

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PAMPA
CAMPUS URUGUAIANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL**

THAIS MARIA BENTO PIRES LOPA

**ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA BRAFORD
COM BASE NO PEDIGREE**

**Uruguaiiana
2015**

THAIS MARIA BENTO PIRES LOPA

**ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA BRAFORD
COM BASE NO PEDIGREE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação *Stricto Sensu* em Ciência Animal, como requisito parcial para obtenção do Título de Mestre em Ciência Animal.

Orientador: Prof. Dr. Luiz Ernani Henkes

**Uruguaiana
2015**

Ficha catalográfica elaborada automaticamente com os dados fornecidos
pelo(a) autor(a) através do Módulo de Biblioteca do
Sistema GURI (Gestão Unificada de Recursos Institucionais) .

L864e Lopa, Thais Maria Bento Pires Lopa
Estudo da estrutura populacional da raça Braford com base
no pedigree / Thais Maria Bento Pires Lopa Lopa.
59 p.

Dissertação(Mestrado)-- Universidade Federal do Pampa,
MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL, 2015.
"Orientação: Luiz Ernani Henkes".

1. estrutura populacional. 2. braford. 3. tamanho efetivo
populacional. 4. variabilidade genética. I. Título.

THAIS MARIA BENTO PIRES LOPA

**ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA BRAFORD
COM BASE NO PEDIGREE**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação
Stricto Sensu em Ciência Animal, como requisito parcial para
obtenção do Título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Reprodução e Produção Animal

Dissertação defendida e aprovada em: 15/09/2015
Banca Examinadora



Prof. Dr. Luiz Ernani Henkes
Orientador
Unipampa



Dra. Bruna Pena Sollero
Embrapa Pecuária Sul



Prof. Dr. Fernando Silveira Mesquita
Unipampa

AGRADECIMENTOS

Ao Programa de Pós Graduação em Ciência Animal da UNIPAMPA, o seu corpo docente por contribuir para minha formação pós-acadêmica e em especial ao Dr. Mário Celso Sperotto Brum pelo incentivo e amizade.

Ao professor Dr. Luiz Ernani Henkes pela orientação, confiança, apoio e paciência durante a execução do trabalho.

À Associação Brasileira de Hereford e Braford, por ter disponibilizado a base de dados do arquivo genealógico da raça Braford, o que possibilitou a realização desse trabalho.

Ao professor e pesquisador Dr. José Bento Sterman Ferraz pelo apoio, orientação e incentivo.

Aos pesquisadores da Embrapa Dr. Fernando Flores Cardoso, Dr. Marcos Yokoo, Dra. Bruna Sollero, Dr. Joal Brazzale Leal e ao colega Bruno Teixeira por toda a orientação, apoio e colaboração em cada fase de desenvolvimento do trabalho.

Ao analista de sistema da Embrapa Pecuária Sul do Laboratório de Bioinformática e Estatística Genômica, Henry Gomes Carvalho pelo auxílio na fase das análises do arquivo de pedigree.

Ao amigo Luciano Leal pelo companheirismo nessa jornada e as várias caronas compartilhadas para Uruguaiana.

A superintendente de registro da Associação Brasileira de Hereford e Braford, Zilah Maria Gervasio Cheuiche e a equipe do setor de registro genealógico da ABHB por todo apoio e paciência no período de correção do arquivo de pedigree.

E finalmente, especial agradecimento ao meu esposo Fernando Lopa pelas dicas e apoio no momento das decisões e, a meus filhos e familiares agradeço toda a paciência e compreensão nesses 24 meses que tive que me dedicar ao curso.

Estudo da estrutura populacional da raça Braford com base no pedigree

RESUMO

As raças sintéticas, oriundas do cruzamento do *Bos taurus indicus* com *Bos taurus taurus*, como o Braford, vêm conquistando muitos criadores pela capacidade de adaptação a diversos ambientes, mantendo bom desempenho produtivo e reprodutivo. Atualmente, devido aos altos custos, a busca por eficiência no sistema de produção é crescente e selecionar animais pelo melhor desempenho, priorizando as características de maior retorno econômico, mostra-se de extrema importância. A ferramenta utilizada para aumentar a frequência dos alelos favoráveis numa população é o melhoramento genético. Entretanto, este processo pode levar a alterações significativas na estrutura genética da população resultando num aumento da homozigose, endogamia e diminuição da diversidade genética da população. Esta é muito importante pois otimiza a capacidade de adaptação e chance de sobrevivência, sendo fundamental para manter o progresso genético. Por estes motivos, é fundamental monitorar a estrutura genética das populações sob seleção para manter baixas as taxas de endogamia e garantir o progresso genético. A partir dessa premissa se objetivou caracterizar a estrutura populacional da raça Braford, com um histórico de seleção de mais de 30 anos, verificando as principais variáveis influenciadas pelas estratégias de seleção como endogamia, tamanho efetivo populacional (N_e) e intervalo de gerações. Verificar o perfil genético dos dez principais touros pais através da comparação das médias das diferenças esperadas na progênie (DEPs) dos seus descendentes (7.142 filhos) com a população avaliada no programa genético PampaPlus para as características de peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PS), perímetro escrotal (PE) e para o índice de classificação final do programa (IQG), verificando os níveis médios de endogamia fornecidos pelo programa. O arquivo de pedigree contém 278.095 informações e os resultados da análise populacional foi obtido através do programa de análise populacional POPREP. O estudo demonstrou que a integridade do pedigree está melhorando no decorrer dos anos, o que beneficia a acurácia das avaliações genéticas. O intervalo médio de gerações foi de 5,8 anos e se observou um gradual aumento da idade média dos pais ao nascimento dos filhos, maior longevidade reprodutiva das matrizes e baixa reposição dos reprodutores. O aumento do coeficiente de endogamia por ano é consideravelmente baixo, 0,000116, porém o número de animais endogâmicos está crescendo com um coeficiente médio de endogamia nos últimos cinco anos (2008 a 2013) de 4,8%, e deve ser monitorado para não afetar o progresso genético da população. O N_e através do

censo dos pais e coeficiente de endogamia individual foi de 3.363 e 160 respectivamente, valores estes distantes do limite considerado preocupante, indicando haver variabilidade genética. No perfil genético dos touros pais se observou superioridade em 50% dessas linhagens mostrando progresso genético dentro da raça. O nível médio de endogamia dos descendentes apurado (0,0085) indica que os criadores ainda podem utilizar a genética destas linhagens, pois há diferenças entre elas. O aumento do número de criadores e de animais registrados indica expansão da raça, porém apenas 30% dos criatórios de Braford fazem avaliação genética. Concluindo-se que muito ainda pode ser feito no melhoramento genético do Braford, pois os parâmetros populacionais encontram-se preservados e os ganhos genéticos podem ser incrementados através de um trabalho de seleção orientado.

Palavras-chave: Braford, estrutura populacional, tamanho efetivo, variabilidade genética.

Genetic structure in the Braford breed assessed by pedigree analysis

ABSTRACT

Synthetic breeds produced by crossing *Bos taurus indicus* and *Bos taurus taurus*, as the Braford, have gained many breeders due to their resilience to perform under harsh environments and good productive and reproductive performance. Currently, due to high production costs, the search for efficiency in beef cattle production systems is increasing and selection of animals for performance, prioritizing traits of higher economic value has proved to be extremely important. The tool used to increase the frequency of favorable alleles in a population is the genetic improvement. However, this process can lead to significant changes in the genetic structure of populations resulting in increased homozygosity, inbreeding and reduction of genetic diversity, which is very important to optimize the adaptability and allow sustained genetic progress. For these reasons, it is essential to monitor the genetic structure of populations under selection in order to maintain low inbreeding rates and ensure genetic progress. Given this premise, the main goal of this work was to characterize the population structure of Brazilian Braford breed included in its studbook in order to quantify the variables that might be influenced by the selection strategies such as inbreeding, effective population size (N_e) and generation interval; assess the genetic profile of the top ten Braford bulls by comparing the averages of expected progeny differences (EPDs) with the population evaluated in the genetic program PampaPlus for birth weight (BW), weaning weight (WW), yearling weight (YW), yearling scrotal (SC), final index ranking (FIR) and the average levels of inbreeding provided by the program. The pedigree file containing 278,095 records was analyzed and the parameters were computed using the program POPREP. The study showed that pedigree integrity is improving over the years, which benefits the accuracy of genetic evaluations. The average generation interval was 5.8 years and it was observed a gradual increase in the average age of parents at the birth of their progeny, an increase in reproductive longevity of dams and low sire replacement. The increase in the inbreeding coefficient over the years is considerably low ($F = 0.000116$, but the number of inbred animals is growing with an average coefficient of inbreeding in the last five years years (2008 to 2013) of 4.8% and it should be monitored in the population to not affect the genetic progress. The effective population size calculated through the census of parents and individual inbreeding coefficient were 3.363 and 160 respectively, being distant from the limit considered dangerous and indicating the existence of good genetic variability for effective selection. The genetic profile

of the ten main bulls showed superiority in 50% of the lines indicating genetic progress within the breed. The progenies' inbreeding coefficient ($F = 0.0085$) indicates that breeders can use these genetic lines since there are genetic variation among them. The increase in the number of breeders and purebred animals indicates expansion of the breed. Notwithstanding, only 30% of the Braford breeders are enrolled in the Braford *improvement* program. In conclusion, the Braford population studied has plenty of genetic variation to be used in selection and there is a good potential of genetic gains to be achieved through genetic improvement programs.

Keywords: Braford cattle, population structure, genetic variability

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Resumo estatístico do registro genealógico de nascimento (Reg. Nasc.), definitivo (Reg. Def.) e categoria LA (Fêmeas OD) das fêmeas por ano.....	34
Figura 2 - Resumo estatístico do registro genealógico de nascimento (Reg. Nasc.) e registro definitivo (Reg. Def.) dos machos por ano.....	35
Figura 3 - Número total de criadores de Braford ativos na ABHB e nos programas de avaliação genética, por ano.....	35
Figura 4 - Total de animais nascidos e total de matrizes, touros, filhas e filhos selecionados para reprodução na população da raça Braford por ano	37
Figura 5 - Touros com maior número de progênes	39
Figura 6 - Matrizes com maior número de progênes.....	39
Figura 7 - Idade média das fêmeas Braford ao nascimento dos filhos por ano.....	42
Figura 8 - Idade média dos machos Braford ao nascimento dos filhos por ano.....	42
Figura 9 - Intervalo médio de gerações da raça Braford através dos quatro tipos de passagem gaméticas aos descendentes.....	45
Figura 10 - Integridade do Pedigree (%) da raça Braford por ano	47
Figura 11- Endogamia média (F médio) por geração de todos os animais e pais da raça Braford.....	48
Figura 12 - Total de animais, mães e pais endogâmicos da raça Braford por ano.	48
Figura 13 - Distribuição dos níveis de endogamia dos animais Braford por ano (%).	49

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	12
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 A raça	14
2.2 Importância do registro genealógico	16
2.3 Integridade do pedigree (I).....	19
2.4 Estrutura populacional.....	19
2.4.1 Endogamia.....	21
2.4.2 Tamanho efetivo da população (Ne)	24
2.4.3 Intervalo de gerações.....	28
2.5 Contribuição genética dos principais touros pais	28
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	30
3.1 Dados do pedigree.....	30
3.2 Integridade do pedigree e parâmetros populacionais	30
3.3 Contribuição genética dos principais touros pais da raça.....	32
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1 Características da população	33
4.2 Estrutura da população	36
4.3 Análise do pedigree.....	45
4.3.1 Integridade do pedigree.....	46
4.3.2 Endogamia.....	47
4.3.3 Tamanho efetivo populacional	49
4.4 Contribuição genética dos principais touros pais	51
5 CONCLUSÃO.....	53

1 Introdução

Quando a seleção artificial começou a ser praticada na bovinocultura com base em predições genéticas na década de 80, com a metodologia dos modelos mistos, verificou-se que os valores genéticos apresentavam associações com outras observações além daquelas feitas no próprio animal e que poderiam ser descritas pelas relações de parentesco. Dessa maneira, essas informações de parentesco puderam ser incorporadas às avaliações genéticas servindo de base para a predição dos valores genéticos de determinado indivíduo aumentando a confiança dessas estimativas (Cardoso *et al.*, 2013).

A relação que existe entre dois indivíduos que tenham pelo menos um ancestral comum é baseada na probabilidade de que estes compartilham mais genes semelhantes por descendência do que outros indivíduos amostrados aleatoriamente na população a que é chamado grau de parentesco. Exemplificando, a relação mais simples é aquela entre progênie e um dos pais, quando se considera que metade dos genes do animal vem do pai e metade vem da mãe, ou seja, tem 50% de parentesco com o pai e 50% com a mãe. Outro exemplo, um neto em média tem 25% de parentesco com cada um dos quatro avós e assim por diante.

Tendo em vista que maior grau de parentesco deve refletir maior probabilidade dos indivíduos terem genes em comum, o conhecimento desse grau de parentesco é útil na predição do valor genético desses animais (Malhado *et al.*, 2008). Para isso, quando há parentesco entre os indivíduos, a matriz de (co)variância genética é adicionada no modelo e a predição do valor genético de um determinado indivíduo levará em conta todas as informações referentes aos seus parentes, além do seu próprio fenótipo (Rosa *et al.*, 2013).

Basicamente, o conjunto de ferramentas que o melhoramento genético utiliza é a seleção e os sistemas de acasalamentos, com objetivo de aumentar a frequência dos genes desejáveis e/ou suas combinações favoráveis, que possibilita identificar animais superiores para determinadas características de importância econômica (Rosa *et al.*, 2013). Portanto, a existência da variabilidade genética é fundamental para que as mudanças na estrutura genética da população decorrentes da seleção sejam possíveis (Elder, 2014), ou seja, para haver eficiência na seleção. Por este motivo, populações onde a seleção é mais intensa como nos bovinos explorados comercialmente, a manutenção da variabilidade genética é pré-requisito fundamental para o progresso genético (Shenkel, 2000) principalmente porque é corrente a prática por parte dos criadores do uso massivo de poucos reprodutores de alto valor genético (Oliveira *et al.*, 2011). O mesmo ocorre, quando a progênie de um touro se destaca em provas

de desempenho ou é muito premiada em exposições, sendo fator de agregação de valor a esse touro pai e, conseqüentemente há maior interesse no uso da sua genética (Koury Filho, 2002). Dessa maneira, o uso intensivo de poucos animais em reprodução pode acarretar o aumento da endogamia (Breda *et al.*, 2004).

Estudos por meio de análise de pedigree (Gutierrez *et al.*, 2003; Santana *et al.*, 2012) ou molecular (Mckay *et al.*, 2008; O'brien *et al.*, 2015), permitem avaliar as causas dos gargalos genéticos que ocorreram ao longo dos anos, a magnitude da endogamia, o grau de similaridade entre rebanhos/indivíduos, a identificação de indivíduos fundadores e ancestrais e sua importância, o número efetivo da população. Esse conhecimento auxilia no monitoramento genético da população, pois possibilita que se conheçam os fatores que podem interferir na seleção e no progresso genético e possibilita o “manejo” genético da população. Esse conhecimento é fundamental para traçar objetivos e metas de melhoramento e conservação da diversidade genética. Dentro dessa perspectiva, a análise da diversidade genética e da estrutura populacional se faz premente, assim como o seu monitoramento pelo programa de melhoramento genético e a análise dos perfis dos principais touros por meio de linhagens mais utilizadas.

2 Revisão bibliográfica

2.1 A raça

As raças sintéticas inicialmente foram desenvolvidas a partir da necessidade de obter um produto eficiente, de boa qualidade e com resultados uniformes em ambientes de produção desafiadores. Por essa capacidade de adaptação às condições ambientais menos favoráveis, as raças sintéticas formadas a partir do cruzamento de zebuínos com taurinos, tais como o Brangus, o Braford e o Canchim, vêm conquistando muitos adeptos a sua criação no Brasil (Abb, 2015; Abccan, 2015; Abhb, 2015).

Na maioria dos países com forte economia agrícola e pastoril a bovinocultura de corte tem sido cada vez mais desafiada, tendo que ser mais rentável e ainda ter que continuar produzindo em ambientes mais desfavoráveis por conta da migração da agricultura para os melhores campos, ficando para a pecuária extensiva as áreas marginais com pastagens de baixa qualidade. No levantamento estatístico da safra 2013/2014 no Brasil a área plantada está estimada em 56,94 milhões de hectares (Conab, 2014). Esse valor é 6,3% superior à área cultivada na safra 2012/2013, representando um aumento de 3,38 milhões de hectares. No segmento brasileiro de pecuária, composto por um rebanho estimado em 210 milhões de cabeças, a produção nos últimos 15 anos cresceu à taxa de 5% ao ano, porém essa expansão foi determinada preponderantemente por ganhos de produtividade, decorrentes de avanços nas áreas de melhoramento genético, controle de doenças e pastagens melhoradas (Mapa, 2015). Segundo informações da Assessoria de Gestão Estratégica do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa, 2013), a partir da análise de dados do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), estimou-se que as áreas de pastagens brasileiras diminuiriam 8% entre 1975 e 2011 (em 1975 a área de pastagens naturais e plantadas era de 165,6 milhões de hectares e em 2011 esse valor caiu para aproximadamente 152 milhões), período em que o efetivo de bovinos dobrou, passando de 102,5 milhões para 204 milhões de cabeças (Conab, 2014).

O Braford é uma raça sintética de bovino de corte cuja formação teve início na década de 60 nos Estados Unidos a partir do cruzamento do zebuíno americano Brahman com a raça britânica Hereford. A raça reúne características importantes das duas raças formadoras, tais como: fertilidade, precocidade, docilidade, qualidade de carne, capacidade de adaptação aos trópicos, resistência aos ectoparasitas (Cardoso *et al.*, 2015), rusticidade e rendimentos de

carcaça (Freitas *et al.*, 2014). Atualmente, sua criação ocorre em diversos continentes, como o europeu, africano, australiano e americano.

Fruto de demandas fortes, o Rio Grande do Sul foi um dos primeiros estados a exercitar com ênfase os cruzamentos entre animais europeus e zebuínos, sendo orientados pela pesquisa agropecuária, por meio da Secretaria de Agricultura Os trabalhos iniciados na década de 50 e 60 tiveram seus primeiros resultados nos anos de 70 e 80, proporcionando um impacto positivo no setor produtivo (Leal, 2001).

Em contraste com a utilização da raça Brahman nos Estados Unidos, no Brasil a maioria das experiências iniciais de cruzamento e, posteriormente, as tentativas de avanço nas gerações dos produtos Braford com intuito de fixar um padrão racial, foram feitas utilizando-se o Nelore como representante da parte zebuína, assim como também ocorreu no Brangus (Leal, 2009) e Santa Gertrudis (Ferraz *et al.*, 2000). No Brasil, um dos primeiros criatórios a iniciar o cruzamento de Hereford com zebu foi a Fazenda Santa Clara, que, observando a experiência americana, decidiu importar zebuínos Brahman para realizar os cruzamentos. Porém, esse trabalho foi suspenso, pois o Ministério da Agricultura do Brasil proibiu as importações da raça Brahman no início dos anos 70 até 1994 (Duarte, 2012) e o proprietário da Santa Clara decidiu então fazer experiências com a raça Tabapuã. Apesar disso, a continuidade do trabalho de desenvolvimento da “nova raça” deu-se na grande maioria com a raça zebuína Nelore, que já era intensivamente criado no centro-oeste, sudeste e norte do Brasil, motivada pelo clima quente, e apenas uma pequena parcelacom o zebu Tabapuã (Duarte, 2012).

A partir do ano de 1987, a Associação de Criadores de Hereford e Polled Hereford, como chamada na época, firmou convênio de cooperação técnica com a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) de Bagé/RS para orientar na formação do Braford, pois já havia experiências positivas realizadas nessa unidade de pesquisa em cruzamentos realizados com Nelore e outras raças britânicas como, por exemplo, na raça Brangus, que começou a ser desenvolvida em 1946, sendo que os primeiros produtos 3/8 Nelore + 5/8 Aberdeen Angus nasceram no ano 1955 na Estação Experimental “Cinco Cruzes” pertencente ao Ministério da Agricultura. Com a criação da Embrapa em 1975, pesquisadores deram ênfase aos trabalhos de formação e desenvolvimento do rebanho Brangus, linhagem Ibagé (Leal, 2001).

Quanto ao padrão racial, o Braford caracteriza-se por apresentar pelagem vermelha, cara e extremidades brancas, sendo obrigatória a presença de pigmentação ocular (Abhb, 2015).

No Brasil, apesar do registro genealógico dos animais Braford ter iniciado somente em 1984, os cruzamentos para formação da raça iniciaram antes, no ano de 1967, no estado Rio

Grande do Sul e mais precisamente na fronteira-oeste, onde o Hereford já era criado facilitando o trabalho de cruzamento (Abhb, 2015).

Em 1993, depois de 10 anos de controle genealógico, o Ministério da Agricultura reconheceu o Braford como raça em formação e em 2003, delegou à Associação de Criadores de Hereford e Polled Hereford o serviço de registro genealógico. Esta associação a partir de então passou a ser nominada como Associação Brasileira de Hereford e Braford (ABHB) (Abhb, 2015a).

Apesar de pouco mais de 30 anos de registro, o trabalho de seleção iniciou logo após os primeiros registros de animais com a elaboração das primeiras normas técnicas do registro genealógico que consideravam fertilidade, peso e padrão racial como características importantes para conferir o certificado de registro definitivo aos animais. A partir de 1992, criadores da raça começaram a avaliar seus animais através de dois programas de melhoramento genético existentes, o PROMEBO, da Associação Nacional de Criadores e o programa da Conexão Delta G, pertencente a um grupo de criadores particulares (Shenkel, 2000).

Em 2009, quando a ABHB iniciou um programa oficial de melhoramento genético, o PampaPlus, que obteve a adesão de 26 criadores e avaliou mais de 11 mil animais. Hoje o programa conta com 52 propriedades inscritas, tendo 111.394 animais na matriz de parentesco e avaliando em média 10.450 animais ao desmame e 5.300 ao sobreano (Lopa *et al.*, 2014). Atualmente, além de disponibilizar DEPs para doze características, o programa auxilia o criador a selecionar os animais por meio do IQG (Índice de Qualificação Genética) que considera na sua ponderação 30% para o total maternal, 15% para ganho de peso pós desmama até o sobreano, 15% para o peso ao sobreano, 15% para circunferência escrotal ao sobreano, 12,5% para o escore de musculatura e 12% para o escore de estatura. Assim, touros classificados entre os 30% melhores da sua safra, segundo o IQG, concorrem a uma distinção especial de registro, a dupla marca da raça. Esta distinção depende da aprovação do técnico credenciado da ABHB que no momento da inspeção verifica o padrão racial e o biótipo.

2.2 Importância do registro genealógico

As primeiras práticas registradas de melhoramento genético foram iniciativas de Robert Bakewell, criador inglês que no século XVIII começou a fazer uso dos registros de produção dos bovinos e também selecioná-los por suas características fenotípicas, acasalando os

semelhantes para fixar essas características (Wykes, 2004). O trabalho não foi somente com bovinos, mas também com outras espécies como os equinos. O sucesso foi tanto que Bakewell ficou conhecido como o “pai do melhoramento animal”.

Segundo Faria *et al.* (2002), no início do século XX, muitos criadores incorporaram o conceito de “purismo” utilizando a formação de linhagens de animais semelhantes fenotipicamente para o estabelecimento dos padrões raciais.

Através do trabalho de seleção e o acasalamento entre animais semelhantes e aparentados entre si, para fixação dos diversos biótipos, que se iniciou o conceito de raça (Lush, 1943). A formação dos primeiros livros de registro genealógico, com o objetivo de controlar os acasalamentos e futuros descendentes e assim promover a valorização dos animais, só foi possível após essas experiências bem sucedidas. A partir dessas iniciativas, criadores começaram e se reunir para fundar associações de raça com o objetivo de fomentar a formação de novos plantéis (Anc, 2015).

Pela necessidade crescente de mais alimentos provocado pela expansão dos povos para diversas regiões do planeta, iniciou-se a seleção de animais mais capacitados para a produção de carne e as experiências de Bakewell foram imitadas por vários outros criadores. Entre eles os irmãos Colling, que aplicaram os mesmos princípios na formação da raça britânica Shorthorn, tendo o seu primeiro livro de registro genealógico (herdbook) estabelecido em 1822 (Elias, 2006).

No Brasil, os primeiros livros de registro genealógico surgiram da iniciativa do agrônomo Leonardo Brasil Collares na cidade de Pelotas, uma vez que no Rio Grande do Sul havia vários criatórios das principais raças europeias. Muitos desses animais foram importados do Uruguai e da Argentina em função do elevado custo de importar diretamente da Inglaterra, o que motivou os criadores a inscrever seus animais no livro para controle das gerações e valorização dos animais. A entidade recebeu o nome de Associação Sul Rio-grandense de Registro Genealógico e mais tarde, 1974, passou a chamar Associação Nacional de Criadores Herd-book Collares (ANC), em homenagem a seu fundador (Elias, 2006).

Em 1986 a ANC foi oficialmente nomeada pelo Ministério de Agricultura como entidade responsável, em todo o território nacional, pela coleta, estruturação e manutenção da base de dados formadora do Arquivo Zootécnico Nacional, de vinte raças bovinas de corte e mistas e suas cruzas, todas de origem europeia (Elias, 2006).

Esse princípio utilizado por Bekewell, onde os acasalamentos ocorriam entre indivíduos geneticamente relacionados por pelo menos um ancestral só mais tarde foi conceituado como acasalamentos endogâmicos (Falconer e Mackay, 1996). Esses acasalamentos propiciavam

aumento da frequência de alelos idênticos de um mesmo *locus* (posição) cromossômico, que se denomina homozigose, tanto para alelos dominantes como para recessivos. Os indivíduos assim obtidos, quando acasalados com outros não consanguíneos, tendem a imprimir, com maior intensidade, suas características e isto é chamado de prepotência, que é a parte favorável causada pela consanguinidade, que fixou alelos (Carvalho, 2004).

Estas ferramentas de acasalamento associada a seleção, com a manutenção dos melhores e eliminação dos piores, foram muito utilizadas na formação de diferentes linhagens na raça Nelore, sendo considerada uma ferramenta importante na conservação de determinados genótipos importados (Marcondes, 2004). Isso possibilita o acasalamento entre elas, explorando assim o inverso da homozigose que é a heterose. Por outro lado, esses acasalamentos endogâmicos podem exacerbar tanto as qualidades quanto os defeitos, pois em cada animal há uma pequena fração de alelos deletérios recessivos indesejáveis que permanecem ocultos e só se manifestam em homozigose. O aumento da homozigose, principalmente sem um trabalho de seleção orientado, pode acarretar efeitos desfavoráveis como redução geral da fertilidade, da sobrevivência e do vigor dos animais, fenômeno chamado de depressão endogâmica. Esses efeitos são gradativos, pois são necessárias várias combinações gênicas ao longo do tempo para sua manifestação (Carvalho, 2004).

Uma maneira de descrever a variabilidade genética e sua evolução ao longo de gerações é através da análise de informações de pedigree (Boichard *et al.*, 1997). O arquivo de genealogia das raças permite traçar o número médio de ancestrais por indivíduo e o número de gerações, assim como verificar o tamanho das famílias e quem realmente contribuiu deixando descendentes. Ou seja, permite que seja realizado um censo na população, sendo também possível verificar a faixa etária dos pais ao nascimento de suas progênes e o tempo de permanência desses animais em reprodução, ajudando desta forma a projetar ganhos genéticos.

A análise das informações de genealogia é um meio fácil e barato para o conhecimento da estrutura de uma população, permitindo dessa forma nortear ações no futuro, orientando o trabalho de seleção visando o progresso genético. Essas informações disponíveis são peça-chave, aliada aos dados de desempenho, para predizer o valor genético com mais precisão pelos métodos tradicionais de avaliação genética, baseados no modelo animal que fazem uso das relações de parentesco entre os indivíduos na população (Euclides Filho, K. 2000), aliado aos dados de campo (fenotípicos).

A análise das informações genealógicas tornou-se uma ferramenta fundamental no monitoramento dos acasalamentos endogâmicos possibilitando estipular limite e assim evitar

os efeitos indesejáveis da depressão endogâmica. Porém, geralmente, a principal limitação prática para uma correta análise dos níveis de endogamia e de outros parâmetros é a qualidade das informações disponíveis do pedigree. Quando não se tem informações de parentesco ou quando ela é equivocada pode acarretar a grandes erros nas estimativas. Assim, estudos baseados em informações de pedigree podem apresentar algumas limitações, como a baixa integralidade da informação e pedigrees com erros genealógicos, que são comuns em animais de produção (Teixeira Neto *et al.*, 2012).

2.3 Integridade do pedigree (I)

A importância da integridade das informações do pedigree, como a quantidade das informações presentes se traduz na profundidade ou complementaridade do pedigree no decorrer dos anos (Groeneveld *et al.*, 2009).

O conhecimento de um maior número de gerações é importante porque todos os parâmetros estimados são consequência da integridade do pedigree. MacCluer *et al.* (1983) propuseram um índice para medir o percentual médio de complementaridade do pedigree. Este índice resume a proporção de antepassados conhecidos em cada geração ascendente. Ele quantifica a probabilidade de detecção de endogamia na linhagem (Sorensen *et al.*, 2005). Assim, parâmetro como taxa de integridade do pedigree (I) deve ser levado em consideração no momento das análises e períodos onde ocorre a superficialidade das informações, como por exemplo, o início dos registros da raça, não deve ser considerado (Maccluer *et al.*, 1983).

2.4 Estrutura populacional

A estrutura de uma população é formada pela composição genética dos seus indivíduos transferida aos descendentes no decorrer dos anos.

Na Conferência das Nações Unidas sobre Meio Ambiente e Desenvolvimento, no Rio de Janeiro, em 1992, na convenção sobre biodiversidade, foi iniciado o debate sobre a erosão genética nas diversas raças de bovinos, principalmente daquelas de tamanho populacional reduzido que por falta de aptidão para o corte ou leite estavam sendo deixadas de lado pelos criadores. A mesma preocupação direcionou os debates também para as raças mais produtivas que, pela forte pressão de seleção, altamente direcionada, buscando fixar genes favoráveis ao alto desempenho, ficam sujeitas a diminuição da variabilidade genética intra-racial (Ajmone-

Marsan, 2010). Nessas espécies voltadas à produção, criadas com objetivos econômicos específicos, a composição genética sofre diversas alterações devido à pressão de seleção imposta e ao sistema de acasalamento utilizado. Esses fatores provocam grande impacto na variabilidade genética, por isso criadores e programas de avaliação devem estar preocupados com o monitoramento da integridade genética dos rebanhos (Malhado *et al.*, 2010).

Em 2007, a comissão técnica da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura (FAO) desenvolveu um plano estratégico mundial para promover a utilização sustentável dos recursos genéticos utilizados na produção de alimentos oriundos da pecuária e da agricultura (Fao, 2007). Foi criada uma rede mundial de informação sobre as condições atuais das raças existentes para o controle da diversidade dos animais domésticos formada por pesquisadores colaboradores dos diversos países. A proposta é uma gestão eficaz dos recursos genéticos dos animais de criação através do conhecimento abrangente das características das raças, incluindo dados sobre o tamanho da população e estrutura, distribuição geográfica, o ambiente de produção, e a diversidade genética dentro e entre raças (Groeneveld *et al.*, 2009). Várias dessas informações estão disponibilizadas no site do sistema integrado de informação da diversidade genética da FAO e ali se pode observar que na raça Braford, no que diz respeito à estrutura populacional, o censo e os dados de produção ainda precisam ser levantados.

Vários trabalhos foram realizados para averiguar a situação real de estrutura populacional e variabilidade genética de diversas raças e rebanhos em diversas espécies, baseados em informações de pedigree: ovelha (Goyache *et al.*, 2003), oito raças espanholas de bovinos de corte (Gutierrez *et al.*, 2003), raça bovina Gir (Queiroz *et al.*, 2000; Faria *et al.*, 2006), três raças bovinas de corte italiana (Bozzi *et al.*, 2010), raça Nelore (Malhado *et al.*, 2010; Laureano *et al.*, 2011; Oliveira *et al.*, 2011), raça Guzerá (Oliveira *et al.*, 1999), em Búfalo (Teixeira Neto *et al.*, 2012) e diversas espécies como cachorro, bovino e cavalo (Leroy *et al.*, 2013).

Santana Jr. *et al.* (2012), analisando as raças Marchigiana e Bonsmara, concluíram que os parâmetros populacionais em ambas as raças se encontravam em níveis aceitáveis, porém, nos últimos dois anos, por causa da redução do tamanho efetivo populacional e aumento nos níveis de endogamia que estava ocorrendo, foi sugerido o monitoramento e intervenções com acasalamentos direcionados.

Oliveira *et al.* (2011) fizeram análise da estrutura populacional de um rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber e relataram o envelhecimento das populações de reprodutores e matrizes, com consequente intervalo de gerações elevado. Adicionalmente, o

rebanho avaliado apresenta redução da variabilidade genética em razão do aumento contínuo do coeficiente de endogamia e do número de animais endogâmicos. Estes parâmetros populacionais são importantes para poder traçar estratégias de seleção e acasalamentos, no intuito de se promover um maior ganho genético ao longo do tempo.

Alguns fatores podem explicar o comportamento de uma população, como por exemplo, Os sistemas de acasalamentos utilizados fornecem um balanço da contribuição dos pais na formação da descendência, no decorrer das gerações (Oliveira *et al.*, 2011). A prática comum em bovinos esta a sobreposição de gerações onde um reprodutor que se destaca é massivamente utilizado na busca de fixar suas características (Breda *et al.*, 2004). Essa prática foi propiciada pelo desenvolvimento das biotécnicas reprodutivas na bovinocultura como a inseminação artificial, protocolos de inseminação artificial em tempo fixo (IATF), transferência de embrião e a fecundação *in vitro*, levando a um maior intercâmbio de genética entre os criadores, inclusive entre países (Goddard e Smith, 1990; Meuwissen e Woolliams, 1994; Koury Filho, 2002; Rodrigues *et al.*, 2004). Dessa forma, a contribuição de alguns pais é desigual na formação da descendência da população pelo uso preferencial e intensivo de somente alguns reprodutores de alto valor genético em diversas propriedades, levando a um desequilíbrio na variação do tamanho das famílias (Carvalho, 2004). Como consequência dessa variação no tamanho da família tem-se um aumento na taxa de endogamia e redução e conseqüentemente no tamanho efetivo da população, pois ocorre maior chance de acasalamentos consanguíneos. (Groeneveld *et al.*, 2009).

O monitoramento periódico do tamanho e da estrutura da população e o conhecimento de alguns fatores que a caracterizam como a endogamia e grau de parentesco entre os animais, que estão intimamente relacionados, são importantes ferramentas que auxiliam a adaptar as estratégias de manejo e seleção a fim de evitar tendências negativas, sendo uma ferramenta valiosa para os programas de avaliação e melhoramento genético (Malhado *et al.*, 2008).

2.4.1 Endogamia

Uma das alterações estruturais importantes que afeta diretamente a composição genética da população é o aumento dos níveis da endogamia entre os indivíduos por levar há uma redução na resposta à seleção ao longo do tempo, devido à fixação de alelos e maior homozigose, que conduzem a população a um limite de seleção, o que constitui um processo prejudicial para o progresso genético (Oliveira *et al.*, 2011). Indivíduos são considerados endogâmicos quando possuem um ou mais ancestrais em comuns por descendência direta ou

indireta e, como consequência, podem ter em comum réplica dos genes presentes no ancestral. Caso esses indivíduos acasalem podem passar essas réplicas para seus descendentes. Portanto, indivíduos endogâmicos, isto é, descendentes produzidos por endogamia, podem carregar dois alelos em um locus que sejam réplicas daquele mesmo alelo na geração prévia.

Esse sistema de acasalamento foi muito utilizado no período de definição das raças por ser um método rápido de fixação das características com padronização fenotípica dos descendentes (Falconer e Mackay, 1996). Ainda hoje muitos criadores exploram essa vantagem da prepotência genética proporcionado pelo aumento da homozigose advinda dos acasalamentos endogâmicos para posterior cruzamento entre essas linhagens (Koury Filho, 2002). Porém, esta prática é bastante eficiente se estiver visando características qualitativas (ex.: cor da pelagem, presença de chifre) que geralmente são determinadas por poucos pares de genes. Entretanto, a maioria das características é de caráter quantitativo, sendo mensuráveis como, por exemplo, ganho de peso, e para sua expressão é necessário a combinações de vários genes. Assim, o uso prolongado da endogamia leva ao detrimento de outras características e muitos caracteres importantes podem ser perdidos pela simples fixação de alelos indesejáveis para estes genes (Carvalho, 2004).

Como definição, o coeficiente de endogamia (F) é a probabilidade de que dois alelos, ao serem retirados aleatoriamente de um único loco gênico de um indivíduo x , sejam idênticos por descendência (IBD) (Caballero, 1994). Essa probabilidade depende do relacionamento entre seus pais, o grau de parentesco.

O parentesco (r_{xy}) mede a proporção de alelos entre dois indivíduos que são idênticos por descendência. Por exemplo, o parentesco entre o indivíduo x e y é a proporção de alelos em y que são idênticos por descendência aos alelos presentes em x ; equivalentemente, esta é a probabilidade de que um alelo aleatório amostrado em y seja idêntico por descendência a um alelo presente em x (Caballero, 1994). Como é uma probabilidade, o seu valor é medido de 0 a 100 onde o indivíduo 100 será aquele com a totalidade dos genes idênticos por descendência.

A endogamia pode ser definida como um sistema de acasalamento no qual os animais envolvidos são mais aparentados que a média de parentesco da população como um todo (Carvalho, 2004), sendo capaz de alterar as frequências genotípicas de uma população sem alterar as frequências gênicas.

Teixeira Neto *et al.* (2012), estudando Búfalo Mediterrâneo, verificaram níveis médios de endogamia (F) para todos os animais e apenas para os animais endogâmicos de 0,34 e 16,24%, respectivamente. Vale ressaltar que 57 animais apresentaram um coeficiente F de

25,00% e o maior valor encontrado foi de 37,5% observado em apenas um animal, de um total de 6.588 animais. Ele comenta que a explicação para esses resultados seria pelo pouco conhecimento e controle sobre a genealogia existente, com poucas gerações dos indivíduos, podendo não aparecer ancestrais importantes.

Piccoli *et al.* (2014) estudando animais da raça Devon puros de origem, encontraram uma endogamia média de $2,82\% \pm 4,81\%$ e $3,92\% \pm 4,69\%$, respectivamente, para a população total e de referência e o coeficiente de endogamia médio por ano variou entre 0,0% e 4,6%, ficando sempre abaixo dos 5%, valor este referenciado pela FAO como o limiar para considerar uma raça não estar ameaçada de erosão genética.

Alguns estudos em bovinos de corte, citados abaixo, demonstraram efeito negativo da endogamia sobre características de importância econômica

Segundo Breda *et al.* (2004) a taxa elevada de endogamia acarreta em perda parcial do ganho genético obtidos por seleção e redução do valor fenotípico médio ligado a características de eficiência reprodutiva e produtiva. Esse fenômeno é chamado depressão endogâmica.

Queiroz *et al.* (2000) avaliaram o efeito da endogamia sobre características de crescimento em bovinos da raça Gir e verificaram que os valores de F foram de pequena magnitude, porém significativos, influenciando nas características peso a desmama e sobreano.

Santana Jr. *et al.* (2012) estudaram a estrutura genética das populações das raças Marchigiana e Bonsmara, e relataram diminuição do peso ao nascer de 0,154 kg a cada 1% de aumento na endogamia na raça Bonsmara.

Estudando vacas de leite na Espanha, Gonzalez-Recio *et al.* (2007) verificaram que a taxa de prenhes diminuiu 1,68% em média para as vacas com F de 6,25-12,5%, porém esse grau de endogamia, no entanto, não pareceu aumentar a incidência de distocia. Eles relataram que a depressão endogâmica foi maior para valores de F maior que 12,5%. As vacas com F maior que 25% apresentaram menor taxa de prenhes e maiores taxas de distocia (-6,37 e 1,67%, respectivamente) do que as vacas de baixo F ou não consanguíneas. A taxa incremento de endogamia (ΔF) teve também efeito significativo sobre a fertilidade feminina, onde em períodos de ΔF de 0,1% (correspondente a um coeficiente de endogamia de 5,62% para média de gerações equivalentes utilizado no estudo de 5,68), houve uma redução de 1,5% na taxa de prenhes, embora sem significância na facilidade de parto.

2.4.2 Tamanho efetivo da população (N_e)

O tamanho finito da população e os sistemas de acasalamento, como discorrido nas seções anteriores, têm várias consequências importantes, tais como aumento ou não da variância nas frequências alélicas no decorrer das gerações, da identidade por descendência e da perda ou fixação de alelos. Sob essa visão, o tamanho efetivo populacional (N_e) é essencial no estudo das teorias evolutivas, da genética de populações e da genética quantitativa, pois auxilia no monitoramento da manutenção da variabilidade genética da população que permite aumentar a chance de sobrevivência dos indivíduos às adversidades do meio (Caballero, 1994).

O tamanho efetivo (N_e) é definido por Wright (1931) como sendo o número de indivíduos de ambos os sexos que estão contribuindo geneticamente numa dada população, isto é, o número efetivo representa a relação entre o número de machos e fêmeas que estão sendo usados na reprodução numa dada população. Já Gutierrez *et al.* (2009) definiram tamanho efetivo como o tamanho de uma população idealizada, que daria origem à taxa de endogamia (ΔF). De acordo com Boichard *et al.* (1997), o N_e nos permite prever a redução da variância genética nas próximas gerações, assumindo que o mesmo foi bem estimado no passado.

Para o cálculo do tamanho efetivo de uma população, podem ser usadas diversas fontes de dados (informação demográfica, pedigree ou dados moleculares) (Brito *et al.*, 2011). Inicialmente, Hill (1979) propôs calcular o tamanho efetivo (N_e) a partir das variações de tamanhos das famílias. Mais tarde, Gutierrez *et al.* (2008) descreveram que N_e calculado dessa forma reflete uma política de acasalamento temporária e pode ser útil quando o conhecimento do pedigree é limitado e/ou não existe subdivisão populacional, porém não é útil para caracterizar o tamanho efetivo em populações reais que estão sob outros efeitos, como por exemplo, a seleção.

Quando genealogias estão disponíveis, o tamanho efetivo pode ser estimado através de vários métodos que usam diferentes “tamanhos de janela de tempo” (quantidade de informações dos ancestrais) para os cálculos (Groeneveld *et al.*, 2009). Por isso é importante saber escolher qual o melhor método que conseguirá responder melhor às mudanças do tamanho populacional, considerando sempre que tudo irá depender da qualidade das informações genealógicas disponíveis.

Um dos primeiros métodos utilizados é o N_{es} (Caballero, 1994), que é calculado através do número de indivíduos de ambos os sexos que estão contribuindo geneticamente numa

população, isto é, aqueles que realmente deixam descendentes. Podendo diferir muito do censo (quantidade de animais) real da população porque é influenciado pelos sistemas impostos a essa população levando a um distanciamento da população ideal teórica (Wright, 1931). Mais tarde novos métodos começaram a ser desenvolvidos e o tamanho efetivo da população também passou a ser estimado a partir do incremento da endogamia (ΔF) entre duas gerações (Gutiérrez *et al.*, 2008).

De maneira geral o **Ne** possui relação inversa com o aumento da endogamia, assim populações de menor **Ne** apresentam maior probabilidade de acasalamento entre indivíduos aparentados, o que pode ocasionar maiores coeficientes de endogamia, redução da variância genética aditiva e, possivelmente, do valor fenotípico (Breda *et al.*, 2004). Três décadas depois do desenvolvimento do primeiro método para cálculo do **Ne** estipulado por Hill (1979), Gutiérrez *et al.* (2009) propuseram uma estimativa do tamanho efetivo da população (\bar{N}_e) a partir do aumento da endogamia individual, denominado tamanho efetivo realizado, a partir da média do ΔF_{id} (taxa de endogamia individual) incluído numa dada subpopulação de referência.

O conceito de tamanho efetivo é extremamente importante na descrição de populações e em programas de melhoramento animal devido às suas relações com endogamia e deriva genética (Fao, 1998). Recentemente, maior enfoque têm se dado a esse parâmetro (**Ne**) no monitoramento da manutenção da diversidade genética dos animais de criação, sendo amplamente debatido na conferência das Nações Unidas sobre biodiversidade.

De acordo com a FAO (1998), um tamanho efetivo de aproximadamente 50 animais por gerações é o limite para manutenção da variabilidade, o que leva a uma taxa de endogamia de 1% por geração, sendo estipulado como número de referência para o estabelecimento de um programa de conservação em um núcleo de animais ou de uma estratégia de ação dentro do programa de avaliação genética que recupere o progresso genético. Conforme Goddard e Smith (1990), um número mínimo de 40 faz-se necessário por geração para maximizar o retorno econômico em população selecionada para produção de leite. Meuwissen e Wooliams (1994) recomendam valores entre 30 a 250 para prevenir decréscimo no valor adaptativo. O valor adaptativo ou “fitness” refere-se à maior probabilidade, em determinado ambiente, de um determinado indivíduo deixar descendentes, ou seja, indivíduos mais bem adaptados a determinado ambiente têm chance maior de sobreviver e de deixar descendentes (Salman, 2007).

Atualmente, com a evolução da genética quantitativa, há o desenvolvimento de programas dinâmicos de avaliação genética (Goddard e Smith, 1990; Meuwissen e

Woolliams, 1994) para populações onde ocorre a sobreposição de gerações com objetivo de maximizar a resposta à seleção evitando o incremento da endogamia.

2.4.2.1 Método de cálculo baseado na razão de sexos (N_e)

O modelo descrito por Wright (1922) reflete os efeitos das variações da endogamia e do tamanho da progênie sob as premissas de que os acasalamentos foram aleatórios, não existiu seleção e a contribuição de todos os pais é igual. O cálculo depende do número de machos (M) e de fêmeas (F) na população referência, sendo $N_{eS} = \frac{4M*F}{M+F}$.

2.4.2.2 Método de cálculo baseado na taxa individual de endogamia (N_{eF})

O N_e pode ser estimado a partir da taxa de incremento da endogamia (ΔF) entre duas gerações discretas, $N_e = \frac{1}{\Delta F}$, onde $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, sendo F_t e F_{t-1} como a média de endogamia a t e $t-1$ gerações (Caballero, 1994). Porém, em populações reais, como, por exemplo, as espécies de produção, onde ocorre sobreposição de gerações, as condições de criação geralmente divergem bastante das condições de uma população idealizada (Falconer e Mackay, 1996). Nessas condições de sobreposição de gerações, comum em bovinos, a maioria das metodologias aplicadas para calcular o N_e são afetadas pelas dificuldades em definir a correta geração anterior para os cálculos, pois os dados ao longo do tempo nos pedigrees aparecem como registros por ano, independente do intervalo de gerações, e os coeficientes de endogamia são erroneamente atribuídas à geração do animais em vez da geração dos seus pais (Gutiérrez *et al.*, 2009)

Em populações reais onde ocorre seleção, um aumento da endogamia não é uma consequência somente da mudança da frequência dos genes ao longo de gerações, mas também da contribuição genética desbalanceada de alguns ancestrais, alguns mais que os outros, ao longo dos anos (Breda *et al.*, 2004). Além disso, se os animais selecionados para o cálculo do N_e são aqueles que nasceram no período em que a endogamia diminuiu, métodos baseados na avaliação do aumento da endogamia conduz a valores negativos de N_e .

Para superar tais dificuldades, pesquisadores têm sugerido a modificação do cálculo de incremento da endogamia para obter estimativas sólidas eficazes de tamanhos efetivos realizados em populações reais (Gutiérrez *et al.*, 2008; Cervantes *et al.*, 2008a), em que os

coeficientes de endogamia são erroneamente atribuídos à geração do animal em vez da geração dos seus pais.

Segundo Cervantes *et al.* (2008a) é reconhecido que a endogamia aparece uma geração mais tarde da co-ancestralidade e, frente a tal cenário, para o cálculo da taxa de endogamia deve-se considerar esse atraso de uma geração no que diz respeito à co-ancestralidade entre os pais. Essa pequena alteração em relação à abordagem anterior recentemente proposto foi testado como parâmetro de incremento da taxa de endogamia individual.

Na nova abordagem recentemente proposto por Gutiérrez *et al.* (2009), utilizado nesse trabalho para cálculo do **Ne**, o nível de conhecimento da profundidade do pedigree do animal é estimado pelo número de gerações equivalentes completas (EqG), onde parâmetro t é colocado como a soma de todos os ancestrais conhecidos no termo $(1/2)n$, onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido em que 1 equivale aos pais, 2 aos avós, etc. (Boichard *et al.*, 1997). Ou seja, a expressão relativa à endogamia na geração t , onde $F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$, deve ser escrita de maneira diferente em populações reais, onde $F_t = 1 - (1 - \Delta F)^{t-1}$, pois as alterações na frequência dos alelos já vem ocorrendo nos equivalentes co-ancestrais nas gerações anterior. Basicamente, essa expressão é válida para $t > 1$, mas não para $t=0$ porque coeficiente de endogamia na primeira geração é zero ($F_1=0$).

Assim, partindo da fórmula original da taxa de incremento de endogamia individual definida por González-Recio *et al.* (2007) como $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t_i]{1 - F_i}$, onde t_i é o equivalente de gerações discretas e F_i é o coeficiente de endogamia do indivíduo i , teremos depois da alteração a seguinte expressão $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{(1 - F_i)}$. Com isso, os valores de ΔF_i dos indivíduos pertencentes a população de referência pode ter sua média calculada para se obter $\overline{\Delta F_i}$.

A partir da taxa de endogamia média ($\overline{\Delta F_i}$) um tamanho efetivo médio pode ser diretamente calculado $\overline{N_{eF}}$ o que nos leva a equação $N_{eF} = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$.

Observe que essa forma de calcular o tamanho efetivo da população não é dependente do sistema de acasalamento, mas de todos os possíveis acasalamentos realizados em todo o pedigree para cada indivíduo. Porém, com essa abordagem os indivíduos com menos de duas gerações distintas tem que ser retirado da amostra utilizada para atender a uma população de referência com profundidade pedigree insuficiente para obter um coeficiente de consanguinidade não nulo (Gutiérrez *et al.*, 2009).

2.4.3 Intervalo de gerações

O intervalo de gerações (IG) corresponde à idade média dos pais ao nascimento da sua progênie (Falconer e Mackay, 1996), calculado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha.

Uma das medidas finais da eficiência de um esquema de seleção é a taxa anual do ganho genético (ΔG) que leva em consideração três fatores: a intensidade de seleção em função da proporção de animais avaliados que são selecionados, a acurácia, medida de correlação entre a informação disponível e o valor genético do animal, e o desvio-padrão dos valores genéticos aditivos diretos dos animais avaliados que é uma medida da variabilidade genética disponível para se realizar a seleção (Falconer e Mackay, 1996). Todos esses fatores que compõem a fórmula de ganho genético anual têm como denominador comum o intervalo médio de gerações. Um aumento nesse denominador tem um impacto negativo na taxa de ganho genético, ou seja, quanto mais velhos os pais na época de nascimento dos filhos, maior será o intervalo entre as gerações, o que contribuirá para a redução da taxa anual de ganho. Dessa forma, justifica-se o estímulo a um maior uso de touros jovens oriundos de programas de avaliação e testes de desempenho de touros jovens (Yokoo *et al.*, 2014).

De acordo com Oliveira *et al.* (2011), uma das prováveis explicações para o elevado intervalo de gerações médio pai-progênie, seja pela elevada idade dos touros quando se tornam pais (3-4 anos) ou pela contínua utilização de determinados reprodutores, é que quando se destacam, são usados massivamente nos rebanhos. Assim, para potencializar o progresso genético anual do rebanho, ou seja, para tornar a seleção mais eficiente, é necessário reduzir ao máximo o intervalo de gerações que se alcança aumentando a taxa de reposição dos touros, usando touros mais jovens. Em gado de corte, isso é uma aposta nos touros jovens destacados como superiores com base na informação das DEPs, estimada por desempenho próprio, e a utilização desses reprodutores por um número limitado de anos levará ao progresso genético e se tem chance de descobrir (provar) um touro mais cedo.

2.5 Contribuição genética dos principais touros pais

O efeito da contribuição genética dos principais touros da raça (maior número de progênies) se reflete sobre a média do mérito genético dos seus filhos que são avaliados em algum programa de avaliação genética da raça, principalmente quanto às características de

média a alta herdabilidades. Essas características de crescimento e reprodução são importantes na determinação da eficiência econômica de qualquer sistema de produção de bovinos de corte (Shenkel, 2000). Nesse contexto características de crescimento, peso a desmama, ao sobreano e ganho de peso em diferentes idades destacam-se como critério de seleção, pois apresentam herdabilidades que variam de média a alta magnitude e podem proporcionar maiores ganhos genéticos por geração, sendo são bons indicadores do potencial de crescimento dos animais em idades mais avançadas (Laureano *et al.*, 2011) (Laureano *et al.*, 2011). Assim, a partir de análise das médias das diferenças esperadas de progênies (DEPs) dos descendentes dos principais touros é possível evidenciar o processo de seleção dentro da população analisada, observando como estão esses valores genéticos em relação à média da população avaliada e verificando a tendência genética ao longo dos anos.

3 Material e métodos

3.1 Dados do pedigree

A estatística descritiva do total de animais registrados, machos e fêmeas e os dados de pedigree são provenientes do registro genealógico da Associação Brasileira de Hereford e Braford. O arquivo completo de pedigree incluiu 278.095 animais da população Braford (210.971 fêmeas e 67.218 machos) e informações das genealogias dos ancestrais mais antigos, muitos estrangeiros, inclusive das duas raças formadoras, o Hereford e o Zebuíno. Existem animais com data de nascimento de 1956 até 2014, sendo que as informações anteriores a 1984, ano que iniciaram os registros na raça, são referentes as genealogias dos ancestrais dos animais registrados nos primeiros anos. Os dois últimos anos não foram utilizados no cálculo do Ne, endogamia e IG, pois os registros das informações reprodutivas ainda estavam sendo geradas.

O cadastro dos animais no sistema de registro genealógico inicia com a comunicação de cobertura das matrizes registradas e posteriormente o cadastro do nascimento dos produtos oriundos dessas coberturas, sendo o registro de nascimento. Porém as fêmeas, categoria livro aberto (LA), de ascendência desconhecida somente começaram a ser contabilizadas separadamente a partir de 2006, já que não recebem o registro de nascimento e sim o registro definitivo direto após avaliação técnica, sendo consideradas como animais base de plantel. Os machos e fêmeas, nascidos dos animais registrados, há uma determinada idade no início da fase reprodutiva são avaliados de acordo com normas de seleção estipulados para a raça, como por exemplo, padrão racial e, se aprovados, recebem o registro genealógico definitivo.

3.2 Integridade do pedigree e parâmetros populacionais

Os resultados quanto às características da população com a integridade do pedigree, endogamia, tamanho efetivo populacional, intervalo de geração, pais com maior número de progênies e distribuição do número de progênies de acordo com a idade dos pais foram calculados utilizando o programa POPREP (Groeneveld *et al.*, 2009) que utiliza um conjunto mínimo de informações sobre cada animal como data de nascimento, sexo e a genealogia para estimar os parâmetros relevantes que caracterizam a estrutura populacional.

Os níveis de integridade do pedigree foram avaliados pelo cálculo do número equivalente de gerações considerando os seguintes indicadores: o número de ancestrais conhecidos e o índice de conteúdo de informação do pedigree, proposto por MacCluer *et al.* (1983):

$$I_d = \frac{4I_{d_{pat}}I_{d_{mat}}}{I_{d_{pat}}+I_{d_{mat}}} \text{ e } I_{d_k} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$$

onde k representa a linha paterna (pat) ou materna (mat) de um indivíduo, a_i é a proporção de antepassados conhecidos na geração i. O d é o número de gerações consideradas no cálculo da complementaridade do pedigree. Esse índice é como uma medida global da integridade do pedigree que engloba o número de gerações completas traçadas por geração até o número máximo de gerações conhecidas (6 gerações). O número de gerações completas traçadas refere-se à geração mais distante em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou seja, que separa a progênie da mais distante geração conhecida. Por exemplo, se $d = 5$, então cinco gerações de ancestrais serão considerados no cálculo. Os valores variam de 0 a 1. Se todos os ancestrais de um indivíduo de determinada geração (d) são conhecidos então $I_d=1$ ou se um dos pais (pai ou mãe), $I_d=0$ (Boichard *et al.*, 1997).

O número equivalente de gerações completas, por sua vez, é obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Boichard *et al.*, 1997).

Foi verificada a distribuição das matrizes e reprodutores pelo número de progênies ao longo do tempo, identificando os 20 pais que mais contribuíram geneticamente com a população em quantidade de progênie.

Foi verificada a idade dos pais quando do nascimento de todos os filhos no decorrer dos anos e o intervalo de gerações, onde foram estimados os intervalos médios de geração para os quatro caminhos gaméticos, na seguinte ordem: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha. Foi verificado o número de machos e fêmeas que reproduziram (selecionados) deixando descendentes na população.

O grau de endogamia dos indivíduos da população foram avaliados através do coeficiente de endogamia (F) descrito por Wright (1922), onde:

$$F_x = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n+n'+1} (1 + F_A), \text{ em que:}$$

F_x = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

n e n' = número de gerações nas linhas através das quais os pais e as mães são relacionados;

F_A = coeficiente de endogamia do ascendente em comum.

Ao conhecer o F de todos os indivíduos da população foi possível determinar o coeficiente médio de endogamia populacional através da média aritmética de seus respectivos coeficientes de endogamia, o que possibilita compreender o comportamento da endogamia na população, sendo então possível definir a taxa de incremento de endogamia (ΔF) entre gerações de uma população (Falconer e Mackay, 1996).

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}, \text{ onde:}$$

F_t e F_{t-1} são os coeficientes médios de endogamia de suas respectivas gerações.

O N_e também foi calculado de duas maneiras distintas: de acordo com o número de reprodutores por geração em que $N_{eS} = \frac{4M \cdot F}{M + F}$, onde M e F representam o número de machos e fêmeas, respectivamente (Wright, 1933) e de acordo com a nova abordagem proposta por Gutiérrez *et al.* (2009), utilizando-se a taxa incremento de endogamia individual (ΔF_i) onde,

$$N_{eF} = \frac{1}{2\Delta F}.$$

3.3 Contribuição genética dos principais touros pais da raça

Os dados de pedigree que definiram os principais touros da raça, na Figura 5, são provenientes do arquivo do registro genealógico da ABHB, contabilizando um total de 278.095 registros entre os anos de 1951 e 2012. Depois de identificados os dez touros que mais contribuíram para a raça pelo programa POPREP (Groeneveld *et al.*, 2009a), foram rastreados todos os seus descendentes avaliados no programa PampaPlus, totalizando 7.142 descendentes na base (machos e fêmeas). Suas DEPs foram obtidas do relatório genético de junho de 2015, assim como o coeficiente de endogamia dos descendentes. Posteriormente, se computou as DEPs médias de todos os descendentes para as características de peso ao nascer (PN), peso a desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e perímetro escrotal (PE), além do índice de qualificação genética do PampaPlus (IQG), que norteia o melhoramento genético dentro da raça.

Na sequência foi realizada análise estatística, baseada em um delineamento inteiramente casualizado, dos dados através da análise de variância, ajustando as DEPs pela acurácia fornecida pelo programa e testando o efeito de cada touro, comparando as dez linhagens de touros que mais contribuíram para a raça Braford, por meio do teste F, utilizando a comparação de médias por Tukey com nível de significância de 1%, no programa estatístico R (R a language..., 2006). Os touros (T) foram nominados, onde T1 foi o que

deixou mais descendentes na raça Braford, T2 o segundo em número de descendentes e assim sucessivamente até T10, de acordo com os dados do relatório genético.

4 Resultados e discussão

4.1 Características da população

Os animais da raça Braford existentes no arquivo de pedigree são explorados comercialmente visando à venda de reprodutores e matrizes e algumas propriedades fazem uso de Programas de Avaliação Genética para selecionar e direcionar os acasalamentos. Alguns animais que nascem dos ventres registrados são vendidos como gado comercial ou vão para o abate após engordar.

No início do registro genealógico da raça o controle era feito em livros e só mais tarde, década de 90, começou a ser via sistema informatizado (não foi encontrado registro do ano certo). O controle mais acurado das informações de cobertura e nascimentos, com exigência que fossem declarados antes do animal nascido e até uma determinada idade respectivamente começou gradualmente a partir de 2006 para melhorar a qualidade das informações e diminuir os erros de genealogias, mas só começou a refletir na estatística a partir de 2008. Por este motivo, no período inicial dos registros as estatísticas do número de registro de nascimento são inferiores ao registro definitivo (Figura 1 e 2).

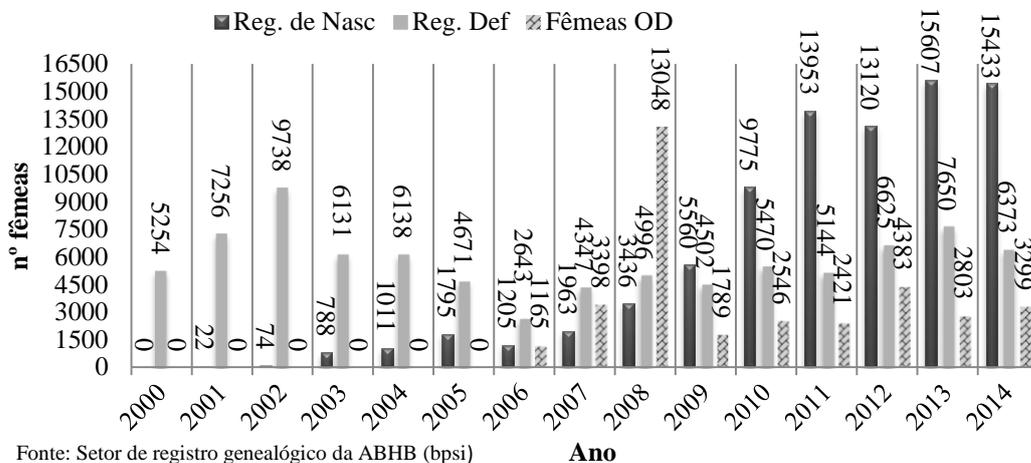
Por norma, o registro genealógico definitivo só é homologado ao animal após inspeção do técnico credenciado pela associação, depois de observados aspectos como padrão racial, peso pré-estabelecido de acordo com a idade e fertilidade. A idade limite para o animal ser aprovado e receber o definitivo é de 36 meses de vida.

O resumo estatístico dos registros genealógicos foi fornecido pela ABHB, sendo os mesmos enviados anualmente ao Ministério da Agricultura. Nas fêmeas se observa um incremento considerável no número dos registros de nascimento e definitivo, Figura 1, principalmente no período de 2000 a 2013. Em 2008, quando se pôde visualizar a real diferença em relação os registros, observou-se que apenas 48% das fêmeas recebem o registro definitivo, consequência dos critérios de seleção de cada propriedade realizados principalmente em duas idades chaves, ao desmame e ao sobreano. Essa seleção é de acordo com critérios da raça e o sistema de seleção particular adotado em cada propriedade, sendo que nas propriedades que participam de um programa de avaliação é de acordo com o relatório anual de avaliação genética do programa.

No final do ano de 2007, ocorreu um incremento considerável no número de registros de fêmea LA (fêmeas OD - origem desconhecida), reflexo de alterações nas normas técnicas da raça, onde o produto macho gerado por essa fêmea registrada a partir de novembro de 2008 não poderia mais ganhar registro (Abhb, 2009). Essa medida levou os criadores a registrar até a data limite o máximo possível de fêmeas LA pela regra antiga, o que refletiu nas estatísticas do ano de 2008 que foi recorde em registro dessa categoria, estabilizando-se nos anos subsequentes.

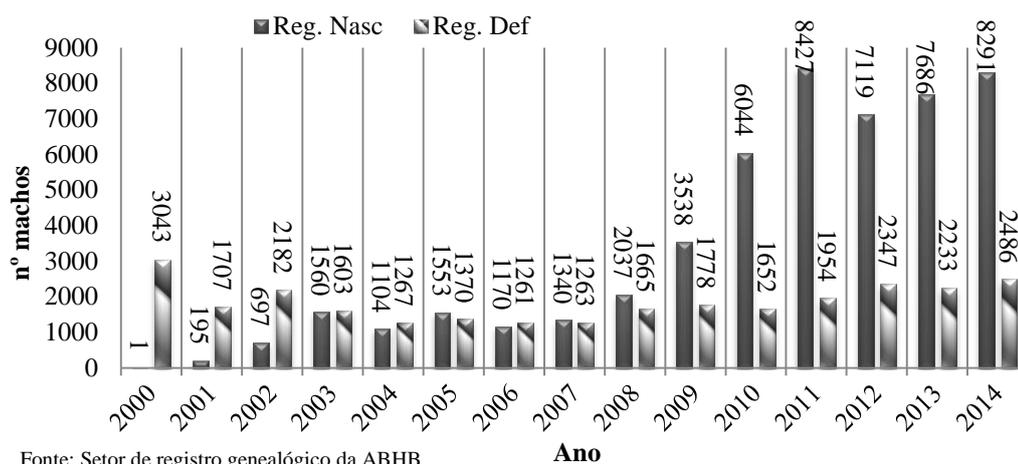
Com os machos, Figura 2, ocorreu o mesmo crescimento dos registros, porém em média apenas 30% destes passam para a categoria de registro definitivo por vários fatores tais como critérios de padrão racial e seleção impostos pelas normas técnicas da raça. Isso também pode ser visualizado na Figura 4 onde o número de filhos selecionados para ficarem na população e reproduzirem (os que recebem o certificado de registro genealógico definitivo) é bem reduzido em relação às fêmeas.

Um percentual dos machos e fêmeas é vendido apenas com registro de nascimento antes de chegar à fase reprodutiva sem um controle preciso desse quantitativo por parte da associação.



Fonte: Setor de registro genealógico da ABHB (bps)

Figura 1 – Resumo estatístico do registro genealógico de nascimento (Reg. Nasc.), definitivo (Reg. Def.) e categoria LA (Fêmeas OD) das fêmeas da raça Braford por ano.

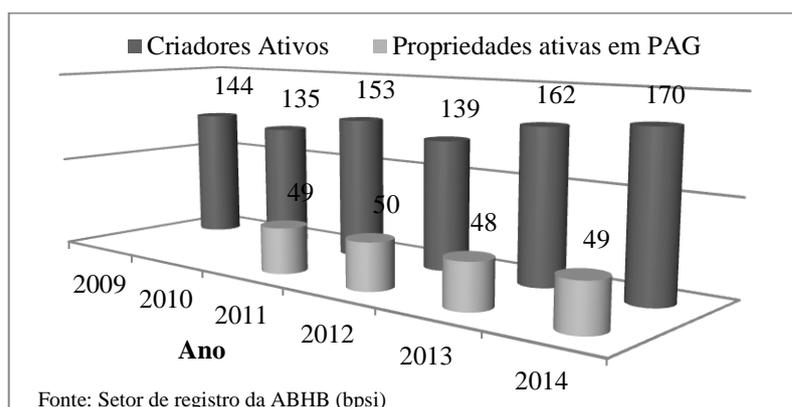


Fonte: Setor de registro genealógico da ABHB

Figura 2 - Resumo estatístico do registro genealógico de nascimento (Reg. Nasc.) e registros definitivo (Reg. Def.) dos machos da raça Braford por ano.

A Figura 3, representa o número de criadores que realizaram registros de nascimento e definitivo de Braford entre os anos de 2009 a 2014, onde observa-se um crescimento de 22,3% e 5,7% respectivamente e em média apenas 31% do total dessas propriedades avaliaram animais no período de 2011 a 2014 através dos quatro programas de avaliação genética credenciados pela ABHB, sendo que não havia informações anterior a 2011.

Isto demonstra o potencial que a raça tem em crescer e realizar melhoramento genético, uma vez que a minoria dos criadores vem praticando a avaliação genética.



Fonte: Setor de registro da ABHB (bps)

Figura 3 - Número de criadores da raça Braford ativos na ABHB e nos programas de avaliação genética por ano.

Abaixo, na tabela 1, o resumo do arquivo de pedigree utilizado nas análises, onde apenas 34,72% do total de animais possuía informação de ambos os progenitores (96.555). Esse número baixo se deve pelo alto índice de fêmeas cadastradas na categoria LA, pois é a

maneira mais fácil de iniciar um plantel, além disso, a formação da raça é recente, está em expansão. Outro fator é o uso de reprodutores múltiplos.

Tabela 1 - Total de animais, machos e fêmeas presentes no arquivo de pedigree (N), total de animais com um, ambos ou nenhum dos progenitores conhecidos e percentuais (%) em relação ao total.

Dados do Pedigree do Braford	N	%
Total de Animais	278.095	100
Machos	67.218	24,17
Fêmeas	210.971	75,86
Ambos os progenitores conhecidos	96.555	34,72
Ao menos um progenitor conhecido	31.270	11,24
Sem informação dos progenitores	95.214	34,23

Fonte: Lopa, T. (2015)

4.2 Estrutura da população

Abaixo, tabela 2, o resumo da população de referência (aqueles animais que deixaram descendentes na população) após análise pelo programa POPREP e o número médio e máximo de progênies encontradas, assim como a idade média dos pais ao nascimento dos filhos e o intervalo médio de gerações.

Tabela 2 - Resumo estatístico da população de referência da raça Braford

Estrutura da população Braford	Valores
Progênies que reproduziram na população	34.374
Pais	3.459
Mães	88.117
Número médio (e máximo) de progênies por pai	32,1 (3.548)
Número médio (e máximo) de progênies por mãe	2,0 (22)
Idade média das mães ao nascimento da progênie (1984-2013)	4,9
Idade média dos pais ao ano de nascimento da progênie (1988-2013)	5,3
Intervalo médio de gerações	5,8

Fonte: Lopa, T. (2015)

De acordo com o número de animais da população que reproduziram deixando descendentes (selecionados), representado na Figura 4, há um incremento por ano de 622,6 matrizes (linha vermelha escura no gráfico) e 14 machos entrando na reprodução por ano (linha azul escura no gráfico). Esses resultados nos touros e filhos selecionados (linha azul clara) são reflexos dos fatores mencionados anteriormente quanto a evolução do número de registro.

No eixo secundário da Figura 4, o número de progênies de fêmeas e machos que deixaram descendentes segue as mesmas regras de seleção impostas aos pais, incremento anual de 95 fêmeas (linha rosa) e 05 machos por ano (linha azul clara). Concluindo, estes dados indicam expansão da raça por meio do maior número de fêmeas se reproduzindo ao longo dos anos e uma reduzida renovação do número de machos que permanecem reproduzindo, exacerbando a importância de selecionar por meio de DEPs. Nas filhas selecionadas (linha rosa) não há informação ainda da parte reprodutiva nos últimos três anos analisados, que se reflete no gráfico.

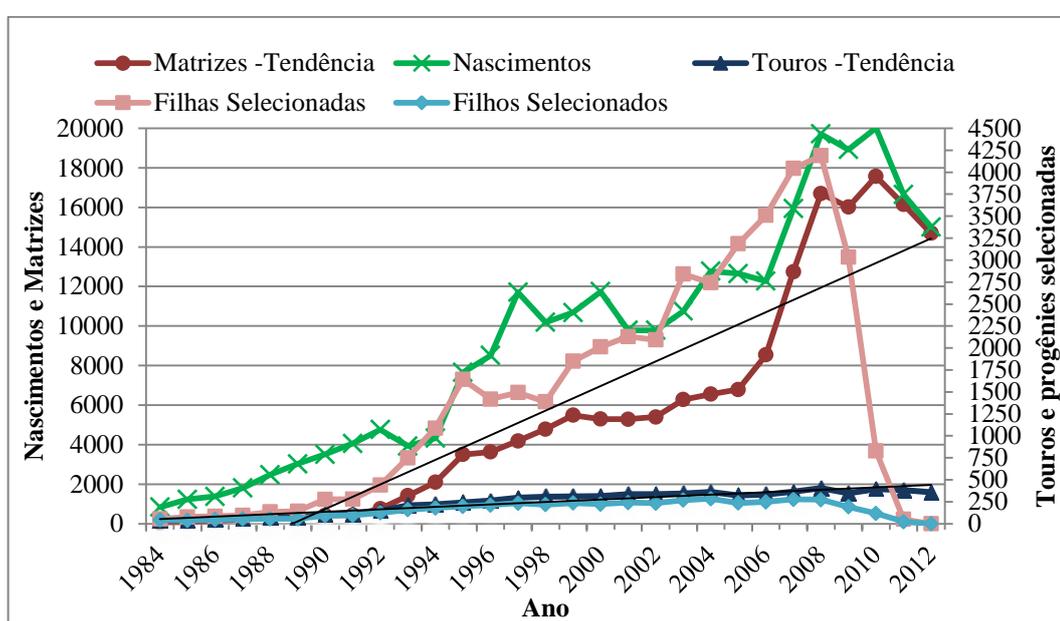


Figura 4 - Total de animais nascidos e matrizes, touros, filhas e filhos selecionados para reprodução na população da raça Braford por ano.

Na Tabela 3 pode-se observar a distribuição das matrizes quanto ao número de partos ao longo do tempo. As matrizes com mais de 16 partos foram agrupadas em um único grupo de partos (≥ 16). A partir dessa informação pode-se avaliar o nível de reposição das matrizes no rebanho. Nota-se a maior concentração do número de matrizes com até três partos, onde 51% apresentam histórico de apenas um parto, mas a partir de 1994 há um aumento gradual do número matrizes com mais de cinco partos na população e a partir de 2005 há aumento também do número de matrizes com registro de 06 até 10 partos (área realçada em cinza na Tabela 3). A partir de 2011 podemos observar o incremento do uso das técnicas de transferência de embrião e fecundação in vitro refletindo no aparecimento de matrizes com mais de 10 filhos na população. Essa permanência das matrizes por mais tempo reproduzindo na população poderá refletir negativamente no progresso genético pelo aumento do intervalo

de gerações e também propiciar o aumento dos acasalamentos endogâmicos. Estratégias de manejo e direcionamento orientado dos acasalamentos devem ser consideradas a fim de evitar isso.

Tabela 3 - Distribuição do número de matrizes da raça Braford por registros de partos por ano

Ano	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	≥16
1984	55	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1985	92	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1888	133	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1987	212	12	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1988	283	28	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1989	265	51	8	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1990	359	47	10	4	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1991	353	75	14	3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1992	660	91	13	3	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1993	1230	178	28	4	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1994	1738	321	60	14	2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1995	2689	702	143	29	7	3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1996	2407	936	278	53	11	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1997	2489	1133	455	143	36	8	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
1998	2914	1103	539	240	80	21	2	1	1	-	-	-	-	-	-	-
1999	3361	1201	614	295	103	41	6	2	-	1	-	-	-	-	-	-
2000	3359	1123	473	267	146	44	15	2	1	-	-	-	-	-	-	-
2001	3329	1188	490	200	106	61	14	3	1	-	-	-	-	-	-	-
2002	3382	1243	496	238	93	47	16	5	3	-	-	-	-	-	-	-
2003	3843	1633	605	234	106	38	18	7	0	2	-	-	-	-	-	-
2004	3827	1833	686	241	87	43	13	6	2	1	1	-	-	-	-	-
2005	3725	1845	841	337	130	41	26	6	3	2	1	1	-	-	-	-
2006	4763	2167	1038	454	169	72	21	11	6	2	2	1	-	-	-	-
2007	6662	3560	1573	688	265	85	40	13	3	-	2	1	2	-	-	-
2008	8851	4404	2173	900	377	129	36	25	8	1	1	2	-	-	-	-
2009	6699	4917	2576	1207	442	176	58	20	9	3	-	1	1	-	-	-
2010	6473	5064	3385	1658	717	266	89	29	15	7	4	1	-	-	-	-
2011	6250	3856	2770	1883	891	379	127	55	17	8	3	1	2	2	1	3
2012	5599	3874	2225	1504	936	438	165	58	26	14	6	6	5	1	2	5
2013	1871	1096	624	421	277	146	70	28	8	3	3	3	2	2	2	6
%	51	25	13	6	3	1	0,4	0,2	0,1	0,03	0,01	0,01	0	0	0	0,1

Fonte: Lopa, T. (2015)

Abaixo representado, na Figura 5, os touros que mais contribuíram em número de progênies para a população, de acordo com o arquivo genealógico da ABHB, onde o touro que mais deixou descendente foi o T1 com 3548 filhos, computando as progênies nascidas desde 1956 até o momento. No caso das matrizes, na Figura 6, como é de se esperar, mesmo pelo uso das técnicas de transferência de embrião e fecundação *in vitro*, a matriz que mais

reproduziu até o momento (M1) possui 22 filhos no arquivo de pedigree computado as progênes desde 1956 até o momento.

A partir da tabela 5 foram selecionados os touros que mais contribuíram com descendentes para verificar o perfil genético deles a partir da média das DEP's dos seus descendentes para algumas características e para o índice geral classificatório do programa.

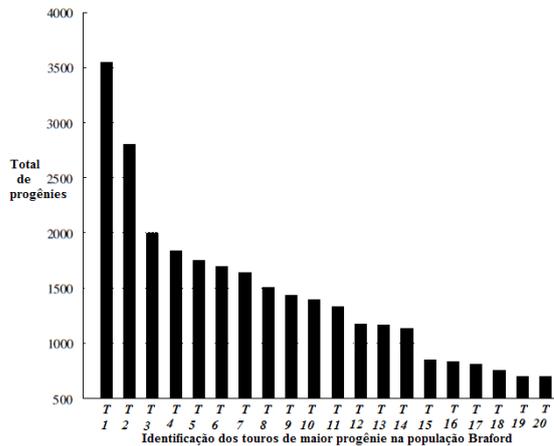


Figura 5 - Touros com maior número de progênes

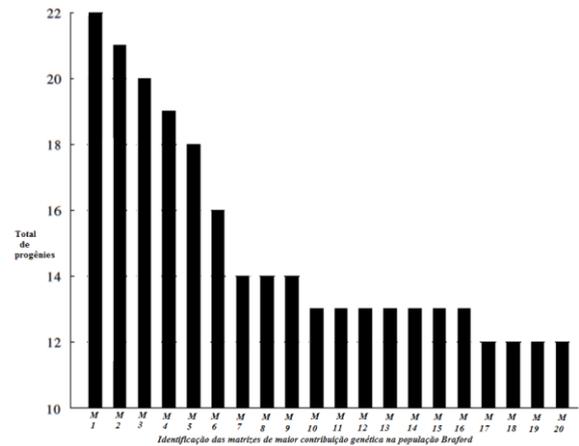


Figura 6 - Matrizes com maior número de progênes

A partir da tabela de distribuição da idade das mães ao ano de nascimento dos filhos, Tabela 4, foi calculada a idade média destas no decorrer das gerações a partir do início dos registros da raça, representado graficamente, Figura 7. Os resultados indicam que ocorreu aumento significativo no período de 0,04 anos na idade média das fêmeas, ou seja, a cada ano que passa houve aumento de 14,8 dias na idade. Esse aumento é justificado pela tentativa de expansão da raça, deixando por maior período de tempo estas matrizes em reprodução como já destacado na tabela 2. Além disso, verificou-se que as fêmeas entre 2 a 8 anos de idade responderam por 87,5% dos nascimentos, onde só as entre 2 a 5 anos são responsáveis por 60,3% dos nascimentos.

A partir da tabela de distribuição da idade dos touros pais por nascimento dos filhos, Tabela 5, foi calculada a idade média no decorrer das gerações e representada graficamente, Figura 8, a partir do nascimento das progênes oriundos dos primeiro touros pais registrados, 1988, pois nos machos em anos anteriores há muita influência de touros da raça Hereford e Zebuína cadastradas apenas para genealogia de formação do Braford. De acordo com os resultados, houve aumento significativo de 0,025 anos na idade média dos touros ao nascimento dos filhos, ou seja, a cada ano que passa a idade média dos touros aumentou 9,1

dias ao nascimento dos filhos. Em 20 anos esse aumento correspondeu a um aumento de 08 e 05 meses na idade das fêmeas e dos machos, respectivamente.

A idade média das fêmeas e machos nos dois períodos analisados é de 4,9 e 5,3 anos respectivamente.

Tabela 4 - Distribuição da idade das mães por ano de nascimento dos seus filhos a partir do início do registro genealógico da raça Braford.

Ano	Idade das mães ao nascimento dos seus filhos e média (M)																	
	<1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	>16	M
1984	1	0	4	12	9	9	6	4	3	0	0	0	0	0	0	0	0	4,4
1985	2	3	2	8	9	12	7	4	3	3	1	0	0	0	0	0	1	5,2
1986	1	5	9	13	5	9	18	5	2	4	1	0	0	0	0	0	4	5,8
1987	3	4	51	46	35	9	14	6	6	2	2	0	0	0	0	0	2	3,8
1988	1	9	58	66	74	24	8	12	8	3	1	3	1	0	0	0	0	3,8
1989	1	3	32	61	70	61	29	3	7	1	2	2	0	0	0	0	0	4,2
1990	0	2	39	89	102	65	42	21	6	9	4	1	0	0	0	0	0	4,4
1991	0	6	50	63	67	106	41	37	20	5	4	2	0	0	0	0	0	4,7
1992	4	28	90	134	137	113	115	68	32	10	2	1	0	0	0	0	0	4,4
1993	13	68	198	215	270	206	172	128	66	41	12	0	0	1	0	0	0	4,4
1994	4	89	294	388	348	222	285	185	102	63	59	20	2	0	0	0	0	4,6
1995	1	78	531	589	631	513	381	286	156	94	51	61	34	0	1	0	0	4,7
1996	9	139	480	538	736	497	391	272	248	120	76	26	14	1	0	0	0	4,7
1997	5	209	605	506	567	622	559	398	258	201	92	70	32	3	0	1	0	5,0
1998	7	323	784	799	561	571	503	443	284	179	125	55	43	34	3	2	1	4,7
1999	4	132	845	996	838	678	482	469	407	235	127	96	66	27	14	6	1	5,0
2000	19	100	779	914	815	723	508	437	365	252	158	71	76	36	12	10	2	5,1
2001	19	113	928	814	780	777	547	342	288	229	169	124	32	48	20	10	7	5,0
2002	14	140	827	851	910	755	613	435	260	233	129	92	59	24	9	8	7	4,9
2003	16	66	917	1084	1120	861	646	531	324	223	145	112	88	53	36	17	10	5,0
2004	12	82	608	1164	1103	910	842	700	466	257	104	82	67	52	44	15	30	5,3
2005	12	75	743	935	1195	1069	755	638	550	292	188	105	48	52	49	16	49	5,4
2006	14	68	1226	1420	1289	1355	1093	679	485	320	210	120	50	54	31	41	50	5,1
2007	5	86	1601	1872	2406	1713	1649	1142	759	481	307	206	134	94	71	50	137	5,3
2008	2	91	2388	2875	2664	2263	1940	1696	1125	680	358	208	121	74	49	25	113	5,1
2009	0	48	1780	2716	2844	2085	1792	1382	1305	804	491	316	165	72	63	27	98	5,4
2010	1	48	1989	2757	2904	2678	2042	1626	1268	1005	549	291	160	87	45	31	63	5,4
2011	1	48	2112	2516	2402	2240	2134	1467	1127	763	571	352	188	90	40	27	51	5,4
2012	0	53	2124	2396	2656	1823	1653	1386	940	644	425	263	149	72	39	10	56	5,2
2013	0	10	614	724	750	602	431	384	374	291	144	68	72	20	8	8	5	5,3
Total	171	2126	22708	27561	28297	23571	19698	15186	11244	7444	4507	2747	1601	894	534	304	687	
%	0,1	1,3	13,4	16,2	16,7	13,9	11,6	8,9	6,6	4,4	2,6	1,6	0,9	0,5	0,3	0,2	0,4	

Fonte: Lopa, T. (2015)

Tabela 5 - Distribuição da idade dos touros por ano de nascimento dos seus filhos a partir do início do registro genealógico da raça Braford

Idade dos touros pais ano nascimento dos seus filhos e média (M)																		
Ano	<1	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	>16	M
1984	0	3	2	4	7	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	5
1985	1	4	5	3	4	2	0	0	2	1	3	0	1	0	0	0	1	5
1986	1	2	4	6	3	0	3	0	1	1	2	1	1	1	1	1	1	6,2
1987	1	1	7	7	6	2	1	4	1	1	2	1	1	1	1	0	1	5,6
1988	2	0	4	7	6	6	4	1	5	2	1	3	0	2	0	0	2	6,4
1989	1	2	3	7	8	6	8	1	1	3	0	1	3	0	2	2	1	6,2
1990	2	6	5	19	11	13	5	3	2	2	2	2	1	0	0	2	2	5,1
1991	1	3	8	18	15	7	9	3	3	0	2	1	0	1	1	0	2	4,8
1992	1	6	29	23	21	19	6	6	7	3	2	2	2	2	1	0	1	4,5
1993	3	6	41	57	14	19	17	6	5	2	2	3	1	3	1	1	2	4,3
1994	3	9	23	53	34	14	19	14	7	2	4	2	1	1	2	1	2	4,6
1995	3	4	26	55	45	22	13	17	10	5	3	1	2	1	2	1	2	4,7
1996	3	4	25	37	38	52	21	13	10	6	4	2	2	2	0	0	7	5,2
1997	1	8	37	63	45	27	33	14	11	8	5	2	0	1	1	1	9	5
1998	1	5	32	75	31	47	31	23	12	6	5	5	1	1	1	1	5	5
1999	1	3	37	57	40	42	27	27	21	11	4	4	2	2	0	0	3	5,1
2000	5	8	24	64	62	35	23	18	18	18	4	4	2	1	1	0	3	4,9
2001	1	6	42	63	46	52	26	24	12	11	10	7	4	0	4	0	0	4,9
2002	3	4	43	69	51	24	35	18	22	10	10	9	2	3	2	3	3	5,3
2003	2	2	26	76	43	36	26	31	8	21	9	8	7	5	2	2	3	5,6
2004	2	4	24	90	46	32	25	18	17	13	16	13	3	4	2	2	3	5,4
2005	1	2	18	60	44	47	21	19	16	15	7	12	6	3	4	1	2	5,7
2006	2	3	29	62	51	43	38	17	11	5	11	10	4	3	4	2	4	5,4
2007	2	2	42	69	49	30	35	30	17	16	7	13	4	6	2	0	5	5,4
2008	0	2	33	106	38	43	34	25	19	18	14	3	7	5	8	1	7	5,6
2009	0	0	20	85	49	37	28	20	25	13	4	7	7	7	5	3	9	5,9
2010	0	5	42	84	61	40	32	18	22	20	8	4	8	4	7	0	9	5,5
2011	0	2	28	89	74	48	29	14	17	12	17	10	5	7	3	7	8	5,7
2012	0	0	35	82	57	45	29	18	15	12	9	12	8	6	7	7	8	5,9
2013	0	0	19	30	31	23	23	11	8	4	2	3	7	3	3	2	6	5,9
Total	43	107	715	1523	1034	819	608	421	334	251	180	157	104	88	81	55	112	
%	0,6	1,6	10,8	23	15,6	12	9,2	6,3	5	3,8	2,7	2,4	1,57	1,3	1	0,8	1,7	

Fonte: Lopa, T. (2015)

Estes resultados de maior magnitude nas fêmeas do que nos machos é reflexo da menor taxa de reposição nos machos, além disso, muita informação dos pais é perdida pelo uso de reprodutores múltiplos. Portanto, a seleção de matrizes e reprodutores por meio das DEPs, se faz uma excelente alternativa, no intuito de diminuir o intervalo e geração sem aumentar a taxa de reposição, além de controlar os acasalamentos consanguíneos. Os programas de

avaliação devem orientar quanto ao uso de touros jovens para aumentar a taxa de reposição e manter o ganho genético.

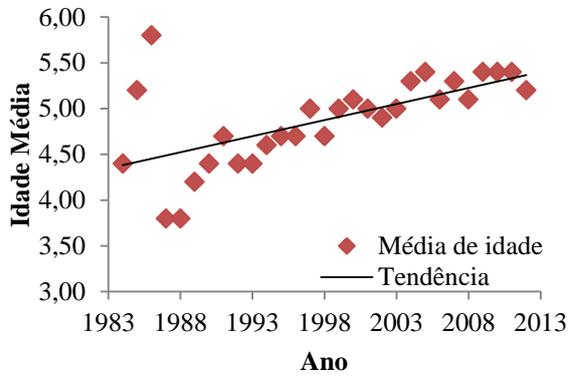


Figura 7 – Idade média das fêmeas ao nascimento dos filhos por ano

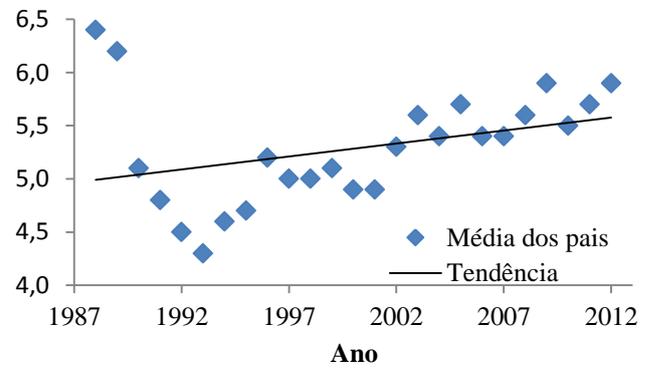


Figura 8 - Idade média dos machos ao nascimento dos filhos por ano

Tabela 6 - Intervalo de geração nas diferentes passagens gaméticas (Pflo – pai filho, Pfla – pai filha, Mflo – mãe filho, Mfla – mãe filha) e número de animais por ano de nascimento (NSm e NSf – machos e fêmeas selecionadas, NM – machos, NF – fêmeas)

Ano	IG para as quatro passagens gaméticas								IG		IG		IG	
	Pflo	NSm	Pfla	NSf	Mflo	Nm	Mfla	Nf	M	NM	F	NF	Pop	NPop
1984	5,6	12	7,2	61	5	16	5,1	31	7	73	5	47	6,4	99
1985	7	6	5,7	136	5,6	13	5,1	39	5,7	142	5,3	52	5,6	161
1986	4,5	16	6,9	87	5,4	18	5,9	37	6,5	103	5,7	55	6,3	132
1987	4,6	21	6,3	44	5,9	36	5,1	54	5,8	65	5,4	90	5,6	117
1988	4,2	15	6,1	71	5,1	29	5	94	5,7	86	5	123	5,4	152
1989	5,8	24	8,1	87	5,3	36	4,8	98	7,6	111	4,9	134	6,5	175
1990	6,6	60	5,1	160	5,4	80	4,9	182	5,5	220	5	262	5,4	332
1991	5,9	38	6	180	5,7	70	5,1	183	6	218	5,2	253	5,7	347
1992	4,4	59	4,5	360	5,8	85	4,6	346	4,5	419	4,8	431	4,7	590
1993	5	54	4,4	486	5,2	83	4,9	664	4,4	540	4,9	747	4,8	869
1994	5,1	54	5	563	5	98	5	980	5	617	5	1078	5,2	1165
1995	6	75	5,2	1392	5,1	109	5,1	1523	5,3	1467	5,1	1632	5,3	2298
1996	5,5	92	6,2	1430	5,4	125	5,1	1278	6,2	1522	5,1	1403	5,9	2259
1997	5,4	73	5,5	1130	5,5	117	5,6	1379	5,5	1203	5,6	1496	5,6	1814
1998	6,7	85	5,5	782	6	114	5,8	1292	5,6	867	5,9	1406	5,9	1486
1999	6,7	104	5,6	1071	5,8	139	5,9	1736	5,7	1175	5,9	1875	6	1927
2000	6	95	5,7	1135	5,4	128	5,6	1922	5,8	1230	5,6	2050	5,7	2176
2001	6,2	90	6,2	1006	5,2	149	5,5	2003	6,2	1096	5,5	2152	5,7	2192
2002	6,1	63	5,9	1160	5,3	103	5,3	2022	5,9	1223	5,3	2125	5,5	2199
2003	6,2	72	6	1532	5,4	109	5,5	2782	6	1604	5,5	2891	5,7	2972
2004	5,8	92	6	1562	5,7	133	5,8	2657	5,9	1654	5,8	2790	5,9	2881
2005	6,5	87	6,4	1432	5,3	128	5,8	3093	6,4	1519	5,8	3221	6	3275
2006	6,8	107	6,4	1784	5,4	142	5,6	3375	6,4	1891	5,6	3517	5,9	3555
2007	7	100	6,6	2099	5	132	5,8	3934	6,7	2199	5,7	4066	6	4093
2008	7,2	97	6,7	1994	5,5	126	5,5	4072	6,7	2091	5,5	4198	5,8	4199
2009	6,8	74	7,1	1369	6,2	92	5,7	2946	7,1	1443	5,7	3038	6,1	3039
2010	6	27	6,6	392	5,3	33	5,9	805	6,5	419	5,8	838	6,1	840
2011	6,5	4	5,3	43	5,3	4	5,5	48	5,4	47	5,5	52	5,3	52
Total	6,1		6,1		5,4		5,6		6,1		5,6		5,8	

Fonte: Lopa, T. (2015)

Na tabela 6 e no gráfico da Figura 9 está representado o intervalo de gerações através dos quatro caminhos gaméticos (transferência de genes aos descendentes) que são: pai/filho, pai/filha, mãe/filho e mãe/filha. Verifica-se que o intervalo médio de pai-filho e pai-filha (6,1 para ambos) é maior que mãe/filho e mãe/filha (5,4 e 5,6), reflexo da prática do uso de touros pais provados e conseqüentemente mais antigos, assim como a eleição natural dos filhos desses para continuarem reproduzindo na população, por isso é necessário monitorar a consanguinidade.

Malhado *et al.* (2008) estudando o progresso genético do Nelore da Bahia encontraram para as quatro passagens gaméticas um intervalo de gerações de 9,1 (pai-filho) e 9,0 (pai-filha) e 7,6 (mãe-filho), 7,5 anos (mãe-filha). O intervalo de gerações médio foi $8,3 \pm 4,2$ anos. Esses valores para as passagens gaméticas pai-filho e pai-filha foram considerados altos, quando eles compararam aos intervalos relatados por Vercesi Filho *et al.* (2002) e Faria *et al.* (2002), que estimaram médias de 7,2 e 7,1 (pai-filho), 7,2 e 7,2 (pai-filha), 7,0 e 7,2 (mãe-filho) e 6,9 e 7,1 (mãe-filha), para animais registrados das raças Tabapuã e Nelore Mocho, respectivamente.

Faria *et al.* (2010) estudando a raça Brahman, encontraram idade média de 2,16 para machos, 1,83 para fêmeas e intervalo médio de gerações de 5 a 6 anos (período de 1994-2005), destacando que foram baixos devido a recente introdução da raça no Brasil. Em estudo mais recente, Cavani *et al.* (2013) relataram no período de 1994-2012, intervalos médios para machos, fêmeas e animais em geral de 4,9, 5,8 e 05 anos respectivamente.

Se, por um lado, rápida reposição de animais no rebanho reduz o IG e pode contribuir para ganhos genéticos, por outro lado, a produção de leite e a repetição de cria são influenciadas pela maturidade da vaca, entre outros fatores como o ambiental, o que encarece o custo de produção, pois manejos adicionais são necessários (Ribeiro *et al.*, 2003). Atualmente, com o crescente aumento do custo de produção, o criador está atento à redução do custo de reposição dos animais para manter o ganho econômico e um dos itens presentes no cálculo de redução deste custo está justamente aumentar o tempo de utilização ou a vida útil das vacas e fazê-las produzir mais filhos (Oaigen *et al.*, 2009). Os outros dois itens são agregar valor à fêmea pra vendê-la melhor, como, por exemplo, produzir animais de alto valor genético, e/ou reduzir o valor inicial de compra e do custo da recria dessas fêmeas (Corrêa e Amorim, 2009).

No Braford, de acordo com a figura 9, a cada ano que passou houve um aumento significativo no intervalo médio de gerações de 7,3 dias por ano.

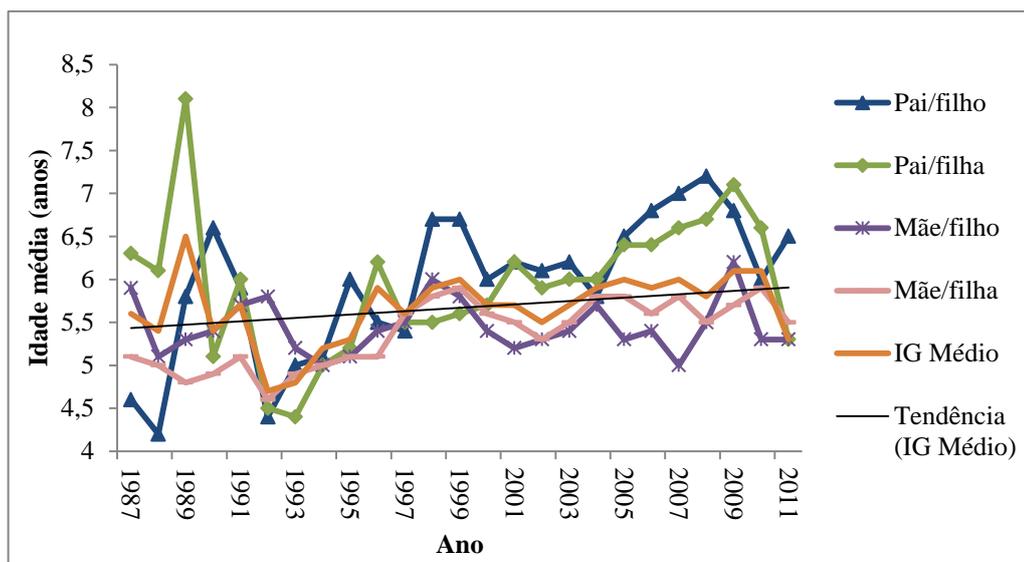


Figura 9 - Intervalo médio de gerações da raça Braford através dos quatro tipos de passagem gaméticas aos descendentes por ano.

No ano de 2007 e 2008 notam-se o intervalo de gerações pai/filho, 7 e 7,2 anos respectivamente. Provavelmente, este resultado foi motivado por alguma política de acasalamento ou condição mercadológica do momento, mas que nos dois anos seguintes, 2009 e 2010, o IG retornou a patamares de 6,8 e 6 anos respectivamente. Nas fêmeas, como há uma condição de reposição maior os intervalos médios no decorrer das últimas gerações sempre se mantiveram entre 5,5 e 6,1 anos.

Os fatores que podem estar levando a esse envelhecimento gradual dos animais da população podem ser de origem variada que vai desde os de ordem econômica até o uso de linhagens mais tardias sexualmente, sendo necessários mais estudos, principalmente das taxas de reprodução da população.

Principalmente nas fêmeas, este aspecto pode influenciar no momento do descarte como são animais de maior valor agregado por serem registrados, e, além disso, hoje, o criador conta com as técnicas de TE e FIV que possibilita a melhor utilização dessas fêmeas.

4.3 Análise do pedigree

4.3.1 Integridade do pedigree

A medida global da integridade do pedigree, representada na tabela 7, para os animais Braford nascidos nos últimos dez anos foi de 47,2% na primeira geração (dois pais conhecidos), diminuindo nas gerações subsequentes. Quanto menor a integridade do pedigree menos informações estão disponíveis para as análises, principalmente em populações abertas como a do Braford. Por isso, os níveis de endogamia podem estar subestimados, pois muitas informações de genealogia dos pais (pelo uso de reprodutores múltiplos) e principalmente das mães (pela presença de fêmeas LA) está ausente.

Tabela 7 - Integridade do pedigree da raça Braford (período 2003-2013)

Integralidade do Pedigree % - período 2003-2013					
1 G	2 G	3 G	4 G	5 G	6 G
47,2	37,8	30,2	24,4	20,1	16,9
1G-1 geração conhecida, 2G -2 gerações conhecidas, 3G-3 gerações conhecidas 4G-4 gerações conhecidas, 5G-5 gerações conhecidas, 6G-6 gerações conhecidas					

Fonte: Lopa, T. (2015)

Teixeira Neto (2012) analisando a população de búfalos mediterrâneos encontrou percentuais de antepassados conhecidos de 60,51, 15,27, 2,14 e 0,05%, na primeira, segunda, terceira e quarta geração respectivamente.

Na Figura 10, observa-se a distribuição gráfica da IP até a sexta geração. Na análise de regressão linear, os resultados indicaram que o controle das informações genealógicas da raça vem melhorando significativamente a cada ano quanto à qualidade do pedigree a partir do início dos registros (1984) na ordem de 1,81%, 1,56%, 1,28%, 1,05%, 0,9 e 0,7% por ano para 1G, 2G, 3G, 4G, 5G e 6G respectivamente. Isso é benéfico para obter mais informações quanto ao nível de relacionamento genético entre os animais, principalmente para o programa de avaliação genética, devendo os criadores serem orientados a informar todo e qualquer cobertura e nascimento de animais independente desses animais ganharem registro genealógico.

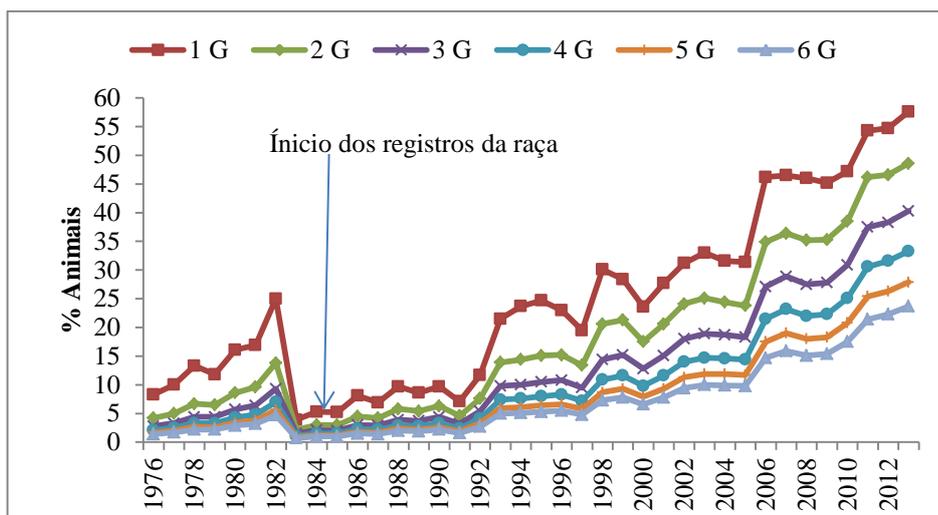


Figura 10 - Integridade do Pedigree (%) por ano da raça Braford

4.3.2 Endogamia

Nos primeiros anos de controle do arquivo de pedigree, de 1956 a 1994, não foram observados níveis de endogamia, pois são informações de adastro dos antepassados dos primeiros animais registrados e consequentemente não foi considerado.

Os valores médios de endogamia de todos os animais, pais e mães foram de 0,0006, 0,004 e 0,001 respectivamente, conforme a tabela 8.

O aumento médio de endogamia de toda a população no decorrer dos anos, Figura 11, foi de 0,000116, sendo considerado um valor baixo. Esse pequeno aumento se justifica pela melhoria gradual que está ocorrendo na integridade do pedigree, revelando melhor o relacionamento genético dos animais e de seus ancestrais, mas não acarreta em perda da variabilidade genética principalmente porque a raça é aberta ao registro de animais livro aberto, havendo muito afluxo de genes novos a população registrada.

Tabela 8 - Valores gerais de endogamia da raça Braford

Média de Endogamia (F)	
Todos os animais	0,0006
Todos os Pais	0,004
Todas as Mães	0,001
Animais endogâmicos (n=8.675)	0,09
Animais endogâmicos – últimos 05 anos (n=5254)	0,048
Nível máximo de endogamia observado em um indivíduo da população	0,37

Fonte: Lopa, T. (2015)

Do total de animais analisados, 8.675 eram endogâmicos (3,19%), com valor médio de F de 0,09, onde o valor máximo de endogamia alcançou 0,37.

Nos pais, há uma oscilação maior do F médio no período antes de 2005, principalmente no período de 1986-1994 pelo uso de touros antigos, base de formação da raça, tanto Hereford como Braford, com genealogias muito antigas, somado à falta de informações em alguns períodos no início da formação da raça. Além da prática comum entre os criadores do uso de reprodutores múltiplos nas coberturas das matrizes, sendo a informação de pai que se perde.

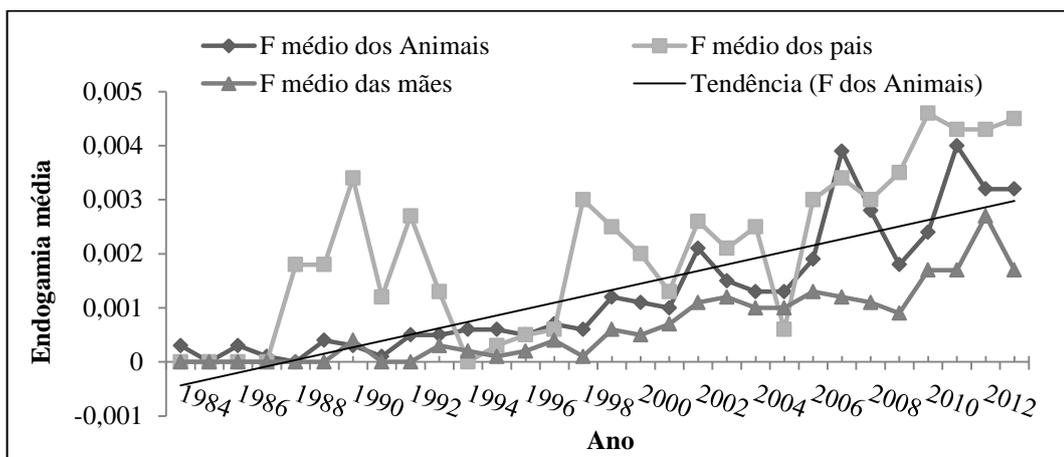


Figura 11- Endogamia média (F médio) por geração de todos os animais e pais da raça Braford.

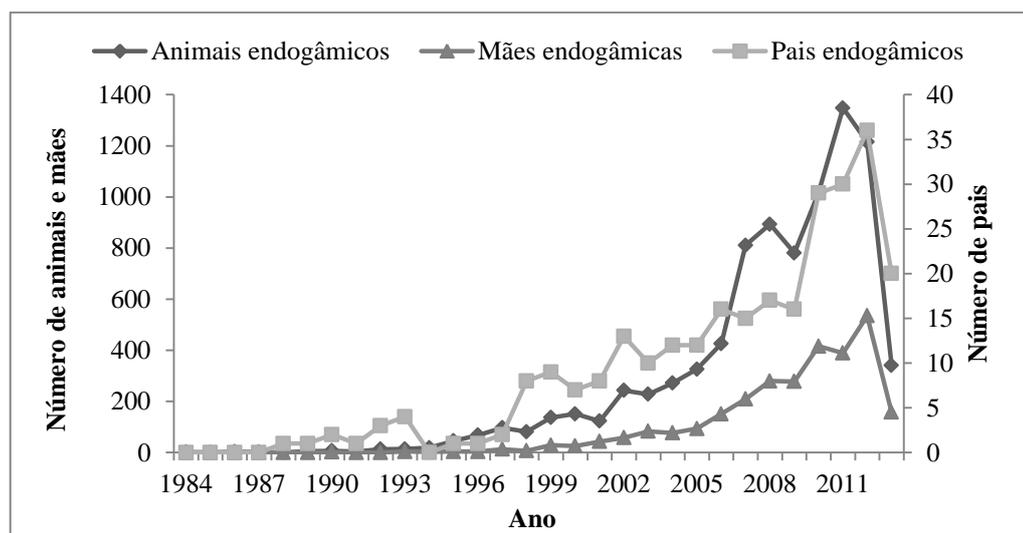


Figura 12 - Total de animais, mães e pais endogâmicos da raça Braford por ano.

Figura 12 representado o número de animais endogâmicos na população no decorrer dos anos, onde se observa aumento gradual a partir de 1996 nos animais nascidos, das mães e dos pais, havendo um incremento desses valores nos anos subsequentes a partir de 2001,

principalmente no total de animais e pais. Nas mães esse aumento é mais gradual e somente nos últimos cinco anos de registros há um maior incremento do número de fêmeas endogâmicas, reflexo de alterações que ocorreram nas normas de seleção da raça diminuindo o interesse em registrar animais dessa categoria.

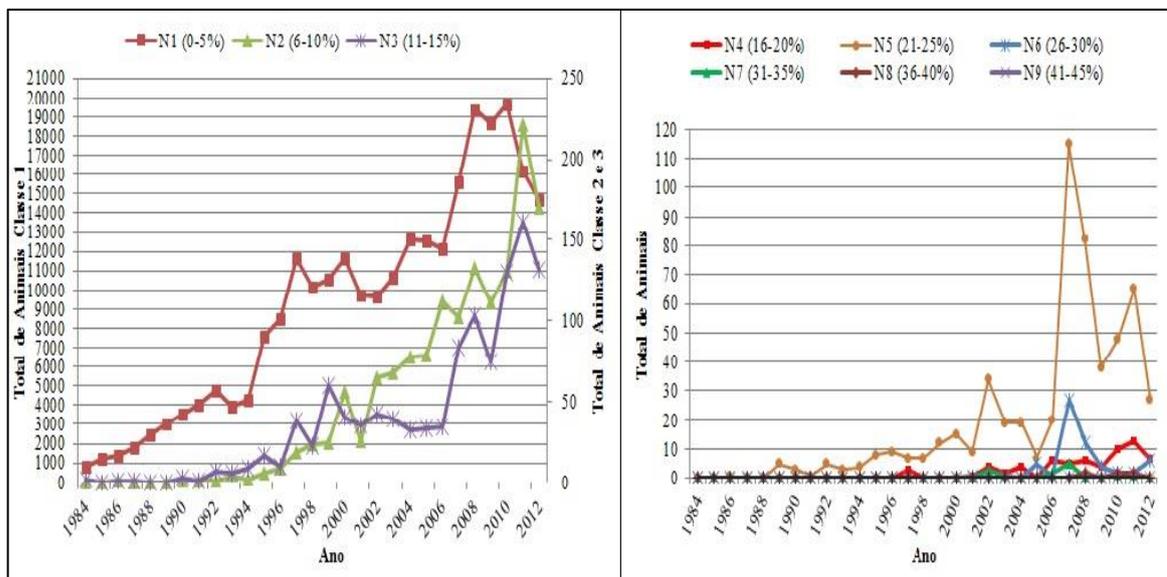


Figura 13 - Distribuição por níveis de endogamia dos animais Braford por ano (%)

Na Figura 13 estão distribuídos os animais endogâmicos por classes de níveis de endogamia, aonde N1 vai de 0-5%, N2 de 6-10%, N3 de 11-15%. N4 de 16-20%, N5 de 21-25%, N6 de 26-30%, N7 de 31-45%, N8 de 36-40%, N9 de 41-45%, N10 de 46-50% e N11 >50%. Observa-se que o número de animais endogâmicos é maior nos níveis mais baixos de endogamia, de até 5%, não acarretando perda de variabilidade genética e efeitos negativos.

Estes resultados indicam que apesar dos níveis de endogamia estar aumentando, este parâmetro ainda não é um problema a ponto de causar a depressão endogâmica, contudo, este parâmetro deve ser sempre monitorado.

4.3.3 Tamanho efetivo populacional

Enquanto o ΔF esteve próximo de zero ou negativo o N_e da população não pode ser calculado. Os baixos níveis de endogamia levaram a uma taxa de incremento da endogamia (ΔF) muito baixa por geração que foi utilizado para o cálculo do N_e , Tabela 9. O tamanho efetivo populacional para os dois métodos utilizados, representados na Tabela 10, está se mantendo estável na população estuda, pois se encontram acima de 100 e, de acordo com a

FAO (1992), baseada na proporção sexual ou taxa de endogamia, indicando a presença de variabilidade genética.

Tabela 9 - Taxa de Incremento da Endogamia (ΔF) por geração na população da raça Braford

Ano	ΔF	Ano	ΔF	Ano	ΔF
1956	-	1978	0,0000	1996	0,0001
1957	-	1978	0,0000	1997	0,0003
1958	0,0000	1979	0,0000	1998	0,0004
1959	0,0000	1980	0,0000	1999	0,0001
1960	-	1981	0,0000	2000	-0,0001
1962	0,0000	1982	0,0000	2001	-0,0003
1963	0,0000	1983	0,0000	2002	-0,0002
1966	0,0000	1984	0,0001	2003	-0,0002
1967	0,0000	1985	0,0001	2004	-0,0002
1968	0,0000	1986	0,0002	2005	0,0000
1969	-	1987	0,0001	2006	0,0003
1970	0,0000	1988	-0,0013	2007	0,0009
1971	0,0000	1989	-0,0020	2008	0,0011
1972	0,0000	1990	-0,0041	2009	0,0011
1973	0,0000	1991	-0,0041	2010	0,0008
1974	0,0000	1992	-0,0034	2011	0,0009
1975	0,0000	1993	-0,0023	2012	0,0006
1976	0,0000	1994	-0,0013	2013	0,0003
1977	0,0000	1995	-0,0005	2014	0,0000

Fonte: Lopa, T. (2015)

Piccoli *et al.* (2013) encontraram na raça Devon valores de **Ne** de 92,32 de acordo com o método proposto por Gutierrez et al. (2009). Já Bouquet et al. (2010) encontrou 558, 493 e 244 na raça Charolesa de origem dinamarquesa, francesa e irlandesa e 1.667, 2459 e 345 na raça Limousin, de origem dinamarquesa, francesa e irlandesa respectivamente, porém no Charolês e Limousin de origem sueca e o Limousin da Inglaterra o **Ne** não pode ser calculado pelo valores baixos de ΔF .

Estes resultados sugerem a existência de variabilidade genética na população de Braford no Brasil, sendo alta a possibilidade do progresso genético quando a seleção é feita por meio da DEP.

Tabela 10 - Tamanho efetivo populacional da raça Braford: método NeS e NeF

Tamanho efetivo populacional Braford						
Método	2007	2008	2009	2010	2011	2012
NeS	3157	3259	3229	3297	3357	3362
NeF	119	129	148	158	157	160

Fonte: Lopa, T. (2015)

4.4 Contribuição genética dos principais touros pais

Na Tabela 11 está representado o total de descendentes avaliados pelo PampaPlus no relatório genético de 2015 dos dez principais touros pais da raça Braford destacados no arquivo de pedigree. Além disso, estão representadas as médias das DEPs e IQG e o coeficiente de endogamia das dez linhagens fornecida pelo programa. Cinco das dez linhagens apresentam valores médios das DEPs e IQG acima dos valores médios de todos os touros pais (que tiveram filho em pelo menos um rebanho) do PampaPlus, indicando que existe uma preferência geral por parte dos criadores no uso de touros destacados, provenientes destas cinco linhagens, dentro do programa de avaliação genética do PampaPlus.

Tabela 11 - Número (N) de filhos avaliados e descrição do coeficiente de endogamia (F) no programa de avaliação genética PampaPlus dos dez principais touros pais Braford (de T1 a T10), registrados na ABHB, além dos valores médios de DEPs e do IQG das dez linhagens e as médias gerais das características de todos os animais avaliados no PampaPlus, em junho de 2015.

Fundadores (linhagens)	N	Média de F	Máximo de F	IQG	DEP_PN	DEP_PD	DEP_PS	DEP_PE
T1	1.245	0,0029	0,2500	0,256 ^a	0,603	2,507 ^a	3,361 ^a	0,129 ^a
T2	1.297	0,0032	0,2500	0,264 ^a	-0,218 ^a	1,338 ^a	1,466 ^a	0,229 ^a
T3	209	0,0012	0,2500	0,643 ^a	-0,028 ^a	3,280 ^a	4,873 ^a	0,039
T4	870	0,0252	0,3751	0,185	0,277	2,125 ^a	2,281 ^a	-0,117
Tu5	1.282	0,0002	0,0625	-0,065	-0,224 ^a	1,171 ^a	1,179	-0,051
T6	171	0,0005	0,0078	0,187	0,045 ^a	0,460	-1,845	0,431 ^a
T7	1.217	0,0044	0,2588	0,265 ^a	0,179	0,336	1,872 ^a	0,066 ^a
T8	539	0,0085	0,2500	0,553 ^a	0,085	0,020	-0,386	0,224 ^a
T9	293	0,0000	0,0000	-0,470	0,252	-0,020	-0,125	-0,149
T10	19	0,0000	0,0002	-0,018	-0,067 ^a	-0,324	-0,261	-0,071
Médias da avaliação genética do PampaPlus, em Junho de 2015				0,20	0,08	0,91	1,46	0,04

^a = linhagens com melhores DEPs (diferença esperada na progênie) e IQGs (índice de qualificação genética do PampaPlus) do que a média dos animais avaliados no PampaPlus; PN = peso ao nascer; PD = peso ao desmame; PS = peso ao sobreano; PE = perímetro escrotal;

Fonte: Relatório Genético Pampaplus (2015)

Os níveis de endogamia das dez linhagens não ultrapassaram 5%, que é a maior porcentagem indicada para não se ter depressão endogâmica (Meuwissen e Sonesson, 1998). Os níveis de endogamia média para os grupos de descendentes de cada touro fundador foram 0,0029; 0,0032; 0,0012; 0,0252; 0,0002; 0,0005; 0,0044; 0,0085; 0,0000; 0,0001, respectivamente para as linhagens dos T1, T2, T3, T4, T5, T6, T7, T8, T9 e T10. Nos descendentes do T4 encontrou-se o maior nível individual de consanguinidade, que foi de 0,3751. Estes níveis baixos de endogamia entre os descendentes dos dez principais touros

indicam que ainda se pode utilizar essa genética nos acasalamentos e esquemas de seleção para promover o aumentando da produtividade, explorando mais estas linhagens.

Comparando todas as DEPs e o IQG, houve diferença significativa ($P < 0,0001$) entre as dez linhagens, sendo que para PN, as melhores linhagens dentro do PampaPlus foram as dos fundadores T2, T3, T5, T6 e T10. Para o PD, as melhores linhagens dentro do PampaPlus foram as dos fundadores T1, T2, T3, T4 e T5. Para o PS, as melhores linhagens dentro do PampaPlus foram as dos fundadores T1, T2, T3, T4 e T7. Para o PE, as melhores linhagens dentro do PampaPlus foram as dos fundadores T1, T2, T6, T7 e T8. Para o IQG, as melhores linhagens dentro do PampaPlus foram as dos fundadores T1, T2, T3, T7 e T8. Estes resultados indicam que existem diferenças entre as dez linhagens, com existência de variabilidade genética, possibilitando explorar a heterose intra-racial.

5 Conclusão

A baixa integridade do pedigree e o fato da população ser aberta refletem em baixos valores de endogamia, porém o estudo da estrutura populacional do rebanho Braford registrado demonstrou que a qualidade do pedigree no decorrer dos anos vêm gradativamente aumentando pela maior conscientização dos criadores da importância das informações para o programa de avaliação genética.

O aumento da idade média dos touros e principalmente das matrizes quando do nascimento dos filhos que reflete no intervalo de geração deve ser monitorado para não afetar o progresso genético no processo de melhoramento genético e como estratégia deve ser orientado o uso de touros mais jovens. Os resultados reforçam a necessidade de realizar periodicamente uma análise da estrutura da população para monitorar o aumento do número de animais endogâmicos e os níveis de endogamia, mesmo a população sendo aberta, já que a reposição de touros é pequena e as fêmeas estão permanecendo por mais tempo nos plantéis reproduzindo o que pode propiciar acasalamentos entre parentes.

O tamanho efeito populacional sugere não haver a erosão genética na raça Braford no Brasil, indicando a existência de variabilidade genética.

Estes parâmetros indicam que os criadores de Braford estão explorando muito pouco a seleção dos animais por meio dos valores genéticos.

Dentro do programa de avaliação genética do PampaPlus, os níveis de endogamia dos descendentes dos principais touros pais são baixos o que permite explorar por mais tempo estas linhagens. Entre as dez linhagens, existe variabilidade genética das características economicamente importantes dentro do programa de avaliação genética do PampaPlus, indicando a possibilidade de exploração da “heterose intra-racial”.

REFERÊNCIAS

- ABB. Associação Brasileira de Brangus - **História da Raça**. 2015. Disponível em: <http://www.brangus.org.br/historia>. Acesso em: 15 de maio.
- ABCCAN. Associação brasileira de criadores de Canchim - **A raça**. 2015. Disponível em: www.abccan.com.br/canchim/index.php/a-raça.html. Acesso em: 10/05.
- ABHB. **Associação Brasileira de Hereford e Braford: Assinado convênio com Embrapa**. Jornal do Hereford. Bagé, RS: ABHB: 12 p. 1987.
- _____. **Resolução técnica da raça Braford**. 02/2008. Bagé, RS 2009.
- _____. Associação Brasileira de Hereford e Braford: **História da Raça Braford**. 2015. Disponível em: < <http://www.abhb.com.br/braford/braford/> >. Acesso em: 10/02/2015.
- _____. Associação Brasileira de Hereford e Braford - **História**. 2015a. Acesso em: 10 de fevereiro.
- AJMONE-MARSAN, P. **A global view of livestock biodiversity and conservation-GLOBALDIV**. *Anim Genet*, v. 41 Suppl 1, p. 1-5, May 2010. ISSN 0268-9146.
- ANC. Associação Nacional de Criadores - Herd-book Collares. **História**, 2015. Disponível em: < <http://www.herdbook.org.br/index.asp?pag=M&codi=5> >. Acesso em: 15/03.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. **The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population**. *Genetics Selection Evolution*, v. 29, n. 1, p. 5-23, 1997. ISSN 1297-9686.
- BOUQUET, A. et al. **Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses**. *J Anim Sci*, v. 89, n. 6, p. 1719-30, Jun 2011. ISSN 0021-8812.
- BOZZI, R. et al. **Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information**. *Italian Journal of Animal Science*, v. 5, n. 2, p. 10, 2010-01-07 2010. ISSN 1828-051X.
- BREDA, F. C. et al. **Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação**. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, p. 2017-2025, 2004. ISSN 1516-3598. Disponível em: < http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1516-35982004000800013&nrm=iso >.
- BRITO, F. V. et al. **Accuracy of genomic selection in simulated populations mimicking the extent of linkage disequilibrium in beef cattle**. *BMC Genet*, v. 12, p. 80, 2011.
- CABALLERO, A. **Developments in the prediction of effective population size**. *Heredity*, v. 73, n. 6, p. 657-679, 12/print 1994. ISSN 0018-067X. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1038/hdy.1994.174> >.

CARDOSO, F. F. et al. **Genomic prediction for tick resistance in Braford and Hereford cattle.** J Anim Sci, v. 93, n. 6, p. 2693-705, Jun 2015. ISSN 0021-8812.

CARDOSO, F. F. et al. **Avanço nos programas de avaliação genética aplicados à pecuária de corte.** Anuário Hereford e Braford. Bagé: Associação Brasileira de Hereford e Braford: 201 p. 2013.

CARVALHEIRO, R. P., E. **Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento genético.** Workshop em genética e melhoramento na pecuária de corte. UNESP, A. I. G. D. FCAV/UNESP Jaboticabal, SP 2004.

CAVANI, L. et al. **Estudo da endogamia em rebanho bovino da raça Brahman.** IX Simpósio de Ciências da Unesp. Dracena,SP: Anais IX Simpósio de Ciências da Unesp 2013.

CERVANTES, I. et al. **Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees.** J Anim Breed Genet, v. 125, p. 301 - 310, 2008a.

CONAB, C. N. D. A.-. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos.** Brasília: Companhia Nacional de Abastecimento. 1 2014.

CORRÊA, C.; AMORIM, L. P. **Importância do gerenciamento dos custos com reposição de vacas.** Rehagro artigos técnicos. Belo Horizonte, MG: Rehagro 2009.

DUARTE, R. P. **Considerações para melhoramento em bovinos de corte.** 3ª. Santa Maria, RS, 2012. 134 ISBN 978-85-914359-0-6.

ELDER, J. P. **Teorias e métodos em melhoramento genética animal: . I Bases do melhoramento genético animal.** PAULO, F. U. D. S. Pirassununga, SP. 1: 238 p. 2014.

ELIAS, A. C. **O centenário do herd-book Collares: 100 anos.** Porto Alegre, RS: 2006. 327.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância.** Documentos, 75 Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS: 2000.

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

FAO. **Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk.** Rome. 1998, Rome, Italy. Food and Agricultural Organization. p.215.

_____. **Gobal plan of acton for animal genetic resources and the Interlaken Declaracion.** International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. Rome, Italy: Food and Agriculture Organization 2007.

FARIA, F. J. C. et al. **Estrutura genética da raça Gir mocha registrada no Brasil.** Boletim de Indústria Animal. 63: 135-141 p. 2006.

FARIA, L. C. D. et al. **Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 45, p. 1133-1140, 2010. ISSN 0100-204X.

FERRAZ, J. B. S.; ELDER, J. P.; RIBEIRO, P. M. T. **Genetic study of Santa Gertrudis cattle in Brazil.** Livestock Research for Rural Development. Colombia: Fundación CIPAV. 12 2000.

FREITAS, A. K. et al. **Nutritional composition of the meat of Hereford and Braford steers finished on pastures or in a feedlot in southern Brazil.** *Meat Sci*, v. 96, n. 1, p. 353-60, Jan 2014. ISSN 0309-1740.

GODDARD, M. G.; SMITH, C. **Optimum Number of Bull Sires In Dairy Cattle Breeding.** *Journal of Dairy Science*, v. 73, n. 4, p. 1113-1122, 1990.

GONZÁLEZ-RECIO, O.; LOPEZ DE MATORANA, E.; GUTIERREZ, J. P. **Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle.** *J Dairy Sci*, v. 90, n. 12, p. 5744-52, Dec 2007. ISSN 0022-0302.

GOYACHE, F. et al. **Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example.** *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 120, n. 2, p. 95-105, 2003. ISSN 1439-0388.

GROENEVELD, E. et al. **POPREP: a generic report for population management.** Genetics and Molecular Research. FZEA/ZAB-USP. 8: 1158-1178 p. 2009.

GUTIÉRREZ, J.; CERVANTES, I.; GOYACHE, F. **Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals.** *J Anim Breed Genet*, v. 126, p. 327 - 332, 2009.

GUTIERREZ, J. P. et al. **Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds.** *Genetics Selection Evolution*, v. 35, n. 1, p. 43 - 63, 2003. ISSN 1297-9686. Disponível em: < <http://www.gsejournal.org/content/35/1/43> >.

GUTIÉRREZ, J. P. et al. **Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees.** *Genet Sel Evol*, v. 40, p. 359 - 378, 2008.

HILL, W. G. **A note on effective population size with overlapping generations.** *Genetics*, v. 92, n. 1, p. 317-322, 1979. ISSN 0016-6731.

KOURY FILHO, W. **Mitos e realidades sobre consanguinidade ou endogamia.** Revista ABCZ: ABCZ 2002.

LAUREANO, M. M. M. et al. **Estimativas de herdabilidade e tendências genéticas para características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Nelore.** *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 63, p. 143-152, 2011. ISSN 0102-0935.

LEAL, J. J. B. **Principais sistemas de cruzamentos e produção de raças sintéticas em gado de corte no Estado do Rio Grande do Sul.** Série Documentos (CPPSUL). Bagé/RS: CCPSUL, Embrapa Pecuária Sul: 17 p. 2001.

_____. **Avaliação da raça Brangus no Brasil.** Bagé, RS: Embrapa Pecuária Sul: 14 p. 2009.

LEROY, G. et al. **Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse.** Genetics Selection Evolution, v. 45, n. 1, p. 1, 2013. ISSN 1297-9686. Disponível em: < <http://www.gsejournal.org/content/45/1/1> >.

LOPA, T. P. et al. **Relatório de avaliação genética touros pais 2014.** Bagé, RS: 2014. 76.

LUSH, J. L. **Animal breeding plans.** The Iowa State Collage Press, 1943. 457.

MACCLUER, J. W. et al. **Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses.** Journal of Heredity, v. 74, n. 6, p. 394-399, November 1, 1983 1983. Disponível em: < <http://jhered.oxfordjournals.org/content/74/6/394.abstract> >.

MALHADO, C. H. M. et al. **Melhoramento genético e estrutura populacional da raça Nelore na região norte do Brasil.** BRASILEIRA, P. A.: Pesquisa Agropecuária Brasileira. 45: 1109-1116 p. 2010.

MALHADO, C. H. M. et al. **Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 43, p. 1163-1169, 2008. ISSN 0100-204X.

MAPA, M. D. A. **Pecuária brasileira reduz área e dobra produção em 36 anos.** Website MAPA, 2013. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/animal/noticias/2013/02/pecuaria-brasileira-reduz-area-e-dobra-producao-em-36-anos> >. Acesso em: 15/07/2015.

MAPA, M. D. A. **Plano agrícola e pecuário 2013/2014.** Brasília, DF, 2015. Disponível em: < <http://www.agricultura.gov.br/politica-agricola/publicacoes/pap> >. Acesso em: 1/07/2015.

MARCONDES, C. R. V., P. A.; LOBO, R. B. **Identificação de animais para permanência no rebanho, na raça Nelore.** Melhoramento genético, 2004. Disponível em: < <http://www.beefpoint.com.br/radares-tecnicos/melhoramento-genetico/identificacao-de-familias-para-permanencia-no-rebanho-na-raca-nelore-17631/> >. Acesso em: 04/07/2015.

MCKAY, S. et al. **An assessment of population structure in eight breeds of cattle using a whole genome SNP panel.** BMC Genetics, v. 9, n. 1, p. 37, 2008. ISSN 1471-2156. Disponível em: < <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/9/37> >.

MEUWISSEN, T. H.; SONESSON, A. K. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. **J Anim Sci**, v. 76, n. 10, p. 2575-83, Oct 1998. ISSN 0021-8812 (Print) 0021-8812.

MEUWISSEN, T. H.; SONESSON, A. K. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. **J Anim Sci**, v. 76, n. 10, p. 2575-83, Oct 1998. ISSN 0021-8812 (Print) 0021-8812.

MEUWISSEN, T. H.; WOOLLIAMS, J. A. **Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness.** Theor Appl Genet, v. 89, n. 7-8, p. 1019-26, Dec 1994. ISSN 0040-5752.

O'BRIEN, A. et al. **Low levels of taurine introgression in the current Brazilian Nelore and Gir indicine cattle populations.** Genetics Selection Evolution, v. 47, n. 1, p. 31, 2015. ISSN 1297-9686. Disponível em: < <http://www.gsejournal.org/content/47/1/31> >.

OAIGEN, R. P. et al. **Análise da sensibilidade da metodologia dos centros de custos mediante a introdução de tecnologias em um sistema de produção de cria.** Revista Brasileira de Zootecnia, v. 38, p. 1155-1162, 2009. ISSN 1516-3598.

OLIVEIRA, J. A. D.; BASTOS, J. F. P.; TONHATI, H. **Endogamia em um rebanho da raça Guzerá.** Revista Brasileira de Zootecnia. 28: 721-728 p. 1999.

OLIVEIRA, P. S. et al. **Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber.** Pesquisa Agropecuária Brasileira. 46: 639-647 p. 2011.

PICCOLI, M. L. et al. **Estrutura populacional da raça Devon criada no Brasil.** X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. Uberaba, SP: Anais do X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal 2013.

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

QUEIROZ, S. A. D.; ALBUQUERQUE, L. G. D.; LANZONI, N. A. **Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil.** Revista Brasileira de Zootecnia. Viçosa. 29: 1014-1019 p. 2000.

RIBEIRO, A. C.; MCALLISTER, A. J.; QUEIROZ, S. A. D. **Efeito das taxas de descarte sobre medidas econômicas de vacas leiteiras em Kentucky.** Revista Brasileira de Zootecnia, v. 32, p. 1737-1746, 2003. ISSN 1516-3598.

RODRIGUES, P. K. et al. **Endogamia: conhecendo um pouco mais:** Beefpoint 2004.

ROSA, A. N. et al. **Avaliação genética: dos dados às DEP's.** In: EMBRAPA (Ed.). Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. Brasília, DF: Embrapa Gado de Corte, 2013. cap. 12, p.241. ISBN 978-85-7035-256-9.

SALMAN, A. K. D. **Coneitos básicos de genética de populações.** RONDÔNIA, E. Porto Velho, RO: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária: 1113 p. 2007.

SANTANA, M. L., JR. et al. **Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds.** J Anim Sci, v. 90, n. 1, p. 99-108, Jan 2012. ISSN 0021-8812.

SHENKEL, F. S. **Programas de melhoramento genético de raças taurinas no Brasil.** 3º Simpósio Nacional de melhoramento Genético. SBMA. Belo Horizonte: ANAIS SBMA 2000.

SORESEN, A. C.; SORESEN, M. K.; BERG, P. **Inbreeding in danish dairy cattle breeds.** Journal of Dairy Science, v. 88, n. 5, p. 1865-1872, 2005. Disponível em: < [http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72861-7](http://dx.doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72861-7) >. Acesso em: 2015/08/13.

TEIXEIRA NETO, M. R. et al. **Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis.** Ciência Rural, v. 42, p. 2037-2042, 2012. ISSN 0103-8478. Disponível em: < http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0103-84782012001100021&nrm=iso >. Acesso em: 04/07/2015.

VERCESI FILHO, A. E. et al. **Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil.** Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 54, p. 609-617, 2002. ISSN 0102-0935.

WRIGHT, S. **Coefficients of Inbreeding and Relationship.** The American Naturalist, v. 56, n. 645, p. 9, 1922. Disponível em: < <http://www.jstor.org/stable/2456273> >.

_____. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v. 16, p. 97 - 159, 1931.

_____. Inbreeding and homozygosis. **Proc. Natl Acad. Sci. USA**, v. 19, p. 411-420, // 1933. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1073/pnas.19.4.411> >.

WYKES, D. L. **Robert Bakewell (1725-1795) of Dishley: Farmer and Livestock Improver.** The Agricultural History Review, v. 52, n. 1, p. 38-55, 2004. ISSN 00021490. Disponível em: < <http://www.jstor.org/stable/40275903> >.

YOKOO, M. J. et al. **Provas de avaliação a campo da raça Hereford na Embrapa Pecuária sul - Uma ferramenta para o melhoramento.** Anuário 2014 Hereford e Braford. Bagé: Associação Brasileira de Hereford e Braford: 165 p. 2014.