalo de geração médio de pai-progênie foi maior em relação às demais passagens gaméticas

citadas (Tabela 4). Isso pode ser explicado pela elevada idade dos touros quando divulgado o resultado de sua primeira prova ou, ainda, pela contínua utilização de determinados reprodutores, sem rápida substituição por seus descendentes. Esses resultados diferem de outros descritos na literatura, em que as passagens de touro para progênie são menores do que as de matrizes para progênie (Toll & Barker, 1979; Vassalo et al., 1986).

Quanto à análise do pedigree (Tabela 5), a estimativa deste parâmetro é de grande importância, uma vez que o coeficiente de endogamia de um indivíduo depende do conhecimento de sua ascendência. Assim, quanto mais se conhece a ascendência de um indivíduo, mais confiável será o seu coeficiente de endogamia estimado em relação à base populacional definida.

Para os animais nascidos nos últimos dez anos, os percentuais médios de pedigree completo, de acordo com o número de gerações conhecidas, foram: uma geração, 98,8%; duas gerações, 98,4%; três gerações, 97,4%; quatro gerações, 88%; cinco gerações, 88%;

Tabela 4. Intervalo médio de geração⁽¹⁾ e número de observações por ano de nascimento, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

Ano	ss	Nss	sd	Nsd	ds	Nds	dd	Ndd	pop	Npop
1983	10,8	13	9,1	188	9,8	13	7,1	183	9,2	201
1984	9,3	9	13,1	143	8,3	7	7,9	141	12,9	152
1985	8,9	19	9,6	188	7,3	15	8,0	187	8,7	207
1986	14,0	4	8,6	148	8,4	3	7,8	146	8,3	152
1987	9,7	15	9,1	171	10,1	11	7,9	170	8,6	187
1988	7,2	10	9,1	176	7,9	10	8,1	176	8,6	186
1989	6,2	13	8,1	222	8,4	13	9,0	221	8,5	235
1990	7,7	12	8,5	202	8,3	12	8,8	200	8,5	216
1991	12,7	12	8,6	210	10,5	10	8,4	222	8,6	234
1992	11,6	15	10,0	195	8,7	15	7,6	192	9,0	210
1993	7,9	10	8,2	209	7,4	9	7,6	209	7,8	227
1994	6,8	11	9,1	198	6,8	11	7,3	197	8,2	209
1995	7,0	17	8,5	234	6,2	14	7,6	234	8,0	251
1996	6,8	19	8,8	221	6,6	18	7,4	210	8,0	240
1997	8,0	10	7,2	205	7,7	10	7,6	205	7,4	215
1998	7,4	14	6,6	283	6,6	14	7,0	284	6,9	299
1999	5,5	12	5,6	238	6,5	12	6,8	243	6,2	255
2000	7,5	13	7,6	207	6,9	12	7,3	208	7,5	221
2001	9,3	14	7,9	215	8,1	15	7,1	215	7,6	230
2002	5,2	13	7,0	191	4,2	12	6,6	191	6,7	204
2003	7,8	11	8,7	210	6,2	11	8,0	210	8,3	221
2004	13,2	10	8,5	219	8,1	10	7,2	220	7,9	230
2005	9,7	1	14,2	22	7,2	1	7,1	22	10,5	23
Média	9,1	-	8,7	-	7,7	-	7,6	-	8,3	-

⁽¹⁾Média de idade dos pais, ao nascimento da progênie mantida para a reprodução. ss, pai para filho; Nss, número de machos para ss; sd, pai para filha; Nsd, número de fêmeas para sd; ds, mãe para filho; Nds, número de machos para ds; dd, mãe para filha; Ndd, número de fêmeas para dd; pop, intervalo médio de geração para toda a população; Npop, número de progênies selecionadas.

seis gerações, 78,2%. Esses dados são indicativos de que o controle de informações genealógicas do rebanho Nelore Lemgruber é de alta qualidade, com muitas gerações controladas.

Quanto à distribuição temporal da endogamia média na população (Figura 1), verificou-se que não foram observados valores acima de zero durante os primeiros anos. Provavelmente, isso aconteceu por se tratar de um período correspondente à formação do rebanho, em que os animais fundadores eram pouco aparentados

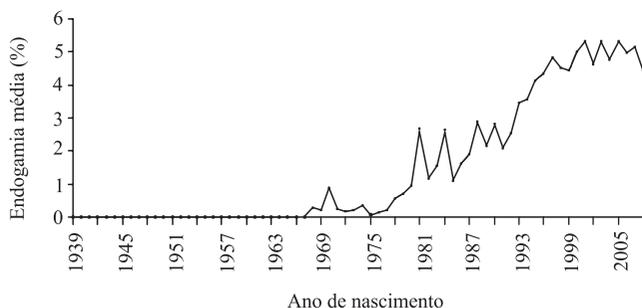


Figura 1. Endogamia média, por ano de nascimento, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

ou sua genealogia era desconhecida. Além disso, algumas informações de pedigree referentes aos animais desse período podem ter sido perdidas, o que impossibilitou o estabelecimento do parentesco entre eles. Nesse caso, sua recuperação e incorporação ao banco de dados traria grande contribuição ao estudo dessa população.

Com o decorrer dos anos, verificou-se que, assim como na percentagem de integralidade do pedigree, houve aumento no valor de F médio. Isso pode ser justificado pelo fato de que, quanto mais gerações completas de um indivíduo são conhecidas, maior a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree.

De acordo com Queiroz et al. (2000), o aumento de F ao longo das gerações, como o observado no presente estudo, pode ser explicado pela própria estrutura do rebanho, em que os animais fundadores são pouco aparentados ou de genealogia desconhecida. Com o passar do tempo, mediante a ocorrência de acasalamentos dentro do rebanho, aumenta o grau de parentesco entre os indivíduos, o que leva ao aumento da endogamia.

Tabela 5. Média da integralidade do pedigree (%) por ano de nascimento, de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, até a sexta geração.

Ano	Nº de animais	1ª ger.	2ª ger.	3ª ger.	4ª ger.	5ª ger.	6ª ger.
1983	1.054	95,3	90,5	72,4	54,9	44,0	36,7
1984	1.595	88,0	86,0	67,0	51,0	40,9	34,1
1985	1.429	88,9	87,8	73,4	56,5	45,4	37,8
1986	1.278	97,1	94,1	79,0	61,6	49,5	41,3
1987	1.836	95,9	91,2	80,7	63,5	51,2	42,7
1988	1.504	96,9	94,2	85,3	68,4	55,3	46,1
1989	1.415	95,9	93,3	86,8	70,7	57,5	47,9
1990	1.391	96,9	93,2	87,6	72,3	58,6	48,9
1991	1.434	96,2	93,2	87,4	73,0	59,8	49,9
1992	1.136	95,8	94,5	90,0	77,3	63,7	53,3
1993	1.147	93,7	91,6	88,0	77,9	64,8	54,3
1994	1.053	99,1	98,4	95,6	85,7	71,6	60,1
1995	1.256	98,7	98,6	96,4	88,4	74,7	62,8
1996	1.331	97,8	97,4	94,2	86,4	73,4	61,9
1997	1.193	99,8	99,6	98,6	93,5	81,2	68,9
1998	1.514	99,5	99,2	98,7	94,2	83,2	70,9
1999	1.341	99,3	98,9	98,1	94,5	84,6	72,6
2000	1.288	99,8	99,5	98,4	94,8	85,4	73,7
2001	1.367	99,2	99,0	98,7	95,3	87,7	76,6
2002	883	93,3	93,2	93,1	90,9	85,2	75,5
2003	1.156	98,7	98,6	97,4	94,9	88,7	78,6
2004	1.298	99,5	98,8	97,3	94,4	88,5	79,2
2005	1.083	99,8	99,8	97,5	94,0	88,4	79,8
2006	1.237	98,6	98,6	98,0	96,4	92,6	84,9
2007	1.091	99,5	97,9	96,6	94,7	90,9	83,8

Dos 39.290 animais que constam do pedigree, 24.291 (61,82%) apresentaram algum nível de endogamia. O valor de F médio para toda a população e para os animais endogâmicos foi de 3,02, 4,89%, respectivamente, e o F máximo encontrado foi de 37,5%. Apesar de a endogamia média do rebanho não ser considerada alta, esses valores foram muito superiores aos observados por Santana Junior et al. (2010), que

trabalharam com reprodutores da raça Nelore criados no Brasil. Além disso, verificou-se aumento contínuo no coeficiente de endogamia médio e na percentagem de indivíduos endogâmicos com o transcorrer das gerações (Tabela 6). No entanto, esses resultados foram bastante semelhantes aos encontrados por Reis Filho (2006), ao realizar estudo sobre a estrutura populacional com animais da raça Gir.

O valor de F médio dos touros foi de 1,81 e de 1,57% para as matrizes, e a taxa de percentagem de acasalamento entre irmãos completos e entre pais e filhos, na população em questão, foi de 1,47 e 0,42%, respectivamente (Tabela 7). O maior valor de F para os touros, em comparação ao F das matrizes, pode ser explicado pela maior ocorrência da pressão de seleção, em que a utilização de touros com valores genéticos mais elevados, para as características economicamente importantes, tende a aumentar os laços genéticos entre os reprodutores.

A oscilação observada no N_e (Tabela 8) resulta do desequilíbrio existente entre o número de touros e matrizes, pois, quanto maior a diferença entre eles

Tabela 6. Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), percentagem de indivíduos endogâmicos (End), coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos (F_{end}) e tamanho efetivo da população (N_e), por geração completa de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

Geração	N	F(%)	End(%)	F_{end} (%)	N_e
0	4.599	0,000	0,000	0,000	-
1	3.509	0,135	3,078	4,375	371,3
2	9.475	2,158	40,760	5,294	24,6
3	12.456	3,860	89,539	4,311	28,7
4	7.768	5,310	98,932	5,367	33,1
5	1.457	5,749	100,000	5,749	107,8
6	26	5,466	100,000	5,466	-

Tabela 7. Número total de indivíduos e de indivíduos endogâmicos (End), e endogamia média dos indivíduos endogâmicos (F médio) da raça Nelore, linhagem Lemgruber.

Ano	Animais			Touros			Matrizes		
	Total	End	F médio	Total	End	F médio	Total	End	F médio
1983	1.054	305	0,0154	25	8	0,0443	1.034	46	0,0029
1984	1.595	482	0,0263	24	7	0,0280	1.583	83	0,0031
1985	1.429	400	0,0111	26	5	0,0150	1.361	107	0,0047
1986	1.278	447	0,0164	37	11	0,0228	1.254	118	0,0052
1987	1.836	773	0,0189	50	14	0,0139	1.748	179	0,0051
1988	1.504	915	0,0290	50	17	0,0140	1.488	203	0,0071
1989	1.415	878	0,0216	44	18	0,0161	1.384	208	0,0071
1990	1.391	873	0,0283	44	18	0,0140	1.371	273	0,0097
1991	1.434	877	0,0208	63	25	0,0141	1.378	341	0,0108
1992	1.136	781	0,0255	56	24	0,0161	1.114	394	0,0148
1993	1.147	881	0,0346	50	20	0,0133	1.121	439	0,0168
1994	1.053	898	0,0357	53	27	0,0151	1.026	463	0,0158
1995	1.256	1.125	0,0414	65	36	0,0187	1.156	580	0,0187
1996	1.331	1.203	0,0435	61	39	0,0246	1.216	675	0,0203
1997	1.193	1.144	0,0484	62	40	0,0264	1.089	640	0,0209
1998	1.514	1.462	0,0453	69	45	0,0263	1.393	928	0,0241
1999	1.341	1.312	0,0443	69	51	0,0282	1.269	907	0,0270
2000	1.288	1.258	0,0502	75	57	0,0303	1.217	891	0,0276
2001	1.367	1.341	0,0534	79	63	0,0343	1.309	1.046	0,0314
2002	883	820	0,0464	57	46	0,0349	854	736	0,0350
2003	1.156	1.134	0,0532	62	51	0,0357	1.084	952	0,0359
2004	1.298	1.243	0,0478	75	60	0,0355	1.185	1.059	0,0381
2005	1.083	1.071	0,0533	84	66	0,0343	1.055	967	0,0382
2006	1.237	1.216	0,0499	82	70	0,0354	1.214	1.135	0,0415
2007	1.091	1.029	0,0516	90	80	0,0386	1.074	1.015	0,0404

Tabela 8. Tamanho efetivo populacional (N_e) de animais da raça Nelore, linhagem Lemgruber, calculado com base no número de touros e matrizes, e na taxa de endogamia (ΔF), por ano de nascimento.

Ano	F médio				ΔF	N_e
	Progênie	Touro	Matriz	Pais		
N_e calculado com base no número de touros e matrizes						
1983	1.054	25	1.034	1.059	-	98
1984	1.595	24	1.583	1.607	-	95
1985	1.429	26	1.361	1.387	-	102
1986	1.278	37	1.254	1.291	-	144
1987	1.836	50	1.748	1.798	-	194
1988	1.504	50	1.488	1.538	-	193
1989	1.415	44	1.384	1.428	-	171
1990	1.391	44	1.371	1.415	-	171
1991	1.434	63	1.378	1.441	-	241
1992	1.136	56	1.114	1.170	-	213
1993	1.147	50	1.121	1.171	-	191
1994	1.053	53	1.026	1.079	-	202
1995	1.256	65	1.156	1.221	-	246
1996	1.331	61	1.216	1.277	-	232
1997	1.193	62	1.089	1.151	-	235
1998	1.514	69	1.393	1.462	-	263
1999	1.341	69	1.269	1.338	-	262
2000	1.288	75	1.217	1.292	-	283
2001	1.367	79	1.309	1.388	-	298
2002	883	57	854	911	-	214
2003	1.156	62	1.084	1.146	-	235
2004	1.298	75	1.185	1.260	-	282
2005	1.083	84	1.055	1.139	-	311
2006	1.237	82	1.214	1.296	-	307
2007	1.091	90	1.074	1.164	-	332
N_e calculado com base na taxa de endogamia (ΔF)						
1983	0,0154	0,0443	0,0029	0,0038	0,0116	43
1984	0,0263	0,0280	0,0031	0,0035	0,0229	22
1985	0,0111	0,0150	0,0047	0,0049	0,0062	81
1986	0,0164	0,0228	0,0052	0,0057	0,0108	46
1987	0,0189	0,0139	0,0051	0,0054	0,0136	37
1988	0,0290	0,0140	0,0071	0,0073	0,0219	23
1989	0,0216	0,0161	0,0071	0,0074	0,0143	35
1990	0,0283	0,0140	0,0097	0,0098	0,0187	27
1991	0,0208	0,0141	0,0108	0,0109	0,0100	50
1992	0,0255	0,0161	0,0148	0,0148	0,0109	46
1993	0,0346	0,0133	0,0168	0,0166	0,0183	27
1994	0,0357	0,0151	0,0158	0,0157	0,0203	25
1995	0,0414	0,0187	0,0187	0,0187	0,0231	22
1996	0,0435	0,0246	0,0203	0,0205	0,0235	21
1997	0,0484	0,0264	0,0209	0,0212	0,0278	18
1998	0,0453	0,0263	0,0241	0,0242	0,0216	23
1999	0,0443	0,0282	0,0270	0,0271	0,0177	28
2000	0,0502	0,0303	0,0276	0,0278	0,0230	22
2001	0,0534	0,0343	0,0314	0,0316	0,0225	22
2002	0,0464	0,0349	0,0350	0,0350	0,0118	42
2003	0,0532	0,0357	0,0359	0,0359	0,0179	28
2004	0,0478	0,0355	0,0381	0,0380	0,0102	49
2005	0,0533	0,0343	0,0382	0,0379	0,0160	31
2006	0,0499	0,0354	0,0415	0,0411	0,0092	54
2007	0,0516	0,0386	0,0404	0,0403	0,0118	42

em um determinado ano, menor será o N_e . Logo, essa oscilação é resultante da variação na taxa de incremento da endogamia ao longo dos anos. Quanto maior o incremento de endogamia, menor é o N_e .

Essas observações apontam para a necessidade de intervenção na seleção dos indivíduos utilizados para reprodução, de modo que se possa evitar problemas futuros, como a redução no limite de seleção em decorrência das perdas na variabilidade genética, causadas pelo aumento da endogamia.

Conclusões

1. A estrutura populacional do rebanho de bovinos da raça Nelore, da linhagem Lemgruber estudada, é indicativa de envelhecimento da população de reprodutores e matrizes, com conseqüente intervalo de gerações elevado, o que compromete o ganho genético por ano.

2. O rebanho analisado apresenta redução da variabilidade genética, em razão do aumento contínuo do coeficiente de endogamia e do número de animais endogâmicos e aponta para a necessidade de direcionar os acasalamentos que darão origem às próximas gerações.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior e ao Grupo de Melhoramento Genético Animal e Biotecnologia, da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, pelo apoio financeiro.

Referências

- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman Group, 1996. 464p.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1984-1988, 2001.
- 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**, v.54, p.501-509, 2002.
- FARIA, L.C. de; QUEIROZ, S.A. de; VOZZI, P.A.; LÔBO, R.B.; MAGNABOSCO, C. de U.; OLIVEIRA, J.A. de. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de

- pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.1133-1140, 2010.
- FONSECA, V.O.; FRANCO, C.S.; BERGMANN, J.A.G. Potencial reprodutivo e econômico de touros Nelore acasalados coletivamente na proporção de um touro para 80 vacas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, p.77-82, 2000.
- GROENEVELD, E.; WESTHUIZEN, B.D.; MAIWASHE, A.; VOORDEWIND, F.; FERRAZ, J.B. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, v.8, p.1158-1178, 2009.
- GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005.
- MACCLUER, J.W.; BOYCE, A.J.; DYKE, B.; WEITKAMP, L.R.; PFENNING, D.W.; PARSONS, C.J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**, v.74, p.394-399, 1983.
- OLIVEIRA, J.H.F. de; MAGNABOSCO, C. de U.; BORGES, A.M. de S.M. **Nelore**: base genética e evolução seletiva no Brasil. Planaltina: -se Cerrados, 2002. 54p. (-se Cerrados. Documentos, 49).
- PEDROSA, V.B.; SANTANA JUNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v.93, p.135-139, 2010.
- QUEIROZ, S.A. de; ALBUQUERQUE, L.G. de; LANZONI, N.A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1014-1019, 2000.
- REIS FILHO, J.C. **Endogamia na raça Gir**. 2006. 61p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- SANTANA JUNIOR, 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**, v.131, p.212-217, 2010.
- SANTOS, M.D.; TORRES, C.A.A.; RUAS, J.R.M.; GUIMARÃES, J.D.; SILVA FILHO, J.M. Potencial reprodutivo de touros da raça Nelore submetidos a diferentes proporções touro: vaca. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, p.497-503, 2004.
- TOLL, G.L.; BARKER, J.S.F. Genetic history of the pedigree Poll Hereford breed in Australia: effect of the importation ban. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.30, p.767-777, 1979.
- VASSALO, J.M.; DIAZ, C.; GARCIA-MEDINA, J. R. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. **Livestock Production Science**, v.15, p.285-288, 1986.
- VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivo Latinoamericano de Producción Animal**, v.10, p.86-92, 2002a.
- VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002b.
- VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C. de U.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Structure and genetic variability in Nelore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.482-485, 2006.

Recebido em 8 de dezembro de 2010 e aprovado em 2 de maio de 2011