



**Universidade Federal do Pará
Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental
Universidade Federal Rural da Amazônia**

Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal

Juliana Flor de Aguiar

**ANÁLISES QUANTITATIVAS APLICADAS À SELEÇÃO E
ACASALAMENTO DE BÚFALOS NA AMAZÔNIA
ORIENTAL**

Belém
2010

Juliana Flor de Aguiar

**ANÁLISES QUANTITATIVAS APLICADAS À SELEÇÃO E
ACASALAMENTO DE BÚFALOS NA AMAZÔNIA
ORIENTAL**

Dissertação apresentada para obtenção do grau de Mestre em Ciência Animal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural. Universidade Federal do Pará. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental. Universidade Federal Rural da Amazônia.
Área de concentração: Produção Animal.
Orientadora: Cintia Righetti Marcondes
Co-orientador: José Ribamar Felipe Marques

Belém
2010

Juliana Flor de Aguiar

**ANÁLISES QUANTITATIVAS APLICADAS À SELEÇÃO E
ACASALAMENTO DE BÚFALOS NA AMAZÔNIA
ORIENTAL**

Dissertação apresentada para obtenção do grau de Mestre em Ciência Animal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural. Universidade Federal do Pará. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental. Universidade Federal Rural da Amazônia.

Área de concentração: Produção Animal.

Data da aprovação. Belém - PA: 06/07/2010

Banca Examinadora:

Dra. Cintia Righetti Marcondes
Embrapa Amazônia Oriental

Dr. José Ribamar Felipe Marques
Embrapa Amazônia Oriental

Dr. Ricardo José Gunski
Universidade Federal do Pampa

À minha mãe e ao meu esposo, Camargo Júnior, pelo apoio, estímulo, compreensão e confiança.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade de realização deste trabalho.

À minha mãe pelo apoio incondicional ao meu crescimento intelectual.

Ao meu esposo, Camargo Júnior, pelo companheirismo, apoio, compreensão e ajuda em mais uma jornada.

À minha orientadora Dra. Cíntia Righetti Marcondes pelos ensinamentos, dedicação, comprometimento e confiança.

Ao meu co-orientador Dr. José Ribamar Felipe Marques, pelos ensinamentos e ajuda na realização deste trabalho.

Ao Dr. Pedro Alejandro Vozzi, por disponibilizar e rodar os programas usados na análise dos dados da dissertação.

A CAPES, pela bolsa de estudos concedida.

À Universidade Federal do Pará – UFPA e Universidade Federal Rural da Amazônia – UFRA, pela possibilidade de agregar importantes conhecimentos.

À Embrapa Amazônia Oriental pela cessão dos dados zootécnicos dos animais.

À APCB e aos produtores das fazendas comerciais participantes do Programa de Melhoramento Genético, parceria APCB/Embrapa/UFRA.

À ARPP pela cessão dos registros oficiais.

Aos estagiários da EMBRAPA do Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos do Estado do Pará pela ajuda com a organização dos dados.

À minha amiga Larissa Coelho Marques pela ajuda na organização dos dados e apoio nessa jornada.

Ao professor Dr. Ricardo José Gunski pelas correções e contribuições no trabalho.

A todos os que contribuíram de alguma forma para a realização deste trabalho.

RESUMO

O trabalho aplica estudos de genética quantitativa aos registros de búfalos do Estado do Pará, gerando respostas auxiliares aos criadores para a seleção e acasalamento dos animais. A análise de *pedigree* para estudo da variabilidade genética nos rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético foi estimada por meio dos cálculos dos parâmetros baseados na probabilidade de origem de gene, coeficiente de endogamia, parentesco e intervalo médio entre gerações, pelo *software* PEDIG®; do número efetivo de fundadores (N_{fun}), número efetivo de ancestrais (N_a) e intervalo de gerações pelo *software* PROB_ORIG.exe presente no pacote PEDIG®; do número efetivo de genomas remanescentes (N_g), calculado pelo *software* SEGREG.exe. Foram calculadas as estatísticas descritivas, a análise de variância e realizado o teste de Normalidade de Shapiro-Wilk por meio do pacote estatístico *Statistical Analysis System*. As estimativas de herdabilidade para a característica Peso ao Nascer (PN) foram obtidas por meio de inferência Bayesiana pelo programa GIBBS2F90.exe. Os valores genéticos foram obtidos por meio do programa BLUPF90.exe e a regressão das Diferenças Esperadas na Progenie sobre o ano de nascimento foi realizada pelo Excel *for Windows* para obtenção da tendência genética do PN. O N_{fun} foi igual a 28,6, o N_a igual a 22,8, o N_g igual a 11,2, a razão N_{fun}/N_a foi 1,25, indicando a diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos e a razão N_g/N_{fun} foi de 0,39. Apesar do intervalo de gerações de 12,5 anos, o número efetivo de gerações foi próximo a cinco. O número total de animais estudados considerados endogâmicos foi 33,4%, sendo a máxima encontrada de 40,8%, a média da endogamia entre os animais endogâmicos foi 10,4%, e o valor médio da endogamia no arquivo total foi 3,5%. O PN de bezerros bubalinos apresentou média e desvio padrão de $36,6 \pm 4,7$ kg. A característica PN não apresentou distribuição Normal, com valor de $W=0,976271$ e $P < W=0,000$, conforme mostrou o teste de normalidade de Shapiro-Wilk. O modelo considerado na Análise de Variância mostrou-se significativo a $P < 0,0001$, onde 30% da variação existente no PN pode ser explicada pelos efeitos considerados no modelo, e os outros 70% correspondem a diferenças genéticas e ambientais não consideradas no estudo. Somente os efeitos de composição racial, sexo e ano de nascimento foram significativos ($P < 0,01$) sobre a característica PN. A distribuição da estimativa de herdabilidade direta apresentou-se platicúrtica e com maior assimetria, tendo uma distribuição bimodal com a primeira moda próxima a 0,10 e a segunda próxima a 0,30; a materna apresentou-se trimodal, com picos bem próximos ao valor de 0,15 e outro menos

evidente próximo a 0,20. A tendência genética do PN mostrou-se negativa (-0,008kg/ano), porém próxima a zero, ainda que a tendência fenotípica tenha sido positiva (0,156kg/ano). A adoção de acasalamentos otimizados com controle de parentesco seria uma saída para controlar endogamia e, conseqüentemente, a perda de variabilidade genética, que deve ser trabalhada com base nas estimativas de herdabilidade direta e materna.

Palavras-chave: Melhoramento Genético. Análise de *pedigree*. Variabilidade Genética. Peso ao nascer. Herdabilidade.

ABSTRACT

This work applies studies of quantitative genetics to the buffalo registry for the Pará State (Brazil) and provides information that can assist farmers in animal mating and selection. For the study of genetic variability in the herds of Genetic Improvement Program, pedigree analysis was estimated with parameter calculations based on probability of gene origin, endogamy coefficient, kinship coefficient and average generation interval, using the PEDIG® software; effective number of founders (N_{fun}), effective number of ancestors (N_a) and generation interval, using the PROB_ORIG.exe software, which is included in PEDIG®; and effective number of remaining genomes (N_g) was obtained with the SEGREG.exe software. Statistics descriptive and variance analysis were calculated, and the Shapiro-Wilk test for Normality was completed using the *Statistical Analysis System* package. The heritability estimates for Birth Weight (PN) were found through Bayesian inference with the GIBBS2F90.exe software. The genetic values were obtained using the BLUPF90.exe software, and the regression of Expected Progeny Differences for year of birth was determined by *Excel for Windows* to assess PN genetic trend. N_{fun} was 28.6, N_a was 22.8, N_g was 11.2, the N_{fun}/N_a was 1.25, showing a reduction in the number of reproducers across time, and the N_g/N_{fun} rate was 0.39. Despite the generation interval of 12.5 years, the maximum effective number of generations was five. In the study, total number of animals that were considered endogamous was 33.4%, and the highest endogamy was found to be 40.8%. Average coefficient of endogamy among endogamous animals was 10.4%, and the general mean was 3.5%. The PN of buffalo calves yielded an average and a standard deviation of 36.6 ± 4.7 kg. PN did not present Normal Distribution, $W=0.976271$ and $P<W=0.000$, according to the Shapiro-Wilk test for normality. The model that was considered for variance analysis was significant at $P<0.0001$, where 30% of the existing variance in PN can be accounted for by the effects considered in the model, and the remaining 70% correspond to genetic and environmental differences that were not taken into account in the study. Only the effects of racial composition, sex and year of birth were significant ($P<0.01$) on PN. The distribution of direct heritability estimates revealed platykurtic and greater asymmetry, with a bimodal distribution where the first mode was near 0.10, and the second near 0.30; maternal heritability estimate was trimodal, with peaks very close to 0.15 and other, less outstanding, near 0.20. PN genetic trend was negative (-0.008kg/year), near zero, although the phenotypic trend was positive (0.156kg/year). Optimized matings, with kinship control, might be a

solution to monitor endogamy and, consequently, the loss of genetic variability, which must be explored and take into account the estimates for direct and maternal heritability.

Keywords: Genetic Breeding. Pedigree Analysis. Genetic Variability. Birth weight. Heritability.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

INTRODUÇÃO	FIGURA 1	Distribuição do efetivo de bubalinos no Brasil no ano de 2007.	13
	FIGURA 2	Efetivo de Bubalinos, segundo os maiores efetivos municipais – Brasil – 2007.	13
CAPÍTULO 1	FIGURA 1	Número de animais com data de nascimento conhecida, por década, no arquivo genealógico estudado.	36
	FIGURA 2	Número de animais nascidos, por composição racial, no arquivo genealógico estudado.	37
	FIGURA 3	Número médio de ancestrais no <i>pedigree</i> dos búfalos por ano de nascimento e sexo.	41
	FIGURA 4	Número de gerações equivalentes no <i>pedigree</i> dos búfalos por ano de nascimento e sexo.	42
CAPÍTULO 2	FIGURA 1	Histograma da distribuição dos 566 registros de peso ao nascer de bubalinos do Estado do Pará.	51
	FIGURA 2	Distribuição marginal posterior da herdabilidade direta do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.	54
	FIGURA 3	Distribuição marginal posterior da herdabilidade materna do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.	54
	FIGURA 4	Tendência genética do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.	56
	FIGURA 5	Tendência fenotípica do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.	56

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1	TABELA 1	Intervalos de geração médios, em anos, nas quatro passagens gaméticas.	38
	TABELA 2	Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Mediterrâneo, Murrah e seus mestiços.	39
	TABELA 3	Contribuição acumulada dos dez principais indivíduos analisados.	40
CAPÍTULO 2	TABELA 1	Estatística descritiva do peso ao nascer de búfalos do Estado do Pará.	50
	TABELA 2	Média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max) das variâncias genéticas aditiva (σ^2_a) e materna (σ^2_m), e das estimativas de herdabilidade direta (h^2_d) e materna (h^2_m) para a característica PN, após análise do programa Gibanal.	53

SUMÁRIO

	Página
1 INTRODUÇÃO	12
2 OBJETIVOS	16
2.1. GERAL	16
2.2. ESPECÍFICOS	16
3 REVISÃO DE LITERATURA	17
3.1 ANÁLISE DE PEDIGREE	17
3.1.1 Endogamia e Tamanho Efetivo da População (N_e)	17
3.1.2 Depressão Endogâmica	18
3.1.3 Parâmetros Baseados na Probabilidade de Origem do Gene	20
3.2 PESO AO NASCER	21
REFERÊNCIAS	26
4 CAPÍTULO 1 – Análise de <i>pedigree</i> aplicada a rebanhos de búfalos do Estado do Pará	33
4.1 INTRODUÇÃO	34
4.2 MATERIAL E MÉTODOS	35
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
4.4 CONCLUSÃO	43
REFERÊNCIAS	44
5 CAPÍTULO 2 – Estudo da estimação de parâmetros e tendências genéticas da característica peso ao nascer em búfalos do Estado do Pará	47
5.1 INTRODUÇÃO	48
5.2 MATERIAL E MÉTODOS	48
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
5.4 CONCLUSÃO	57
REFERÊNCIAS	58
6 CONCLUSÕES	61

ANÁLISES QUANTITATIVAS APLICADAS À SELEÇÃO E ACASALAMENTO DE BÚFALOS NA AMAZÔNIA ORIENTAL

1. INTRODUÇÃO

O búfalo é um animal de tripla aptidão, produzindo carne, leite e trabalho. É de conhecimento geral a elevada rusticidade desses animais e sua capacidade de adaptação aos solos de baixa fertilidade, terrenos alagadiços, sendo capazes de converter alimentos de baixa qualidade em carne e leite (RAMOS, 2002; MARQUES et al., 2006). Os búfalos apresentam longevidade incomparável e grande possibilidade de ocupar regiões que são inadequadas para a criação de bovinos e outros ruminantes (RAMOS, 2002; AMARAL; ESCRIVÃO, 2005; MADELLA-OLIVEIRA et al., 2005).

A história do búfalo doméstico (*Bubalus bubalis*) teve sua origem na Ásia. Essa espécie foi levada para África, mais tarde introduzida na Europa e recentemente na América. No Brasil, a sua introdução ocorreu em 1895, com animais da raça Mediterrâneo provenientes da Itália, na Ilha de Marajó-PA, Brasil, através do criador Vicente Chermont de Miranda. Daí em diante iniciaram-se várias importações de lotes de búfalos para diversas regiões brasileiras, expandindo-se principalmente por toda a região Amazônica, a qual abriga boa parte do rebanho brasileiro (MARQUES et al., 2006; LOURENÇO JUNIOR; GARCIA, 2008).

A criação de búfalos vem se disseminando mundialmente devido à superioridade econômica que pode apresentar em relação a outros ruminantes domésticos, principalmente a rusticidade e adaptação às variadas condições climáticas e de manejo. Segundo Bernardes (2007), o crescimento acumulado do rebanho entre 1961 e 2005 foi de surpreendentes 1.806%, sem paralelo com a evolução de outras espécies de interesse econômico exploradas no país, destacando-se ainda que, no Mundo, segundo a FAO, o rebanho bubalino cresceu nos períodos de 1961-1980 e 1980-2005, respectivamente 38% e 43% e o bovino, 29% e 11%.

O crescimento do rebanho de búfalos no Brasil tem sido rápido e significativo. Segundo os dados mais recentes do IBGE (2008), o Brasil apresentava um rebanho bubalino de 1.131.986 cabeças em 2007. De acordo com as estatísticas, esses animais se distribuem

pelas cinco regiões do país, como mostra a FIGURA 1 abaixo, e tem como os principais criadores, os dez municípios apresentados na FIGURA 2.

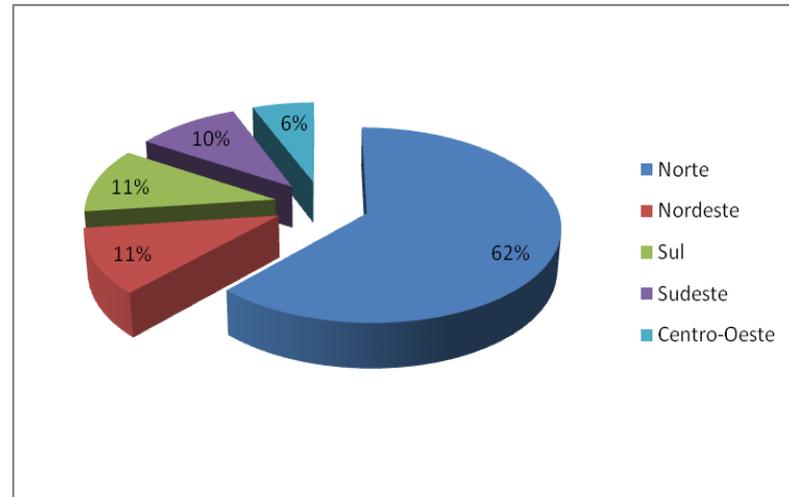


FIGURA 1 Distribuição do efetivo de bubalinos no Brasil no ano de 2007.
Fonte: IBGE (2008), adaptado

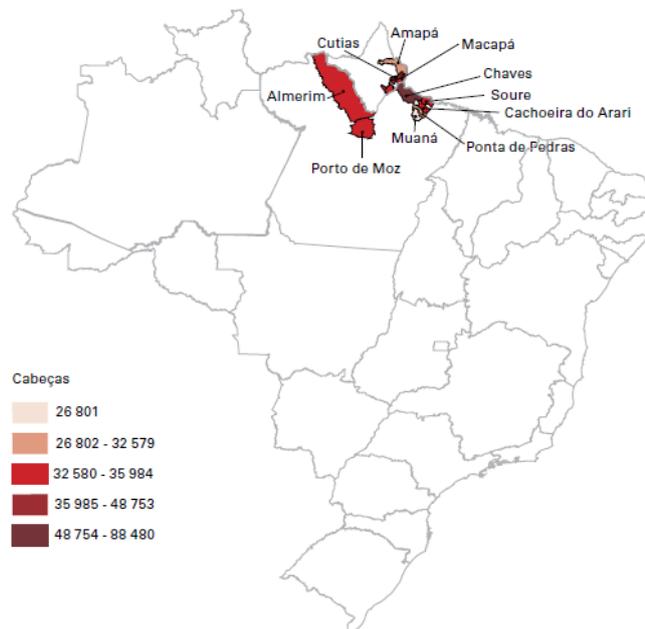


FIGURA 2 Efetivo de Bubalinos, segundo os maiores efetivos municipais – Brasil – 2007.
Fonte: IBGE (2008)

Apesar do número expressivo de animais no Estado, as ações efetivas em melhoramento animal são reduzidas. Os primeiros trabalhos foram desenvolvidos na década de 60 pela Embrapa Amazônia Oriental, na época ainda IAN, seguidos de outras iniciativas de estudo da espécie pelo Prof. Dr. J.B. Villares (FMVZ-UNESP, Botucatu-SP) na década de 70, com colaboração da Associação Brasileira de Criadores de Búfalos – ABCB. Em documento

denominado Programa Nacional de Pesquisa (803): diversificação agropecuária – bubalinos (1988) foram destacadas como áreas prioritárias de pesquisa (em ordem): nutrição animal, utilização e melhoramento de pastagens, sistemas de produção, sanidade, tração animal, melhoramento genético animal (MGA), dentre outras, sendo que dentro do MGA, as prioridades seriam o estudo de fontes de variação e parâmetros genéticos, os cruzamentos e as provas de desempenho e testes de progênie (CPATU, 1988). No tocante ao MGA, estudos sobre cruzamentos e alguns parâmetros genéticos foram realizados, bem como o delineamento de Provas de Ganho de Peso e Teste de Progênie, porém muito mais pode ser feito, relacionando todas as ações de maneira integrada.

Segundo Euclides Filho (2000), iniciativas isoladas foram tomadas desde a década de 1950. De acordo com o autor, em 1958 foram iniciadas as provas de ganho de peso na Estação Experimental de Criação de Sertãozinho. Em fins dos anos 1970, pesquisadores no Estado de São Paulo fizeram uma avaliação global dessas provas e observaram ganhos médios de peso para as raças Mediterrâneo, Jafarabadi e Murrah em 140 dias de confinamento.

Marcondes, Marques e Cunha (2008) complementam que até a década de 1980, estas foram as ações para identificação e seleção de búfalos de corte. Com respeito à produção leiteira, os autores citam que até 1980, as avaliações e seleção vinham sendo feitas com base na produção de leite individual. Após esta data, iniciaram-se as seleções com base na capacidade mais provável de produção das búfalas, avaliações estas que, em alguns casos isolados, evoluíram para o uso de modelos mistos com estimativas de BLUP e, mais recentemente, o uso de modelo touro e modelo animal.

No ano de 2004 (RAMOS et al., 2004) foi lançado o segundo Sumário de Touros Bubalinos para produção de carne e leite, com base em 11.883 lactações e 7.808 controles de peso. Comparando-se com apenas dois dos programas de melhoramento desenvolvidos no país para a raça Nelore, em 2000, onde cerca de 1.846.663 e 874.624 animais participaram da matriz de parentesco, naquele ano e respectivamente, percebe-se que muito ainda tem que ser feito na espécie para se conseguir parâmetros e avaliações genéticas consistentes (MARCONDES; MARQUES; CUNHA, 2008).

A disponibilidade de estimativas de componentes de (co)variâncias e herdabilidades acuradas, que são obtidas a partir dos dados das pesagens dos animais, é essencial para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético animal, segundo Yokoo et al. (2007). Esses parâmetros genéticos são característicos de cada população e podem sofrer alterações, em consequência de seleção, mudanças no manejo, métodos e modelos de estimação, entre outras causas. Outro aspecto importante para o melhoramento genético

animal é o estudo das informações de *pedigree* na avaliação de diversidade genética e estrutura populacional (FARIA et al., 2001a e b, 2002; VERCESI FILHO et al., 2002). Estas informações de *pedigree* permitem elucidar os fatores que afetam o histórico genético dos rebanhos.

Estudos que busquem caracterizar de modo mais amplo e consistente a capacidade genética dos bubalinos paraenses são essenciais como suporte ao Programa de Melhoramento Genético, parceria APCB/Embrapa/UFRA, que tem como respaldo financeiro projetos financiados pelo Universal-CNPq, FAPESPA e Macroprograma (Embrapa), além dos criadores envolvidos no trabalho.

2 OBJETIVOS

2.1 GERAL

Aplicar estudos de genética quantitativa aos registros de bubalinos do Estado do Pará, gerando respostas auxiliares aos criadores para a seleção e acasalamento dos animais.

2.2 ESPECÍFICOS

2.2.1. Formatar arquivos genealógicos e de dados para análise conjunta dos animais da Embrapa Amazônia Oriental e de fazendas comerciais parceiras;

2.2.2. Proceder à análise de *pedigree* para estudo da variabilidade genética nos rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético, parceria APCB/Embrapa/UFRA;

2.2.3. Obter estimativas de herdabilidade para a característica Peso ao Nascer, em bubalinos do Estado do Pará;

2.2.4. Estimar as tendências fenotípica e genética do Peso ao Nascer, em bubalinos do Estado do Pará.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 ANÁLISE DE *PEDIGREE*

3.1.1 Endogamia e Tamanho Efetivo da População (N_e)

O parentesco médio entre os indivíduos numa população depende do tamanho da população e ficará melhor estimado quando se considerar o maior número possível de ancestrais de um indivíduo (POGGIAN, 2008). De acordo com a autora, a consequência principal do fato de dois indivíduos terem um ancestral comum é que os dois podem carregar réplicas de um dos alelos presentes no ancestral. Se dois alelos são originados da cópia de um alelo apenas, numa geração anterior, podem ser chamados de “idênticos por descendência”, ou “idênticos”.

Falconer e Mackay (1996) citam que a identidade por descendência é a base da mensuração do processo dispersivo, de acordo com o parentesco entre os pares acasalados. Esta medida é conhecida como coeficiente de endogamia (F), e é a probabilidade de dois alelos, em determinado loco de qualquer região cromossômica em um indivíduo, serem idênticos por descendência. De acordo com Breda et al. (2004), o valor do coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, maior a probabilidade de acasalamentos de indivíduos aparentados e de acréscimo no coeficiente de endogamia.

Pereira (2008) destaca como efeito principal da consanguinidade o aumento da homozigose no rebanho e, em consequência, redução da heterozigose, sendo este efeito tanto maior quanto maior for o parentesco entre os indivíduos que se acasalam. De acordo com o autor, as principais vantagens da endogamia seriam: o aumento da homozigose, permitindo fixar e retirar o tipo desejado e a seleção mais eficiente pela separação da população em famílias diferentes, facilitando a eliminação das piores, além de formar linhagens consanguíneas distintas que quando acasaladas entre si contribuem para aumentar a heterose em características econômicas.

O número efetivo ou tamanho efetivo da população (N_e), representa o número de indivíduos que daria origem à taxa de consanguinidade ou incremento da consanguinidade

apropriado para as condições consideradas, caso os indivíduos se acasalassem em uma população ideal (PAIVA, 2006). Segundo o autor, o tamanho efetivo da população é inversamente proporcional a taxa de aumento de endogamia média da população. Assim, o N_e é um importante parâmetro populacional porque serve de “termômetro” para avaliar os níveis de endogamia, sendo um indicativo da variabilidade genética presente em uma população com número equivalente de animais não aparentados (WEIGEL, 2003).

Para Muir (2000) e Carneiro et al. (2006), o primeiro impacto da endogamia é a perda de alelos atribuída à deriva genética. Estes relatam que, entre os principais fatores que influenciam a resposta à seleção, além do tamanho efetivo da população, estão a acurácia e a intensidade de seleção. Frequentemente, estudos indicam que a resposta ótima à seleção pode ser obtida maximizando-se estes fatores. Entretanto, nem todos os fatores podem ser maximizados simultaneamente. O aumento na intensidade de seleção, por exemplo, provoca decréscimo no tamanho efetivo da população e, conseqüentemente, na resposta à seleção. Da mesma forma, o aumento na acurácia da seleção pelo uso de índices de família ou BLUP também reduz o tamanho efetivo da população, ocasionando aumento mais rápido na taxa de endogamia.

Segundo Paiva (2006), quando reprodutores são acasalados com várias fêmeas, a redução no tamanho efetivo da população é proporcional ao aumento na relação fêmea:macho. O tamanho efetivo da população é afetado pela geração com menor número de animais. De acordo com o autor, a diferença entre o número de filhos que um reprodutor deixa, afeta o tamanho efetivo da população.

Tanto a endogamia, como o tamanho efetivo da população, são parâmetros de importância para delinear programas de melhoramento. A redução do tamanho efetivo populacional deve ser considerada e avaliada nestes programas, permitindo o seu monitoramento e manutenção em níveis aceitáveis para condução dos mesmos, já que deles depende a manutenção da variabilidade genética presente na população a ser utilizada nas futuras gerações (VIEIRA, 2004).

3.1.2 Depressão Endogâmica

O aumento da homozigose devido a ascendentes comuns nascidos desde o ano base (endogamia), é medido pelo Coeficiente de Endogamia. A sua importância nas espécies

domésticas está relacionada com a probabilidade acrescida de uma diminuição na performance de caracteres com importância econômica, viabilidade e produção. Este efeito, conhecido por Depressão pela Endogamia, é o resultado de uma diminuição na heterozigose e de um aumento na frequência de genes deletérios recessivos na população. Outro aspecto importante resultante do aumento da homozigose é a perda de variabilidade genética e consequente diminuição das oportunidades para seleção (SWALVE; ROSNER; WEMHEUER, 2003).

De acordo com Carvalheiro e Pimentel (2004), a depressão endogâmica é uma consequência do aumento da homozigose. É a manifestação de combinações gênicas desfavoráveis e ela normalmente é interpretada como o efeito inverso da heterose (combinações gênicas favoráveis).

Reis Filho (2006) cita que as possíveis causas da depressão endogâmica são: segregação de genes recessivos que só possuem efeitos desfavoráveis em estado de homozigose; frequências reduzidas de genótipos heterozigotos (havendo sobredominância, ou seja, interação favorável de alelos no mesmo loco, a redução da heterozigose se associa a uma menor viabilidade) e interação entre genes situados em diferentes locos, ou seja, efeito epistático.

O efeito da endogamia sobre características de importância econômica em gado de corte, segundo Vozzi (2004), foi extensivamente revisado por Burrow (1993), mostrando que a endogamia do indivíduo tem efeito adverso consistente sobre as características de crescimento desde o nascimento até a maturidade.

Oliveira, Bastos e Tonhati (1999) relataram pequena depressão nos pesos ao nascer e aos 8, 12, 18 e 24 meses de animais da raça Guzerá, bem como Queiroz, Albuquerque e Lanzoni (2000) encontraram efeito sobre os pesos à desmama e aos 365 dias na raça Gir. Falcão et al. (2001) verificaram redução no peso ao nascer e acréscimo no intervalo de partos em animais da raça Pardo-Suíça. Influência negativa da endogamia sobre os valores genéticos das características, reduzindo a produção total de leite e duração da lactação e aumentando a idade ao primeiro parto e intervalo de partos, foi relatada para o ecótipo Mantiqueira (SILVA et al., 2001).

3.1.3 Parâmetros Baseados na Probabilidade de Origem do Gene

Segundo Vozzi (2004), um alelo autossômico amostrado aleatoriamente de qualquer indivíduo tem 50% de probabilidade de ter sido herdado de seu pai ou mãe, e 25% de probabilidade de ter sido herdado de qualquer um de seus quatro avós. Por meio dessa regra, de acordo com o autor, pode-se tratar o *pedigree* de qualquer indivíduo e estimar a probabilidade de origem deste alelo de qualquer um de seus antepassados.

Lacy (1989), com intuito de mensurar a representação alélica dos fundadores, levando em conta a redução da variabilidade em função de contribuições desiguais, propôs a determinação do Número Efetivo de Fundadores (Nf), o qual indica o número de animais fundadores com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada.

De acordo com Vozzi (2004), animal fundador é definido como um ancestral sem genealogia conhecida, portanto se um animal tiver um pai desconhecido no *pedigree*, este último será considerado como fundador. Quando este procedimento é aplicado em uma população e as probabilidades são acumuladas por fundador, cada fundador será caracterizado pela contribuição esperada no *pool* gênico presente na população. O autor prossegue relatando que, quando cada fundador possui a mesma contribuição esperada na população, o Número Efetivo de Fundadores (Nf) é igual ao Número de Fundadores (Nfun).

O número de fundadores com igual contribuição que não teria perda de alelos fundadores e que produziria a mesma diversidade genética da encontrada na população estudada é representado pelo Número de Genomas Remanescentes (Ng) (BOICHARD; MAIGNEL; VARRIER, 1997). O Ng, segundo os autores, quantifica os genes fundadores que foram mantidos na população para um determinado loco. Sua estimativa leva em consideração todas as causas de perda de genes durante a segregação meiótica.

Outros parâmetros úteis ao estudo de diversidade genética em populações naturais e domesticadas sob análise de *pedigree* são: o Coeficiente de Endogamia (F), Tamanho Efetivo da População (Ne) e Número Efetivo de Ancestrais (Na). Sendo que o Número Efetivo de Ancestrais (Na) determina o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população sob estudo (BOICHARD; MAIGNEL; VARRIER, 1997).

Segundo Boichard, Maignel e Varrier (1997), a evolução do F e o N_e derivado dele é útil para maiores períodos de tempo, já que estes parâmetros apresentam maior sensibilidade à qualidade do *pedigree*, sendo afetados por possíveis erros nas genealogias dos animais.

Além dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, a razão entre o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais (N_f/N_a) pode ser considerada como uma medida de aumento ou diminuição do número de reprodutores entre períodos (VOZZI, 2004). O autor prossegue afirmando que, do mesmo modo, a proporção entre o número efetivo de genomas remanescentes e o número efetivo de fundadores (N_g/N_f) é um indicativo do processo de deriva genética e, portanto, quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações.

A informatização e o maior controle da base de dados são importantes nos estudos de Melhoramento Genético Animal, já que uma genealogia completa, com dados de todos os parentes em várias gerações e os estudos populacionais são importantes para a implantação e condução dos programas de melhoramento.

3.2 PESO AO NASCER

Em mamíferos, as características de crescimento são afetadas não somente pelo genótipo do animal (efeito direto), mas, também, pelos ambientes pré e pós-natal fornecidos pela mãe (efeito materno), determinados pelos genes para habilidade materna, além de fatores ambientais (HOHENBOKEN; BRINKS, 1971; ROBISON, 1981).

Segundo Ramos et al. (2009), medidas de desenvolvimento ponderal (pesos e ganhos de pesos) têm servido, tradicionalmente, como critério de seleção em programas de melhoramento de gado de corte no Brasil. Entretanto, outros critérios de seleção, buscando velocidade e precocidade de crescimento, sem aumentar o tamanho adulto dos animais, têm sido discutidos por pesquisadores e selecionadores. Dentre as diversas propostas, podem ser citadas: seleção para alterar a curva de crescimento (FITZHUGH JÚNIOR, 1976); seleção para animais pesados à idade jovem e descarte posterior de animais de maior peso adulto (LANNA, 1997) e, à semelhança da suinocultura, dias para o animal ganhar determinado peso (FRIES; BRITO; ALBUQUERQUE 1996; MARCONDES et al., 2000).

As características de crescimento são muito importantes em qualquer programa de seleção. O conhecimento da influência materna em características pré e pós-desmama é

fundamental, quando se objetiva a formulação de Programas de Melhoramento Genético. Quando se analisam dados de bovinos de corte, não somente é necessária a diferenciação de fatores genéticos e ambientais, mas também a parte genética tem que ser separada em efeitos diretos e maternos. O problema principal para entender a variação genética é a relação entre efeito direto e materno, pois o antagonismo entre eles poderia ter consequências para o Programa de Melhoramento (FERNANDES; FERREIRA, 2000).

Em bubalinos, assim como nas demais espécies animais, o peso ao nascer (PN) constitui característica produtiva de elevada importância zootécnica, em virtude de sua relação com a taxa de sobrevivência ao desmame e com o peso nas demais fases de desenvolvimento do animal. Segundo Nogueira, Cardoso e Mattos (1997), bezerros bubalinos que apresentam maiores pesos ao nascimento tendem a ganhar peso mais rapidamente antes e depois do desmame. De acordo com Pereira (2008), é uma característica de ampla variação, o que torna necessário medir o quanto dessa variação é de natureza genética e o quanto é de natureza ambiental.

O peso ao nascer é também uma das primeiras expressões fenotípicas do genótipo individual e pode ser utilizado como auxílio na seleção precoce de animais em programas de melhoramento genético animal. Nesse sentido, o conhecimento da herdabilidade (h^2) é fundamental para definição do esquema de seleção mais adequado (LOPES et al., 2008).

Para um eficiente programa de seleção, torna-se indispensável o conhecimento de herdabilidades e correlações genéticas visto que, tais parâmetros fornecem informações importantes sobre a natureza genética das diferentes características avaliadas. Além disso, estes parâmetros são ferramentas necessárias para predição das respostas diretas e correlacionadas à seleção, bem como na formulação de índices e escolha dos métodos de seleção mais adequados (BALIEIRO, 2008).

Cassiano et al. (2004), em estudos com o PN em bubalinos, obteve correlações genéticas positivas para todas as raças, afirmando que ao selecionar em relação ao aumento no PN, está se aumentando também o intervalo entre partos (IEP). As correlações genéticas entre IEP e PN foram negativas nas raças Jafarabadi e Carabao, possivelmente pelo fato de as búfalas que pariram bezerros mais pesados serem exatamente aquelas que estavam em melhor estado nutricional. No entanto, nas raças Murrah e Mediterrâneo, essa correlação entre IEP e PN foi positiva, o que está de acordo com os dados de Mariante e Zancaner (1985), obtidos num rebanho Nelore.

No estudo de Meyer, Carrick e Donnelly (1993), estimativas de componentes de variância, devido aos efeitos diretos e maternos para peso ao nascer, desmama, sobreano e

peso final foram obtidas com um modelo animal. Ambos os efeitos, genético materno e efeito ambiental permanente, afetaram os diferentes pesos, com exceção do peso final.

Na Índia, Asker e Ragab (1952), observaram efeito significativo do sexo sobre o peso ao nascer, observando uma média de 38,37 kg e 36,29 kg para machos e fêmeas, respectivamente. Tomar e Desai (1967), trabalhando com animais de raça Murrah observaram uma média do peso ao nascer de 30,00 kg. Efeito significativo do sexo sobre o peso ao nascer foi observado por Hedge e Rai (1972), entretanto, Arunachalam, Lazarus e Anantakri-Shana (1952) e Aleksiev et al. (1967) não observaram diferenças significativas.

O sexo do bezerro constitui importante fonte de variação ($P < 0,01$) e afeta o peso ao nascer. Segundo Cassiano et al. (2003), a média na espécie bubalina de peso ao nascer foi de 32,79 kg, calculada com base em 2.300 animais. Dos efeitos fixos analisados, o sexo do bezerro afetou o PN. Contudo, Schammas et al. (1996), analisando o desenvolvimento ponderal de bubalinos da raça Mediterrâneo, obtiveram médias bem elevadas com PN iguais a 38,7 kg nos machos e 38,2 kg nas fêmeas. Com base nesses dados, os autores desconsideraram a influência do sexo no PN.

O peso médio dos bezerros machos ao nascimento ($34,16 \pm 4,41$ kg), de acordo com Lopes et al. (2008), foi superior ao peso médio das fêmeas ($32,93 \pm 4,97$ kg). Esses resultados são similares aos encontrados por Baruselli (1993), Balieiro, Balieiro e Valente (1996) e Das et al. (2004), que observaram maiores pesos médios observados nos bezerros machos.

Avaliando a importância do grupo genético de machos e fêmeas sobre o peso ao nascer em bubalinos, progênies de animais puros e 1/2 Jafarabadi, Murrah, Carabao, Mediterrâneo e Baio, Cassiano et al. (2003) verificaram que apenas o grupo genético dos machos determinou variação sobre a característica produtiva, uma vez que os reprodutores do tipo Baio apresentaram proles mais pesadas ao nascimento. Em trabalho realizado por Lopes et al. (2009), o peso ao nascer de bezerros bubalinos apresentou valor médio e desvio-padrão de $34,20 \pm 5,02$ kg, porém segundo os autores, o grupo genético da búfala não foi considerado importante fonte de variação ($P > 0,05$) sobre o peso ao nascer de bubalinos.

O PN sofreu influência altamente significativa do mês de nascimento, segundo Cassiano et al. (2003). De acordo com os autores, os maiores PN foram observados de janeiro a maio, visto que as búfalas tiveram no seu terço final de gestação maior disponibilidade de comida. Isso reflete a influência ambiental nesta característica. A ordem de parição foi significativa para o PN. As búfalas atingiram seu ponto ótimo da quinta à sétima parição, pois neste período produziram bezerros maiores, além de melhores índices de Peso Sobreano e IEP.

Em trabalho realizado por Lopes et al. (2008), o grupo de contemporâneos teve influência significativa ($P < 0,01$) sobre o peso ao nascer de bezerros bubalinos. No entanto, as variações desta característica foram aleatórias ao longo dos anos e não obedeceram a uma ordem crescente ou decrescente, o que provavelmente reflete o sistema extensivo de criação praticado no Centro de Pesquisa, no qual possíveis diferenças climáticas e de disponibilidade de pasto interferiram diretamente nas condições nutricionais e fisiológicas dos animais, causando maiores impactos nas fêmeas ao terço final da gestação e, conseqüentemente, no peso inicial dos bezerros, uma vez que é no terço final da gestação que ocorre maior desenvolvimento fetal, portanto, maior exigência nutricional.

Yadav et al. (2001), estudando nove diferentes períodos, também observaram forte influência desta variável sobre o peso ao nascer. No estudo dos autores, a idade das fêmeas, como efeito linear, não influenciou ($P > 0,05$) o peso da cria ao nascimento. Por outro lado, o peso da matriz pós-parto foi considerado importante causa de variação e teve influência significativa ($P < 0,01$) sobre o peso inicial dos bezerros.

De acordo com Lopes et al. (2008), por meio da análise de regressão, pode-se verificar que o peso ao nascer de bezerros bubalinos pode ser estimado considerando o peso da búfala pós-parto. O peso médio pós-parto da búfala e o desvio-padrão observados neste estudo foram de $538,70 \pm 72,77$ kg. Schammas et al. (1996) relataram que o peso ao nascer depende do peso da fêmea após a cobertura. Soysal, Tuna e Gürçan (2005) afirmaram que esta característica é influenciada pelo peso corporal das fêmeas durante a gestação.

Os valores de herdabilidade do peso ao nascer encontrados na literatura variam de 0,10 a 0,63 (BALIEIRO; BALIEIRO; VALENTE, 1996; GÓMEZ; MUNÓZ; LUGO, 2007), o que sugere a necessidade de mais estudos sobre esta característica para definição do quanto é influenciada pelo manejo e do quanto é influenciada pelos aspectos genéticos.

Balieiro, Balieiro e Valente (1996), em rebanho com animais das raças Murrah, Jafarabadi e Mediterrâneo, observaram herdabilidade de $0,10 \pm 0,07$, indicando que, neste caso, a maior parte da variação seria consequência de fatores ambientais.

A herdabilidade estimada para peso ao nascer de bubalinos mestiços, no estudo de Lopes et al. (2008), foi igual a $0,60 \pm 0,12$, um valor alto, que indica que esses animais provavelmente responderiam bem à seleção para o peso, dada a resposta correlacionada do PN com os pesos nas outras idades.

Outros valores de alta, moderada e baixa magnitude foram observados em trabalhos envolvendo herdabilidade para o peso ao nascer em bubalinos de diferentes raças. No estudo de Cassiano et al. (2004) observou-se que a raça Murrah foi a que apresentou maior

estimativa de h^2 , 0,62, superando em muito as demais raças, que apresentaram índices de moderados a baixo. A raça Carabao apresentou h^2 de 0,39, ou seja, quase dois terços das diferenças estão relacionadas ao ambiente. As estimativas de h^2 do PN nas raças Jafarabadi e Mediterrâneo foram, respectivamente, iguais a 0,28 e 0,16, próximas ao valor de 0,14 encontrado por Mahdy, El-Shafie e Ayyat (1999), em búfalos egípcios, indicando também que a maior parte da variação seria consequência de fatores ambientais.

As informações sobre parâmetros genéticos para características de crescimento em búfalos são escassas. Gómez, Munõz e Lugo (2007) citaram estimativas de herdabilidade em búfalos para peso ao nascimento e aos oito meses de 0,63 e 0,37, respectivamente. De acordo com os autores, a herdabilidade dos parâmetros de crescimento em búfalos tem baixa variabilidade com respeito ao manejo e a alimentação, assim como outros fatores ambientais que afetam drasticamente a produção de leite. Isto sugere que o melhoramento genético para parâmetros de crescimento é viável.

Barbosa et al. (2006) avaliaram as fontes não-genéticas de variação e estimaram a herdabilidade do peso ao nascer de 557 bezerros, filhos de touros Murrah e matrizes de diferentes grupos genéticos das raças Murrah e Mediterrâneo, da Embrapa de Porto Velho-RO (CPAFRO). Os efeitos de grupo racial da mãe e idade ao parto não foram significativos ($P > 0,05$), enquanto os efeitos de sexo do bezerro ($P < 0,05$), grupo de contemporâneos ($P < 0,01$) e peso da mãe no pós-parto ($P < 0,01$) foram significativos. A herdabilidade foi estimada em $0,60 \pm 0,12$, superior aos valores encontrados por Yadav et al. (2001) de $0,46 \pm 0,12$ e outros encontrados no site de parâmetros genéticos do CSIRO (AAABG, 2010), porém estimados por análise de meio-irmãos paternos.

A importância do estudo dos fatores de herança das características produtivas, como o peso ao nascer, está relacionada à sua utilização na seleção indireta para pesos em outras idades em bubalinos, constituindo, assim, característica produtiva de elevada importância zootécnica. Sem deixar de considerar que os parâmetros genéticos encontrados na literatura são muito distintos e dependentes dos modelos de análise, métodos de estimação e da população estudada, o que implica na necessidade de mais estudos relacionados à característica peso ao nascer.

REFERÊNCIAS

ALEKSIEV, A. I. et al. Effect of some factors on birth weight of calves an buffaloes calves. **Zhivotnovdini Naouki**, v. 4, n.4, p.3-13, 1967.

AMARAL, F. R.; ESCRIVÃO, S. C. Aspectos relacionados à búfala leiteira. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 29, n. 2, p. 111-117, 2005.

ARUNACHALAM, T. V.; LAZARUS, A. J.; ANANTAKRI-SHANA, C. P. Observations on some Indian cattle. III - factors influencing the gestation period and birth weight of murrh buffaloes. **Indian Journal Dairy Science**, v. 5, n.2, p.117-123, 1952.

ASKER, A. A.; RAGAB, M. T. Causer of variation in birth weight of Egyptian cattle an buffaloes. **Indian Journal Veterinary Science**, v. 22, n.3, p.265-272, 1952.

BALIEIRO, C. C. **Aspectos genéticos e fenotípicos de características produtivas, temperamento e repelência em bovinos da raça Nelore**. 2008. 47f. Dissertação (Mestrado) Faculdade de Zootecnia e Tecnologia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, 2008.

BALIEIRO, E. S.; BALIEIRO, J. C. C.; VALENTE, J. Fatores de meio e herança como causas de variação no peso ao nascimento de bubalinos (*Bubalus bubalis*, L.). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza, CE. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p.296-297.

BARBOSA, S. B. P. et al. Environmental and inherited factors as sources of variation in buffalo birth weight. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 8., 2006, Belo Horizonte, MG. **Proceedings...** Belo Horizonte: WCGALP, 2006.

BARUSELLI, P. S. et al. **Diagnóstico da bubalinocultura do Vale do Ribeira**. Campinas: Coordenadoria de Assistência Técnica Integral, 1993. v.94, 16p. (DocumentoTécnico).

BERNARDES, O. Bubalinocultura no Brasil: situação e importância econômica. **Revista Brasileira Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 31, p. 293-298, 2007.

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

BREDA, F. C. **Modelos de dimensão infinita para estimação de parâmetros genéticos da produção de leite de búfalos da raça Murrah**. 2008. 60f. Tese de Doutorado (Programa de Pós- Graduação em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa.

CARNEIRO, P. L. S. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.84-91, 2006.

CASSIANO, L. A. P. et al. Caracterização fenotípica de raças bubalinas nacionais e do tipo Baio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 11, p. 1337-1342, nov. 2003.

CASSIANO, L. A. P. et al. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.5, p.451-457, maio 2004.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E. C. G. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: WORKSHOP EM GENÉTICA E MEHORAMENTO NA PECUÁRIA DE CORTE, 2., 2004, Jaboticabal, SP. **Anais...** Jaboticabal: GEMPEC, 2004. 10p.

CPATU. Programa Nacional de Pesquisa – 803 – **Diversificação agropecuária: bubalinos**. Belém: Embrapa-CPATU, 88p, 1988. (Documentos; 48).

DAS, A. et al. Growth performance of swamp buffaloes of Assam from birth to 12 months of age. **Buffalo Buletin**, v.23, n.4. p.84-89, 2004.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil: fundamentos, história e importância**. 2000. Disponível em: <<http://www.cnpqg.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html>> Acesso em: 20 jan. 2010.

FALCÃO, A. J. S. et al. Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos da raça Pardo-Suiça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.83-92, 2001.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996. 464p.

FARIA, F. J. C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1984-1988, 2001. (Suplemento)a.

FARIA, F. J. C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Sindi registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p.1989-1994, 2001 (Suplemento)b.

FARIA, F. J. C. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v. 54, p.501-509, 2002.

FERNANDES, H. D.; FERREIRA, G. B. B. Estudo comparativo de sete diferentes modelos estatísticos para a característica ganho de peso em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 29, n. 5, p. 1340-1348, 2000.

FITZHUGH JÚNIOR, H. A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 42, n. 4, p. 1036-1051, 1976.

FRIES, L. A; BRITO, F. V.; ALBUQUERQUE, L. G. Possíveis conseqüências de seleção para incrementar pesos às idades-padrão vs. reduzir idades para produzir unidades de mercado. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza : Sociedade Brasileira de Zootecnia, p. 310-312, 1996.

GÓMEZ, D. A. A.; MUÑOZ, M. F. C.; LUGO, A. H. El búfalo como animal productor de carne: producción y mejoramiento genético. **Revista Lasallita de Investigación**, v. 4, n. 2, p. 43-49, 2007.

HEDGE, B. P.; RAI, A. V. Studies on reproduction in Murrah buffaloes in coastal Misoure. **Indian Journal Veterinary Science**, v. 49, n.11, p.1120-1125, 1972.

HOHENBOKEN, W. D.; BRINKS, J. S. Relationships between direct and maternal effects on growth in Herefords: partitioning of covariance between relatives. **Journal of Animal Science**, v. 32, p.26-34, 1971.

IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção da Pecuária Municipal**. Rio de Janeiro, v. 35, p.1-62, 2008.

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

LANNA, D. P. Fatores condicionantes e predisponentes da puberdade e da idade ao abate. In: SIMPÓSIO SOBRE PECUÁRIA DE CORTE, 4., 1996, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, p. 41-78, 1997.

LOPES, C. R. A. et al. Eficiência reprodutiva e influência de fatores de meio e de herança sobre a variação no peso ao nascer de bubalinos no estado de Rondônia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1595-1600, 2008.

LOURENÇO JUNIOR, J. B.; GARCIA, A. R. Panorama da Bubalinocultura na Amazônia. In: ENCONTRO INTERNACIONAL DA PECUÁRIA DA AMAZÔNIA – AMAZONPEC, 1, 2008, Belém. **Anais...** Belém-PA, 2008 (Palestra; CD-ROM).

MADELLA OLIVEIRA, A. F. et al. Aspectos da comercialização de carne e leite de bubalinos na região Norte Fluminense. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 29, n. 1, p. 53-54, 2005.

MAHDY, A. E.; EL-SHAFIE, O. M.; AYYAT, M. S. Genetic study and sire values for some economic traits in Egyptian buffaloes. **Alexandria Journal of Agricultural Research**, v.44, p.15-35, 1999.

MARCONDES, C. R. et al. Análise de alguns critérios de seleção para características de crescimento na raça Nelore. **Arquivo Brasileira Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52, n.1, p. 83-89, 2000.

MARCONDES, C. R.; MARQUES, J. R. F.; CUNHA, B. R. N. Melhoramento genético em bubalinos. In: ENCONTRO INTERNACIONAL DA PECUÁRIA DA AMAZÔNIA – AMAZONPEC, 1, 2008, Belém. **Anais...** Belém-PA, 2008 (Palestra; CD-ROM).

MARIANTE, A. da S.; ZANCANER, A. **Crescimento e reprodução do gado Nelore: visão do criador e do pesquisador**. São Paulo: Ed. dos Criadores, 1985. 152p.

MARQUES, J. R. F. et al. A Bubalinocultura no Brasil: criação, melhoramento e perspectivas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA, 16., 2006, Recife: PE. **Anais...** Recife: ZOOTEC, 2006. (Palestra; CD-ROM).

MEYER, K., CARRICK, M. J., DONNELLY, B. J. P. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. **Journal of Animal Science**, v.71, p.2614-2622, 1993.

MUIR, W. M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **American Society of Animal Science**, v.79, p.1-11, 2000.

NOGUEIRA, J. R. et al. Sistema de produção de bubalinos para carne em pastagens de capim colônião na região noroeste do Estado de São Paulo. **Boletim de Indústria Animal**, v.54, n.1, p.25-32, 1997.

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

PAIVA, A. L. C. **Endogamia na raça Holandesa no Brasil**. 2006. 49f. Dissertação de Mestrado (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

PEREIRA, J. C. C., **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 618p.

POGGIAN, C. F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para produção de leite**. 2008. 58 f. Dissertação de Mestrado (Curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, 2008.

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

RAMOS, A. A. (Ed.). **Contribuição ao estudo dos bubalinos: período de 1972-2001: palestras**. Botucatu: UNESP : FAPESP : FMVZ, 2002, 318p. Disponível em: <http://www.fmvz.unesp.br/bufalos/HPBufalos_files/Palestras_AAR/00%20PALESTRA2002%20%20CAPA.pdf>. Acesso em: 20 jan. 2010.

RAMOS, A. A. et al. Critérios de seleção (GND e D160) para velocidade de crescimento em bubalinos de corte. **Ciência Animal Brasileira**, v. 10, n. 3, p. 776-782, 2009.

RAMOS, A. A. et al. **PROMEBUL: sumário de touros bubalinos**. Botucatu: UNESP/FMVZ, 2004, 25p. (Boletim Técnico, 2)

REIS FILHO, J. C. **Endogamia na raça Gir**. 2006. 61f. Dissertação de Mestrado (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

ROBISON, O. W. The influence of maternal effects on the efficiency of selection: a review. **Live Production Science**, v. 31, p.179-204, 1981.

SCHAMMASS, E. D. et al. Desenvolvimento ponderal de bubalinos da raça Mediterrânea. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza. **Anais...** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. v. 1, p. 301-303.

SILVA, M. V. G. B. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1236-1242, 2001.

SOYSAL, M. I.; TUNA, Y. T.; GÜRCAN, E. K. An investigation on the water buffalo breeding in Danamandira Village of Silivri District of Istanbul Province of Turkey. **Journal of Ttekirdag Agricultural Faculty**, v.2, n.1, p.73-78, 2005.

SWALVE, H. H., ROSNER, F.; WEMHEUER, W. Inbreeding in the German Holstein cow population. In: EUROPEAN FEDERATION OF ANIMAL SCIENCE, 54., 2003, Rome. **Proceedings...** Rome, Italy, 2003. 17p.

TOMAR, S. P. S.; DESAI, R. N. Factors influencing the inheritance of birth weigh of buffalo calves on military farms. **Indian Veterinary Journal**, v. 44, n.7 p.694-701, 1967.

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.

VIEIRA, H. C. M. **Análise da estrutura genética de rebanhos da raça Guzerá de um programa de melhoramento genético**. 2004. 57f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

VOZZI, P. A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. 2004. 77f. Tese de Doutorado (Departamento de Genética) – FMRP-USP, 2004.

WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding. 2003. Disponível em: <http://www.wisc.edu/dysci/uwex/genetics/pubs/10_Controlling_Inbreeding.pdf>. Acesso em: 20 jan. 2010.

YADAV, B. S. et al. Murrah buffaloes. I. Birth weight. **Buffalo Bulletin**, v.20, n.2, p.29-31, 2001.

YOKOO, M. J. I. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para altura do posterior, peso e circunferência escrotal em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.6, p.1761-1768, 2007.

4 CAPÍTULO 1 – Análise de *pedigree* aplicada a rebanhos de búfalos do Estado do Pará

4.1 INTRODUÇÃO

O conhecimento da variabilidade genética é básico para o entendimento da dinâmica evolutiva das populações. Num programa de melhoramento genético é importante conhecer bem as fontes de variabilidade, com o objetivo de se reunir num só indivíduo características de interesse ao melhorista.

No melhoramento animal, o parentesco pressupõe semelhança de genótipos. Portanto, conhecendo o grau de parentesco entre dois indivíduos pode-se estimar o valor genético aditivo de um animal com base nas informações de outros animais e estimar ou prever a contribuição genética de determinados animais fundadores, genearcas, nas populações de reprodutores atuais (VIEIRA, 2004).

Um dos caminhos para descrever a variabilidade genética e sua evolução no tempo é por meio de análise de informações contidas nos pedigrees dos animais (BOICHARD; MAIGNEL; VARRIER, 1997). O método proposto por Lacy (1989) para populações de animais presentes em programas de conservação e Boichard, Maignel e Varrier (1997) para populações bovinas selecionadas, foi aplicado com sucesso na análise de diversidade genética de raças bovinas francesas, austríacas e nas raças zebuínas presentes no Brasil (MAIGNEL; BOICHARD; VARRIER, 1996; FARIA, 2002; VOZZI, 2004; MARCONDES et al., 2007), no entanto, nota-se a aplicação recente em bubalinos (MARCONDES et al., 2008; MARQUES et al., 2009).

Os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, como o número efetivo de fundadores, ancestrais e genomas remanescentes apresentam muita utilidade para descrever a estrutura populacional das raças após um pequeno número de gerações. Mudanças nos critérios de seleção podem ser detectadas pelos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene com importante sensibilidade (VOZZI et al., 2004).

Este trabalho objetivou estudar os registros genealógicos de animais das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiços provenientes de cinco rebanhos comerciais do Estado do Pará, além do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental, e estimar parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene e aqueles derivados dos níveis de endogamia.

4.2 MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizados registros de nascimento do período de novembro de 1964 a junho de 2009, de animais das raças Mediterrâneo, Murrah e mestiços pertencentes a cinco rebanhos comerciais do Estado do Pará, além do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental. Os registros oficiais foram disponibilizados pela Associação Rural da Pecuária do Pará (ARPP) e, também, por meio do site da Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB).

O arquivo de dados foi formatado em planilha do *software* EXCEL, presente no pacote Office 2007, contendo as colunas: Fazenda, Número do Animal, Número da Mãe, Número do Pai, Sexo, Ano de Nascimento, Composição Racial e Nome do Animal. Procedeu-se à renumeração prévia dos animais, evitando-se identificações semelhantes, ainda que para composições raciais distintas. Para a renumeração sequencial do arquivo foi utilizado o *software* Pedigree Viewer (<http://www-personal.une.edu.au/~bkinghor>).

Os parâmetros baseados na probabilidade de origem de gene, o coeficiente de endogamia, parentesco e o intervalo médio entre gerações foram calculados pelo *software* PEDIG® (BOICHARD, 2002), o qual apresenta programas em Fortran para o cálculo dos diferentes parâmetros.

O número efetivo de fundadores (N_{fun}), o qual indica o número de animais fundadores com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada, foi obtido como definido em Lacy (1989) por meio do *software* PROB_ORIG.exe presente no pacote PEDIG®.

O número efetivo de genomas remanescentes (N_g), que representa o número de fundadores que não teria perda de alelos fundadores e que produziria a mesma diversidade genética da encontrada na população estudada, foi computado como definido em Boichard, Maignel e Varrier (1997), sendo o *software* SEGREG.exe utilizado para seu cálculo.

O cálculo do número efetivo de ancestrais (N_a), o qual determina o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população sob estudo, foi obtido computando a contribuição marginal de cada ancestral como definido em Boichard, Maignel e Varrier (1997). O N_a pode ser um indicativo além da diversidade genética presente em uma população, do manejo reprodutivo predominante em uma determinada produção. O N_a e o intervalo de gerações foram calculados pelo *software* PROB_ORIG.exe.

O cálculo para determinação do aumento ou redução do número de reprodutores entre períodos foi dada pela razão de N_{Fun}/N_a , e o indicativo do processo de deriva genética, que quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações, foi dada pela razão de N_g/N_{fun} .

Para determinar a qualidade do arquivo de *pedigree*, foi feito o cálculo de número médio de ancestrais e número equivalente de gerações segundo Vozzi (2004). O coeficiente de endogamia foi obtido por meio do algoritmo de Vanraden (1992).

Os resultados foram tabulados na forma de tabelas e gráficos do *software* EXCEL, presentes no pacote Office 2007.

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O arquivo de genealogia utilizado no trabalho constou de 1659 animais diferentes, filhos de 178 pais e 770 mães conhecidos, com média de 2,2 progênie/mãe. As Figuras 1 e 2 apresentam o número de animais com nascimentos identificados pela data, por década, e número de animais nascidos, por composição racial.

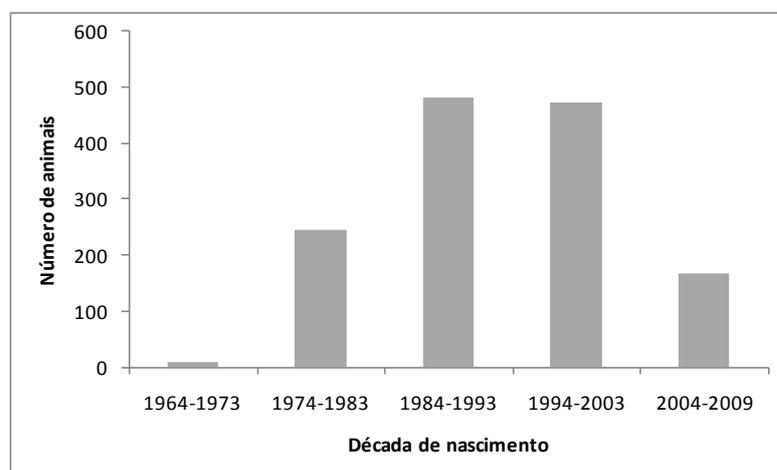


FIGURA 1 Número de animais com data de nascimento conhecida, por década, no arquivo genealógico estudado.

Apesar do início dos registros genealógicos ter ocorrido no ano de 1965, há maior concentração de animais com data de nascimento conhecida entre os anos de 1984 e 2003. Pode-se dizer que a concentração nesse período foi maior devido ao maior conhecimento de suas potencialidades e características produtivas associada a diversas ações promocionais, notadamente a partir da década de 80, o que motivou acentuada expansão e disseminação da

espécie para diversas regiões, inicialmente com o objetivo de ocupar os chamados “vazios pecuários”, regiões em que, por suas características naturais, a pecuária bovina não se desenvolvia bem e, posteriormente, com o avanço de explorações com características mais profissionais observou-se sua introdução mesmo em regiões de maior tradição pecuária bovina, onde passaram a ser explorados tanto para corte quanto para produção leiteira (BERNARDES, 2007).

De acordo com o autor supracitado, o crescimento acumulado do rebanho entre 1961 e 2005, foi de surpreendentes 1.806 %, sem paralelo com a evolução de outras espécies de interesse econômico exploradas no país, destacando-se ainda que, no Mundo, segundo a FAO, o rebanho bubalino cresceu nos períodos de 1961-1980 e 1980-2005, respectivamente 38% e 43% e o bovino, 29% e 11%.

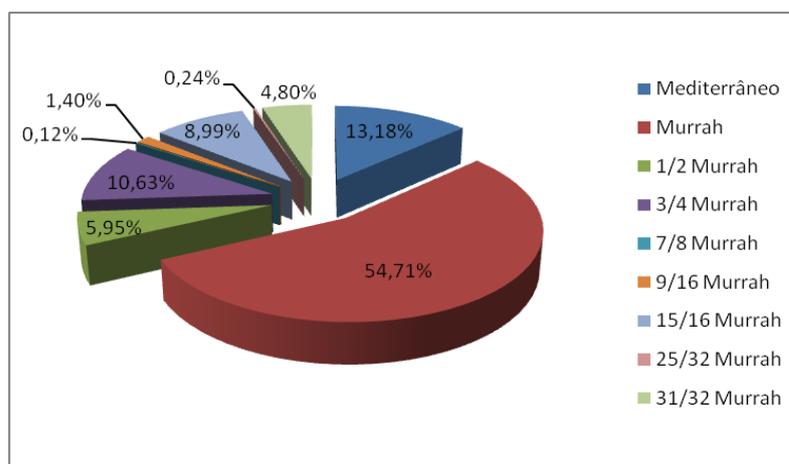


FIGURA 2 Número de animais nascidos, por composição racial, no arquivo genealógico estudado.

A predominância da raça Murrah deve-se a sua característica de maior produtora de leite dentre as raças bubalinas. Com base nisso, trabalhos e pesquisas foram desenvolvidos pela Embrapa Amazônia Oriental – EAO, nas áreas de produção e melhoramento genético dos bubalinos, entre as décadas de 60 e 90, como os estudos do comportamento produtivo desses animais na região e do cruzamento absorvente para a raça Murrah. Com isso, a base genética do rebanho da EAO está estruturada, principalmente, por animais provenientes do cruzamento absorvente de fêmeas Mediterrâneo ou mestiças com machos Murrah, sendo estes de origem nacional ou não.

Os cálculos de intervalos de geração por passagem gamética estão apresentados na Tabela 1. A média geral foi igual a 12,5 anos, valor alto quando se pensa em ganhos genéticos dentro de um programa de seleção, significando que ainda são utilizados animais de gerações anteriores, em maior número, como pais das futuras gerações.

TABELA 1 Intervalos de geração médios, em anos, nas quatro passagens gaméticas.

Média (anos)	Passagem gamética			
	Pai de touro	Mãe de touro	Pai de vaca	Mãe de vaca
Geral	14,5	10,3	14,8	10,4
até 1979	16,3	13,7	11,2	10,8
1980-1990	16,0	12,2	16,5	11,4
1991-2001	11,7	9,9	17,4	9,7
2002-2009	15,4	7,1	13,5	9,4

Os intervalos de gerações observados ficaram distantes aos sete anos relatados por Malhado et al. (2008), na raça Mediterrâneo, e aos 7,7 encontrados por Marques (2009) trabalhando com búfalos da raça Carabao em conservação. Distantes também daqueles de Faria et al. (2002) e Vercesi Filho et al. (2002a) que relataram médias de 7,2 e 7,1 para animais registrados das raças Nelore Mocho e Tabapuã, respectivamente.

O intervalo médio de gerações encontrado por Poggian (2008) em bovinos da raça Guzerá leiteira foi de 7,48 anos. De acordo com o autor, esse resultado pode ser explicado pela substituição mais rápida de pais e mães no rebanho do programa, o que permitiria um aumento na taxa de ganho genético por geração.

De uma maneira geral, os intervalos de gerações aqui observados foram altos, podendo causar, segundo Vercesi et al. (2002a), redução do ganho genético anual para as características selecionadas, levando a um menor retorno econômico do programa.

Os bubalinos são reconhecidos pela sua longa vida produtiva e reprodutiva e a necessidade de crescimento do rebanho ao longo dos anos permite que alguns criadores mantenham os reprodutores e matrizes por maior período no rebanho, o que ocasiona incremento do intervalo de geração (MALHADO et al., 2008). Uma alternativa para redução desses intervalos, segundo os autores, seria a utilização de jovens touros avaliados, principalmente, dos intervalos pai-filho e pai-filha. Já Faria et al. (2001), citam como alternativa a utilização de reprodutores por tempo limitado, pois proporciona redução no intervalo de gerações.

A proporção de machos e fêmeas foi de 27,4% e 72,6%, respectivamente, sendo 233 considerados fundadores e 100 considerados como ancestrais principais (30 machos e 70 fêmeas, nascidos entre 1973 e 2002). O número efetivo de fundadores foi igual a 28,6 animais, o número efetivo de ancestrais igual a 22,8 e o número de genomas remanescentes igual a 11,2 animais. Outros parâmetros da variabilidade genética populacional estão apresentados na Tabela 2.

TABELA 2 Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Mediterrâneo, Murrah e seus mestiços.

Parâmetros de variabilidade genética avaliados	Valores (animais)
Sexo da população-referência	Fêmea
Número total de indivíduos	1659
Número de indivíduos sem progênie	716
Tamanho da população-referência (pais conhecidos)	450
Número total de fundadores	233
Número efetivo de fundadores (N_{fun})	28,6
Número efetivo de ancestrais (N_a)	22,8
Número efetivo de genomas remanescentes (N_g)	11,2
Contribuição marginal (de 1 ancestral), em %	12,5
Contribuição marginal (de 5 ancestrais), em %	40,8
Contribuição marginal (de 10 ancestrais), em %	55,0
Números de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	8

Os parâmetros baseados na origem do gene trazem resultados mais convincentes e de fácil interpretação que os derivados dos níveis de endogamia para quantificar o efeito da deriva genética nas populações (BOICHARD; Maignel; VARRIER, 1997), especialmente quando as informações de *pedigree* são incompletas e poucas gerações são traçadas no *pedigree* dos animais.

No presente estudo a razão N_{fun}/N_a foi 1,25, indicando a diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos, e refletindo a ocorrência do “efeito gargalo”. Marques (2009) obteve razão de 1,12, valor próximo ao encontrado no presente estudo. Em contrapartida, Vercesi Filho et al. (2002b) encontraram valores de 0,36 observando bovinos da raça Indubrasil, para o Tabapuã (VERCESI FILHO et al., 2002a) o valor foi igual a 1,44, na raça Guzerá (FARIA et al., 2004a) igual a 1,48, na raça Sindi (FARIA et al., 2004b) igual a 1,77, e em estudos com Guzerá de leite, Poggian (2008) encontrou valor de 3,15.

Vale ressaltar, no entanto, que o arquivo deste estudo contém informações de duas raças e os cruzamentos originados com a intenção de obter animais Murrah “Puros por Cruza”, no rebanho da Embrapa Amazônia Oriental, ocorrendo entrada em diversos momentos de machos Murrah para acasalar com a base de fêmeas Mediterrâneo.

A razão N_g/N_{fun} foi de 0,39, valor semelhante aos observados para Nelore (VOZZI, 2004), Guzerá (FARIA et al., 2004a) e Sindi (FARIA et al., 2004b), respectivamente iguais a 0,44; 0,39 e 0,43, evidenciando grande “efeito gargalo” e a necessidade de identificação e uso de novos reprodutores, preferencialmente pouco ou não aparentados às fêmeas ativas dos rebanhos.

Em trabalho realizado na Embrapa Amazônia Oriental com as raças Murrah e Mediterrâneo, utilizando registros de animais nascidos entre 1957 e 2004, Marcondes et. al. (2008) detectaram que dos 80 fundadores revelados, 25 efetivamente aportaram genes à população e 20 fundadores contribuem com aproximadamente 70% dos genes.

A elevada utilização de poucos ancestrais nos períodos analisados pode gerar uma redução da variabilidade genética aditiva, perda de alelos fundadores por deriva genética e consequentemente um aumento da probabilidade de acasalamentos consanguíneos na população estudada. Os parâmetros analisados detectaram tendência de diminuição da variabilidade genética. Com isso, verifica-se a necessidade de constante monitoramento da diversidade genética, para se evitar que no futuro o progresso genético para características de importância econômica seja comprometido, devido à perda de alelos que possam ser importantes nas futuras gerações.

No arquivo de dados analisado, apenas oito animais, nascidos até 1984, responderam a 50% da contribuição genética do rebanho. Foram os reprodutores Rajáh Imp., Iburu VR, Memoar, Morena VR, Rothak da Cachoeira, Memo, Bruffi T.F. e Escurinha VR. Como esperado, a raça Murrah predominou quanto à contribuição marginal e somente três fêmeas tiveram contribuição individual significativa entre os dez principais reprodutores (TABELA 3).

TABELA 3 Contribuição acumulada dos dez principais indivíduos analisados.

Ind	Raça	Sexo	Ano	Contribuição Acumulada	N
Rajáh Imp.	Murrah	M		0,1250	7
Iburu VR	Murrah	M		0,2271	12
Memoar	Murrah	M	1984	0,2921	93
Morena VR	Murrah	F		0,3566	5
Rothak da Cach.	Murrah	M		0,4075	12
Memo	Murrah	M	1983	0,4531	76
Bruffi T.F.	Murrah	M		0,4814	24
Escurinha VR	Murrah	F		0,5089	6
Nápoli Imp.	Mediterrâneo	M	1986	0,5300	38
Banni da Cach.	Murrah	F		0,5495	4

Ind = nome dos indivíduos; N = número de progênies.

Foram calculados ainda os parâmetros: Número médio de ancestrais (N_a) e Número de gerações equivalentes ao longo dos anos para machos e fêmeas (FIGURA 3), que indicaram a qualidade do arquivo de *pedigree* estudado, já que, segundo Vozzi (2004), o N_a é um

indicativo da diversidade genética presente. Houve grandes variações entre os anos e entre os sexos, sendo que o maior número médio de N_a foi observado para as fêmeas.

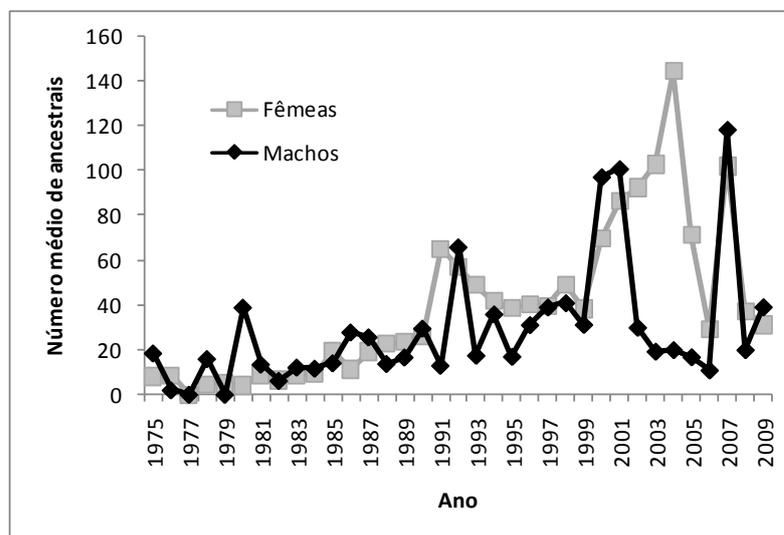


FIGURA 3 Número médio de ancestrais no *pedigree* dos búfalos por ano de nascimento e sexo.

Marcondes et al. (2008) analisando os resultados dos registros de animais nascidos entre 1957 e 2004 da raça Murrah e Mediterrâneo, da Embrapa Amazônia Oriental, observaram que dos 20 ancestrais mais importantes, para os machos da população em estudo, 10 são machos puros (seis Murrah e quatro Mediterrâneo) e 10 são fêmeas (três Murrah, três Mediterrâneo e quatro mestiças). Dentre os 20 ancestrais que mais aportam genes aos machos (ao todo 71% dos alelos), 39%, 26% e 5%, respectivamente, são as contribuições marginais das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiços. Para as fêmeas, onde os 20 ancestrais aportam 67,5% dos genes, 42% e 26%, respectivamente, são as contribuições marginais da raça Murrah e Mediterrâneo.

No Brasil, Faria (2002), em trabalho envolvendo raças zebuínas, obteve valores de N_a de 166, 211, 107, 34, 98, 9 e 78, respectivamente, para Guzerá, Gir, Nelore Padrão, Nelore Mocho, Indubrasil, Sindi e Tabapuã. Vozzi (2004) reportou um N_a para a raça Nelore de 70, em relação ao ano de 2002.

Por outro lado, o número de gerações equivalentes (FIGURA 4) está relacionado ao número de gerações que se pode contar, efetivamente, nos cálculos. Pode ser observado que apesar dos animais terem nascido entre 1964 e 2009 e do intervalo de gerações de 12,5 anos, o número efetivo de gerações foi próximo a cinco, o qual é adequado para a análise de *pedigree*.

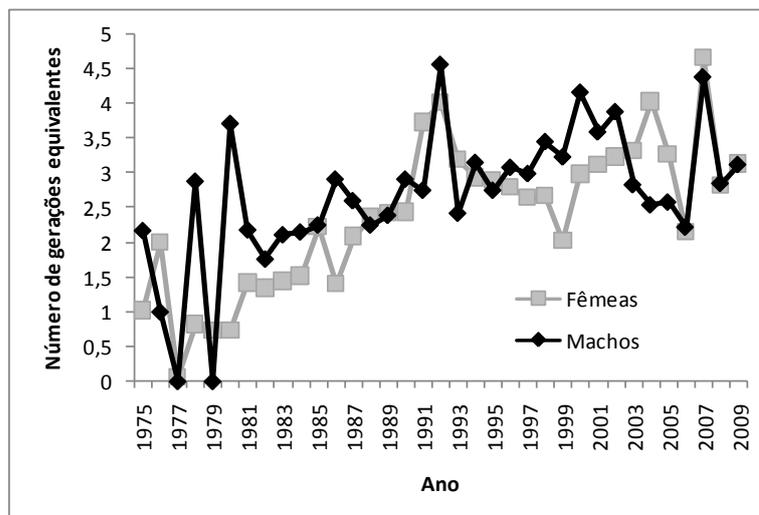


FIGURA 4 Número de gerações equivalentes no *pedigree* dos búfalos por ano de nascimento e sexo.

Foram observados 554 animais endogâmicos, ou seja, 33,4% do número total de animais estudados. A endogamia máxima encontrada foi de 40,8% e a média da endogamia entre os animais endogâmicos foi igual a 10,4%. Mais da metade dos animais endogâmicos apresenta endogamia entre 0 e 10%, diferentemente do que foi observado por Villasmil-Ontiveros et al. (2008) e Costa et al. (2005), onde quase 50% dos indivíduos endogâmicos encontrava-se na classe entre 5 e 10%, e por Marques (2009), que foi de 10 a 15%. Na raça Guzerá a maioria dos indivíduos pertence à classe 0 e 1 (F igual a 0 e F maior que zero e menor ou igual a 0,01), concluindo-se que a frequência de indivíduos com valores elevados de F é baixa (POGGIAN, 2008).

O valor médio da endogamia no arquivo total foi igual a 3,5%, superior ao relatado por Malhado et al. (2008) de 1,9% de coeficiente médio para a raça Mediterrâneo e por Marques (2009) de 1,85% para a raça Carabao. Já Poggian (2008) observou coeficiente médio de endogamia para bovinos endogâmicos da raça Guzerá leiteiro, por volta de 2,5%, e atribuiu o aumento do coeficiente de F ao uso de animais aparentados nos acasalamentos ao longo dos anos, fato esse concordante com este estudo.

Faria (2006), encontrou em 14,69% dos animais de seu arquivo de genealogia, um coeficiente de endogamia (F) diferente de zero, sendo a estimativa do F médio igual a 0,55%, com valores variando de zero ao máximo de 37,5%.

No Brasil, Poggian (2008), estudando a variabilidade genética e a endogamia em bovinos da raça Guzerá leiteira, encontrou valores baixos para coeficiente médio de endogamia tanto da população, como de machos e de fêmeas, 0,88; 0,89 e 0,87% respectivamente, atrelando esse fato ao aumento de registros dos animais e melhor organização dos dados genealógicos ao longo dos anos.

O coeficiente de endogamia encontrado por Reis Filho (2006), em bovinos da raça Gir, foi igual a 5,86%, apresentando uma preocupante tendência de crescimento linear com o passar do tempo.

Cunha et al. (2006) frisaram que o decréscimo do tamanho efetivo da população de gado de corte poderia estar associado ao aumento do nível de endogamia. De acordo com os autores, isso ocorre, principalmente, em razão do uso intensivo de alguns poucos touros melhoradores nos rebanhos e do aumento observado da variância do número de progênes por reprodutor em gerações sucessivas, portanto importantes de serem avaliados para identificar perda de diversidade genética.

4.4 CONCLUSÃO

Os parâmetros populacionais observados nos rebanhos bubalinos paraenses aproximam-se daqueles observados em animais de conservação e distantes daqueles observados em animais domésticos, portanto, em níveis preocupantes, onde a adoção de acasalamentos otimizados com controle de parentesco seria uma saída para o controle da endogamia e, conseqüentemente, da perda de variabilidade genética.

REFERÊNCIAS

BERNARDES, O. Bublinocultura no Brasil: situação e importância econômica. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, Belo Horizonte, v. 31, p. 293-298, 2007.

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

BOICHARD, D. **Pedig**: a Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2002. Disponível em: <http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/rubrique.php3?id_rubrique=5> Acesso em: 20 jan. 2010.

COSTA, M. D. et al. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador. **Arquivo Brasileira de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 57, n. 1, p.112-119, 2005.

CUNHA, E. E. et al. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 58, p. 381-387, 2006.

FARIA, F. J. C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, p. 1984-1988, 2001. (Suplemento).

FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002. 177f. Tese de Doutorado, EV-UFMG, Belo Horizonte, MG. 2002.

FARIA, F. J. C. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v. 54, p.501-509, 2002.

FARIA, F. J. C. et al. Variabilidade genética da raça Guzerá. In. SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENT ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga- SP. **Anais...** SBMA: Pirassununga, 2004a (CD-ROM).

FARIA, F. J. C. et al. Estrutura genética da raça Sindi no Brasil. **Revista Brasileira e Zootecnia**, v. 33, n. 4, p. 852-857, 2004b.

FARIA, L. C. **Estudo genético quantitativo de características de crescimento e reprodutivas em bovinos da raça Brahman no Brasil**. 2006. 117f. Dissertação (Mestrado

em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, 2006.

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

MALHADO, C. H. M. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 2, p. 215-220, 2008.

MARCONDES, C. R. et al. Contribuição dos efeitos de genearcas e de famílias sobre a probabilidade de permanência em rebanhos da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 59, n. 4, p. 977-982, 2007.

MARCONDES, C. R. et al. Análise de *pedigree* como auxílio às decisões de acasalamento de bubalinos: resultados preliminares. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7., 2008. **Anais...** São Carlos-SP: Embrapa Pecuária Sudeste, 2008 (CD-ROM).

MARQUES, L. C. **Análise de *pedigree* aplicada a búfalos (*Bubalus bubalis kerebao*) em conservação na Amazônia Oriental**. 2009. 57f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Pará, 2009.

MARQUES, L. C. et al. Parâmetros populacionais de búfalos da raça Carabao (*Bubalus bubalis kerebao*) em Conservação na Amazônia Oriental. In: SIMPOSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE, 7., 2009. Pucón – Chile. **Proceedings...** Pucón: SIRGEALC, 2009. 187-188p.

POGGIAN, C. F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para produção de leite**. 2008. 58 f. Dissertação de Mestrado (Curso de Pós-Graduação em Ciências Biológicas) – Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Juiz de Fora, 2008.

REIS FILHO, J. C. **Endogamia na raça Gir**. 2006. 61f. Dissertação de Mestrado (Programa de Pós-Graduação em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.

VANRADEN, P. M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation for larger population. **Journal of Dairy Science**, v. 75, p. 3136-3144, 1992.

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, 2002a.

VERCESI FILHO, A. E. et al. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 10, n. 2, p. 86-92, 2002b.

VIEIRA, H. C. M. **Análise da estrutura genética de rebanhos da raça Guzerá de um programa de melhoramento genético**. 2004. 57f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2004.

VILLASMIL-ONTIVEROS, Y. et al. Análisis de pedigrí en Criollo Limonero. **Revista Científica**, FCV-LUZ, v. 18, n. 3, 284-290, 2008.

VOZZI, P. A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da Raça Nelore**. 2004. 77f. Tese de Doutorado (Departamento de Genética) – FMRP-USP, 2004.

VOZZI, P. A. et al. Estudo de variabilidade genética na raça Nelore mediante análise de pedigree. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. 161p.

5 CAPÍTULO 2 – Estudo da estimação de parâmetros e tendências genéticas da característica peso ao nascer em búfalos do Estado do Pará

5.1 INTRODUÇÃO

Nos bubalinos, como nas demais espécies animais, o peso ao nascer constitui característica produtiva de elevada importância zootécnica, devido à relação existente entre o peso ao nascimento e a taxa de sobrevivência ao desmame como, também, sua relação com os pesos nas demais fases de desenvolvimento do animal, quer seja para a produção de carne, leite ou para animais que se destinam à reprodução.

De acordo com Nogueira et al. (1997), bezeros bubalinos que apresentam maiores valores de peso ao nascimento tendem a ganhar peso mais rapidamente, antes e depois do desmame, tornando-se importante a detecção de fatores genéticos e de meio que influenciam o peso dos búfalos ao nascer.

O peso ao nascer é também uma das primeiras expressões fenotípicas do genótipo individual, podendo ser utilizado como auxílio na seleção precoce de animais, em programas de melhoramento genético animal. A variabilidade observada nesta característica possui origem genética e não-genética, que segundo Pereira (2008), torna-se necessário medir o quanto é de natureza genética e o quanto é de natureza ambiental. Nesse sentido, o conhecimento da herdabilidade é fundamental para definição do esquema de seleção mais adequado.

Objetivou-se neste estudo avaliar os fatores de meio, de herança e a tendência do peso ao nascer de búfalos das raças Murrah, Mediterrâneo e mestiços provenientes de cinco rebanhos comerciais do Estado do Pará, além do rebanho da Embrapa Amazônia Oriental.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

O arquivo de dados utilizado no estudo era constituído por informações do animal, pai, mãe (nome e número), sexo, data de nascimento, composição racial (com sete níveis entre Mediterrâneo e Murrah: 3/4 Murrah, 7/8 Murrah, 15/16 Murrah, 25/32 Murrah e 31/32 Murrah), fazenda (com três níveis) e peso ao nascer (PN). Contava com 566 registros de PN dos filhos de 16 pais e 269 mães diferentes, com média de 2,1 progênie/búfala, nascidos entre fevereiro de 1981 e junho de 2009 em quatro fazendas do Estado do Pará, Brasil, localizadas nos municípios de Belém (Embrapa), Ipixuna (comercial), Santarém (Embrapa) e

Santo Antônio do Tauá (comercial). Os animais nasceram em regime exclusivo de pastagens, predominando as pastagens naturais nos períodos de menor disponibilidade de chuvas. Os pesos eram aferidos com no máximo 48h pós-parto, dependendo do manejo adotado em cada fazenda e a época do ano.

Foram calculadas as estatísticas descritivas, a análise de variância (procedimento GLM) e realizado o teste de Normalidade de Shapiro-Wilk (procedimento CAPABILITY) por meio do pacote estatístico *Statistical Analysis System* (SAS, 2002).

O modelo estudado na Análise de Variância considerou como fixos os efeitos de sexo, composição racial do animal, composição racial da mãe, fazenda, mês e ano de nascimento e como aleatório o efeito residual, como descrito a seguir:

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + C_j + CM_k + F_l + M + A + e$$

Onde S_i corresponde a sexo, C_j é a composição racial do animal, CM_k é a composição racial da mãe, M é o mês do nascimento e A o ano do nascimento.

Para a obtenção dos componentes de variância foram utilizados programas de análise em linguagem Fortran (MISZTÁL, 2001), sendo formatado arquivo de parâmetros para o modelo estudado, com covariância aditiva-materna fixada como zero. O modelo considerou os efeitos fixos de sexo, ano de nascimento e composição racial do animal e como efeitos aleatórios animal, efeito materno e residual. Os valores iniciais foram obtidos de análise prévia realizada pelo aplicativo REMLF90.exe, com critério de convergência 10^{-12} . Em seguida, o arquivo de parâmetros foi submetido ao programa GIBBSF90.exe, que usa metodologia Bayesiana com Amostragem de Gibbs para características contínuas, assumindo-se distribuições iniciais para efeitos genéticos e residuais com distribuições Normais multivariadas, como descrito a seguir:

$$P(a|\sigma^2a) \sim N(0, A\sigma^2a)$$

$$P(e|\sigma^2e) \sim N(0, I\sigma^2e), \text{ em que:}$$

A é a matriz de parentesco, σ^2a é a variância genética aditiva, σ^2e é a variância residual e I é uma matriz Identidade de ordem r por r .

Implementaram-se 1 milhão de rodadas e 50 mil de período de queima, com amostragem a cada 100 rodadas. As saídas passaram a ser trabalhadas no SAS, para calcular as estimativas de herdabilidade direta (h^2d) e materna (h^2m), segundo as fórmulas clássicas. Os arquivos gerados pelo SAS foram submetidos às análises *a posteriori* dos programas GIBANAL.exe (VAN KAAM, 1997) e POSTGIBBSF90.exe (MISZTÁL, 2001), incluindo-se a correlação serial entre as amostras e a obtenção das densidades marginais posteriores para

confeção dos gráficos de distribuição posterior das herdabilidades, em Excel *for Windows*. Foi realizado o teste de convergência da cadeia por meio da plataforma R e metodologia BOA (*Bayesian Output Analysis*).

Os valores genéticos foram obtidos por meio do programa BLUPF90.exe (MISZTÁL, 2001). A regressão das Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) sobre o ano de nascimento foi realizada pelo Excel *for Windows* para obtenção da tendência genética do PN, entre 1974 e 2009.

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O peso ao nascer de bezerros bubalinos apresentou média e desvio padrão de $36,6 \pm 4,7$ kg, conforme demonstrado na Tabela 1.

TABELA 1 Estatística descritiva do peso ao nascer de búfalos do Estado do Pará.

Estatística	
N	566
Média±Desvio-padrão (kg)	36,6±4,7
Variância (kg ²)	21,8
Mediana (kg)	37
Moda (kg)	38
Curtose	0,739
Assimetria	-0,336
Mínimo (kg)	23
Máximo (kg)	50

Resultados superiores foram relatados por Silva et al. (1995), onde o peso médio ao nascimento de $36,86 \pm 1$ kg, e de 40,37 kg, por Nogueira et al. (1997). Menores resultados foram encontrados por Yadav et al. (2001) e Das et al. (2004), de $29,62 \pm 0,20$ kg e $27,81 \pm 0,50$ kg, respectivamente, e por Pereira et al. (2008), onde o peso ao nascer de bezerros bubalinos apresentou valor médio e desvio padrão de $34,20 \pm 5,02$ kg

A Figura 1 apresenta a distribuição do PN em cinco classes, apresentando-se com a cauda direita diminuída e maior número de animais distribuídos na segunda e terceira classe.

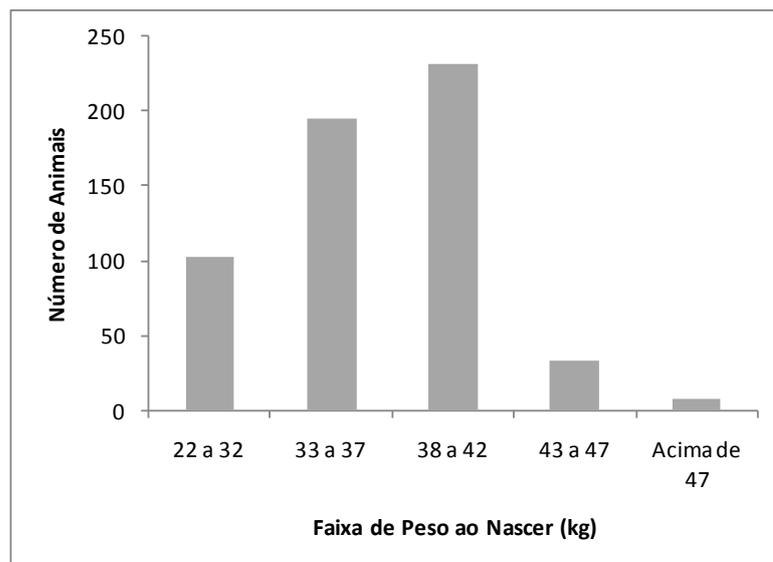


FIGURA 1: Histograma da distribuição dos 566 registros de peso ao nascer de bubalinos do Estado do Pará.

O teste de normalidade de Shapiro-Wilk, bem como os valores da curtose (igual a 0,739, ou seja, distribuição leptocúrtica com valores em torno da média) e da assimetria (igual a -0,336, ou seja, distribuição assimétrica à esquerda), indicaram que a característica PN não apresentou distribuição Normal, com valor de $W=0,976271$ e $P<W=0,000$, o que corrobora com o histograma apresentado anteriormente.

O modelo considerado na Análise de Variância mostrou-se significativo a $P<0,0001$, com R-quadrático igual a 0,303, ou seja, 30% da variação existente no PN pode ser explicada pelos efeitos considerados no modelo. Os outros 70% correspondem a diferenças genéticas e ambientais não consideradas nesta etapa do estudo. Somente os efeitos de composição racial, sexo e ano de nascimento foram significativos ($P<0,01$) sobre a característica PN.

Cassiano et al. (2003), avaliando a importância do grupo genético de machos e fêmeas sobre o peso ao nascer em bubalinos, progênies de animais puros e 1/2 Jafarabadi, Murrah, Carabao, Mediterrâneo e Baio, verificaram que apenas o grupo genético dos machos significou importante fonte de variação sobre a característica produtiva, de forma que os reprodutores do tipo Baio apresentaram proles mais pesadas ao nascimento.

No estudo de Pereira et al. (2008), o grupo genético da búfala não foi considerado uma importante fonte de variação ($P>0,05$) sobre o peso ao nascer de bubalinos, já o sexo do bezerro constituiu em uma importante fonte de variação ($P<0,05$), sendo o peso médio dos bezerros machos ao nascimento superior ao peso médio das fêmeas, corroborando com Jorge, Andrigueto e Castro (2005), onde também houve efeito do sexo para PN ($P<0,01$) em bubalinos da raça Murrah, apresentando machos mais pesados que fêmeas.

No estudo de Jorge, Andrighetto e Castro (2005), em bubalinos Murrah no Centro-Oeste do Estado de São Paulo, o mês e o ano de nascimento exerceram efeito ($P < 0,05$) sobre o PN, sendo que animais nascidos em maio foram os mais pesados ao nascer. Esses resultados concordam com os relatados por Nascimento et al. (1972) e Villares, Ramos e Rocha (1979) e, provavelmente, são consequência de variações climáticas que podem interferir na disponibilidade e na qualidade das pastagens. A interação mês x ano influenciou ($P < 0,05$) o PN indicando que houve variações das condições ambientais de ano para ano, alternando a diferença entre os meses.

Geralmente, assim como em bovinos e outras espécies, os machos bubalinos apresentam-se mais pesados que as fêmeas, tanto ao nascimento quanto ao longo de sua vida. Tais resultados são similares aos encontrados por Balieiro, Balieiro e Valente (1996) e Das et al. (2004). Em contrapartida, Schammas et al. (1996) não verificaram diferenças significativas no peso ao nascer, quando o sexo do produto foi considerado.

O critério de Geweke, de análise de convergência da cadeia, foi igual a $Z=0,702163$, indicando que a mesma convergiu por Z estar compreendido entre $-1,96 < Z < 1,96$.

Após a análise das amostras, o programa Gibanal sugere, com base nas correlações seriais, período adicional de queima e *skip time*. Com isso, o número de amostras efetivas a serem trabalhadas diminuiu, para cada uma das estimativas (TABELA 2), bem como foram alteradas as correlações seriais e as estatísticas descritivas das variâncias e herdabilidades. Os valores recalculados no programa encontram-se na Tabela 2.

TABELA 2 Média (Me), moda (Mo), mediana (Med), valor mínimo (Min) e valor máximo (Max) das variâncias genéticas aditiva (σ^2_a) e materna (σ^2_m), e das estimativas de herdabilidade direta (h^2_d) e materna (h^2_m) para a característica PN, após análise do programa Gibanal.

Estimativas	Valores	
Variância genética aditiva (σ^2_a)	Número de amostras	475
	Correlação serial	-0,0591
	Me \pm MCE*	3,03 \pm 0,0498
	Mo	1,71
	Med	2,65
	Min	0,03
	Max	10,40
	Curtose	0,917
	Assimetria	0,964
Herdabilidade direta (h^2_d)	Número de amostras	475
	Me \pm SD**	0,17 \pm 0,098
	Mo	0,11
	Med	0,16
	Min	0,002
	Max	0,497
	Curtose	0,193
	Assimetria	0,729
	Variância materna (σ^2_m)	Número de amostras
Correlação serial		0,028
Me \pm MCE		2,49 \pm 0,018
Mo		2,15
Med		2,40
Min		0,12
Max		6,90
Curtose		0,332
Assimetria		0,509
Herdabilidade materna (h^2_m)	Número de amostras	1188
	Me \pm SD	0,14 \pm 0,054
	Mo	0,14
	Med	0,14
	Min	0,01
	Max	0,36
	Curtose	-0,017
	Assimetria	0,371
	* <i>Erro de Monte Carlo</i> (Monte Carlo Error); ** <i>Desvio padrão</i> (Standard Deviation)	

As Figuras 2 e 3 ilustram graficamente a distribuição das estimativas de herdabilidade direta e materna obtidas para a característica PN, neste estudo.

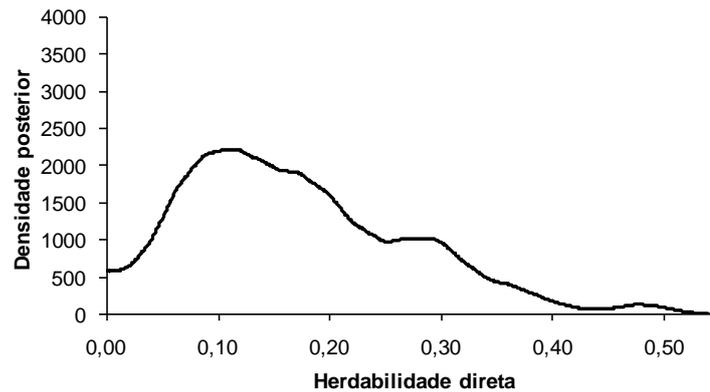


FIGURA 2 Distribuição marginal posterior da herdabilidade direta do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.

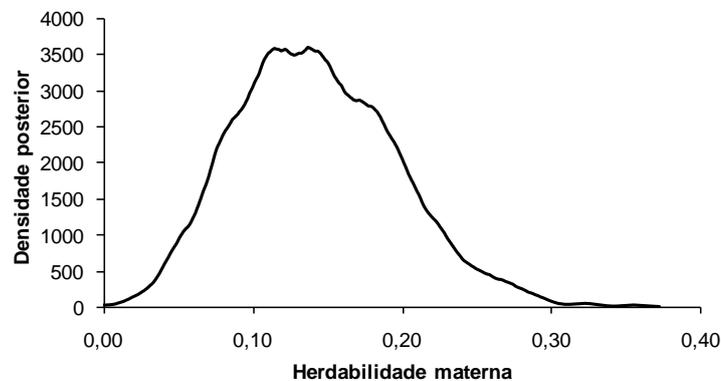


FIGURA 3 Distribuição marginal posterior da herdabilidade materna do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.

Comparando-se os dois gráficos de distribuição das estimativas de herdabilidade direta e materna, observa-se que a primeira apresentou-se platicúrtica e com maior assimetria, tendo uma distribuição bimodal com a primeira moda próxima a 0,10 e a segunda próxima a 0,30. Tendência semelhante ocorreu na distribuição das estimativas de herdabilidade materna, apresentando-se trimodal, com picos bem próximos ao valor de 0,15 e outro menos evidente próximo a 0,20. Foi interessante a obtenção de estimativa de herdabilidade materna tão expressiva, evidenciando a influência do ambiente uterino e todos os demais fatores que influenciam a gestação e que variam de animal para animal.

A herdabilidade estimada para peso ao nascer de bubalinos mestiços no experimento de Pereira et al. (2008) foi de $0,60 \pm 0,12$. De acordo com os autores, este valor é considerado de elevada variabilidade genética, principalmente quando comparado com os valores encontrados na literatura para esta característica. Balieiro, Balieiro e Valente (1996) observaram herdabilidade de $0,10 \pm 0,07$; Yadav et al. (2001) de $0,46 \pm 0,12$; Arona e Gupta (1962), Rabag e Abd El-Salam (1963), Tomar e Desai (1967) e Alim (1991), citados por

Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics (AAABG, 2010), estimaram herdabilidades para peso ao nascer de $0,45 \pm 0,35$; $0,32 \pm 0,29$; $0,27 \pm 0,05$ e $0,24 \pm 0,00$, respectivamente. Ao mesmo tempo, valores superiores de $0,72 \pm 0,17$ e $0,62$ foram estimados por Tomar e Desai (1965), citados por AAABG (2010), e Cassiano et al. (2004), respectivamente.

Nos estudos de Cassiano et al. (2004) a raça Murrah foi a que apresentou a maior estimativa de h^2 , $0,62$, superando em muito as demais raças, que apresentaram índices de moderados a baixo. A raça Carabao apresentou h^2 de $0,39$, ou seja, quase dois terços das diferenças estão relacionadas ao ambiente. As estimativas de h^2 do PN nas raças Jafarabadi e Mediterrânea foram, respectivamente, $0,28$ e $0,16$, próximas ao valor de $0,14$ encontrado por Mahdy, El-Shafie e Ayyat (1999), em búfalos egípcios, indicando também que a maior parte da variação seria consequência de fatores ambientais.

Segundo Falconer e Mackay (1996), a herdabilidade é uma propriedade da população, do ambiente a que o animal é submetido. Já a variância ambiental é dependente das condições de cultura e manejo. Maior variação ambiental reduz a herdabilidade, e maior uniformidade provoca aumento da herdabilidade.

A herdabilidade materna (h^2_m) na raça Nelore variou de $0,03$ (ELER et al., 2000) a $0,21$ (NOBRE et al., 2003). Os baixos valores encontrados para esse parâmetro são atribuídos à determinação do peso ao nascer, que se dá, predominantemente, por meio de ação gênica aditiva direta, sendo uma característica pouco influenciada pelo fenótipo materno (SCARPATI; LÔBO, 1999). Em diferentes raças de bubalinos, Cassiano et al. (2004) encontraram herdabilidades maternas de $0,11$ na raça Carabao, $0,17$ na Jafarabadi, $0,04$ na Murrah e $0,37$ no Mediterrâneo, valores distintos ao observado neste estudo ($0,14$ de valor modal), via inferência Bayesiana.

Lira; Rosa e Garnero (2008), revisando estudos com zebuínos de corte, encontraram médias das estimativas para herdabilidade direta do peso ao nascer, herdabilidade materna, herdabilidade total para PN de $0,34$, $0,08$ e $0,27$, respectivamente.

A tendência genética do PN mostrou-se negativa ($-0,008\text{kg/ano}$), porém próxima a zero (FIGURA 4), ainda que a tendência fenotípica tenha sido positiva ($0,156\text{kg/ano}$, FIGURA 5). Evidencia-se, possivelmente, a pouca pressão de seleção para peso e ganhos de peso nos rebanhos estudados, já que as correlações genéticas são altas e positivas entre os pesos nas diferentes idades. O foco em padrão racial, existente entre os criadores que participam de exposições, isto é, a maior importância dada aos caracteres qualitativos dissociados das características produtivas provavelmente ainda é um grande entrave ao processo seletivo e ao

completo entendimento das ações relacionadas ao melhoramento genético dos rebanhos. Por outro lado, pela variabilidade genética existente há possibilidade de se trabalhar os acasalamentos para que, futuramente, não ocorram partos distócicos em grandes proporções, como é o caso da raça Charolês (FERNANDES; FERREIRA; RORATO, 2002) ou mesmo animais mestiços (BORGES et al., 2006), sem no entanto haver prejuízos com baixo desempenho e vigor dos bezeros.

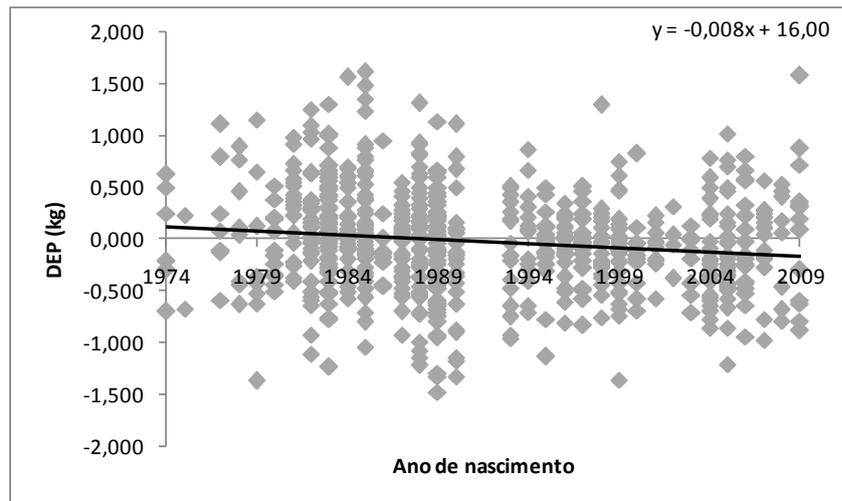


FIGURA 4: Tendência genética do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.

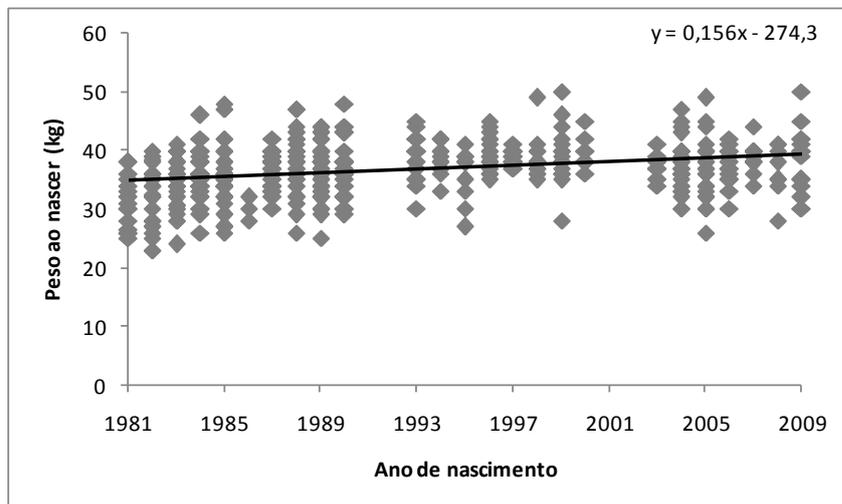


FIGURA 5 Tendência fenotípica do peso ao nascer em bubalinos do Estado do Pará.

As tendências genéticas dos efeitos diretos para os pesos ao nascer e à desmama estudados por Laureano et al. (2004), foram de 0,014 e 0,271kg/ano, respectivamente. Em termos de mudança genética anual, isto representa incrementos de 0,045 e 0,16% nas médias das duas características, e uma diferença de aproximadamente 0,266 kg no peso ao nascer e 5,1kg no peso à desmama no período de seleção estudado. Segundo os autores, as tendências genéticas estimadas para machos e fêmeas foram praticamente iguais para todas as

características. A estimativa de tendência genética do peso ao nascer foi inferior às encontradas por Ferraz Filho (1996), Van Melis, Eler e Ferraz (2001), Mello et al. (2002) e Holanda et al. (2004), que estimaram respectivamente, 0,079; 0,083; 0,046, e 0,002 kg/ano. Isso indica que a seleção para crescimento implementada no rebanho não está promovendo alterações de grande magnitude no peso ao nascer dos animais.

5.4 CONCLUSÃO

As estimativas de herdabilidade direta e materna, de magnitude moderada, indicam que há variabilidade genética a ser trabalhada. A tendência genética próxima a zero indica que pouco foi feito quanto à seleção de pesos em diferentes idades, em búfalos do Estado do Pará.

REFERÊNCIAS

AAABG – Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics. 2010. **Genetic parameters.** Disponível em: <
<http://www.gparm.csiro.au/traitgroups.html?species=7>>. Acesso em: 20 jan. 2010.

BALIEIRO, E. S., BALIEIRO, J. C. C., VALENTE, J. Fatores de meio e herança como causas de variação no peso ao nascimento de bubalinos (*Bubalus bubalis*, L.). In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996, Fortaleza-CE. **Anais...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p. 296-297.

BORGES, M. C. B. et al. Caracterização das distocias atendidas no período de 1985 a 2003 na Clínica de Bovinos da Escola de Medicina Veterinária da Universidade Federal da Bahia. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.7, n2, p. 87-93, 2006.

CASSIANO, L. A. P. et al. Caracterização fenotípica de raças bubalinas nacionais e do tipo Baio. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 11, p. 1337-1342, 2003.

CASSIANO, L. A. P. et al. Parâmetros genéticos das características produtivas e reprodutivas de búfalos na Amazônia brasileira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 5, p. 451-457, 2004.

DAS, A. et al. Growth performance of swamp buffaloes of Assam from birth to 12 months of age. **Buffalo Bulletin**, v. 23, n. 4, p. 84-89, 2004.

ELER, J. P. et al. Influência da interação touro \times rebanho na estimação da correlação entre efeitos genéticos direto e materno em bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 6, p. 1642-1648, 2000.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C.; **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996. 464p.

FERNANDES, H. D.; FERREIRA, G. B. B.; RORATO, P. R. N. Tendências e parâmetros genéticos para características pré-desmama em bovinos da raça Charolês criados no Rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 1, p. 321-330, 2002 (suplemento).

FERRAZ FILHO, P. B. **Análise e tendência genética de pesos em bovinos da raça Nelore Mocha no Brasil**. 1996. 163f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal-SP, 1996.

HOLANDA, M. C. R. et al. Tendências genéticas para crescimento em bovinos Nelore em Pernambuco, Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v. 53, n. 202, p. 185-194, 2004.

JORGE, A. M.; ANDRIGHETTO, C.; CASTRO, V. S. Desenvolvimento ponderal de bubalinos da raça Murrah criados em pastagem de *Brachiaria brizantha* no Centro-Oeste do Estado de São Paulo, Brasil. **Ciência Rural**, v. 35, n. 2, p. 417-421, 2005.

LAUREANO, M. M. M. et al. Estimativa da tendência genética de características de crescimento pré-desmama em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5., 2004, Pirassununga-SP. **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004 (CD-ROM).

LIRA, T. de; ROSA, E. M.; GARNERO, A. del V. Parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas em zebuínos de corte (revisão). **Ciência Animal Brasileira**, v. 9, p. 1-22, 2008.

MAHDY, A. E.; EL-SHAFIE, O. M.; AYYAT, M.S. Genetic study and sire values for some economic traits in Egyptian buffaloes. **Alexandria Journal of Agricultural Research**, v. 44, p. 15-35, 1999.

MELLO, S. P. et al. Estimativas de (co)variâncias e tendências genéticas para pesos em um rebanho Canchim. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v. 31, n. 4, p. 1707-1714, 2002.

MISZTÁL, I. **Computer programs**. 2001. Disponível em: <<http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/programs.html>>. Acesso em: 20/04/2010.

NASCIMENTO, C. N. B. et al. Resultados parciais do controle ponderal de búfalos na fazenda Porangaba, Flórida Paulista e fertilidade do rebanho em 1970/71. **Seleções Zootécnicas**, São Paulo, v. 11, n. 126, p. 34-35, 1972.

NOBRE, P. R. C. et al. Analyses of growth curves of Nelore cattle by multiple-trait and Random Regression models. **Journal of Animal Science**, v. 81, p. 918-926, 2003.

NOGUEIRA, J. R. et al. Sistema de produção de bubalinos para carne em pastagens de capim colônião na região Noroeste do Estado de São Paulo. **Boletim de Indústria Animal**, v. 54, n. 1, p. 25-32, 1997.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 618p.

PEREIRA, R. G. A. et al. Peso ao nascer em bubalinos no Estado de Rondônia. **Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento**. Porto Velho, RO: Embrapa Rondônia, 12 p. 2008.

SAS – Statistical Analysis System. **SAS Users Guide: Statistics, Version 9.1**. Cary, NC, SAS Institute Inc., 2002.

SCARPATI, M. T. V.; LÔBO, R. B. Modelos animais alternativos para estimação de componentes de (co)variância e de parâmetros genéticos e fenotípicos do peso ao nascer na raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 3, p. 512-518, 1999.

SCHAMMASS, E. A. et al. Desenvolvimento ponderal de bubalinos da raça Mediterrânea. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33., 1996. **Anais...** Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1996. p. 301-303.

SILVA, M. E. T. et al. Desempenho de um sistema de búfalos da raça Murrah na região Nordeste do Paraná. Londrina, **IAPAR Boletim Técnico**, n. 49, 24 p. 1995.

VAN KAAM, J. B. C. H. M. GIBANAL: Analysing program for Markov Chain Mont Carlo sequences version 2.3, 1997.

VAN MELIS, M. H. V., ELER, J. P., FERRAZ, J. B. S. Tendências genéticas para características produtivas e de avaliação visual em bovinos da raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., 2001, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001. p. 519-520.

VILLARES, J. B.; RAMOS, A. A.; ROCHA, G. P. Bubalinos em estabulação livre. 14. Fatores que afetam o peso ao nascimento de búfalos da raça mediterrâneo. In: J C MOURA; A A RAMOS; J B VILLARES. (Org.). **Bubalinos**. 1 ed. CAMPINAS: CARGILL, 1979, p. 43-54

YADAV, B. S. et al. Murrah buffaloes – I. Birth weight. **Buffalo Bulletin**, v. 20, n. 2, 2001.

6 CONCLUSÕES

Os parâmetros populacionais observados nos rebanhos bubalinos paraenses aproximam-se daqueles observados em animais de conservação e distantes daqueles observados em animais domésticos, portanto, em níveis preocupantes.

As estimativas de herdabilidade direta e materna, de magnitude moderada, indicam que há variabilidade genética a ser trabalhada. A tendência genética próxima a zero indica que pouco foi feito quanto à seleção de pesos em diferentes idades, em búfalos do Estado do Pará.

Sugere-se aos criadores e pesquisadores envolvidos no Programa de Melhoramento, que implementem os acasalamentos otimizados com controle de parentesco e utilizando os valores genéticos, como saída para o controle da endogamia, redução ou minimização da perda de variabilidade genética e alcance de ganhos genéticos em caracteres de crescimento com interesse econômico no Estado do Pará.