

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

AVALIAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DO  
CRESCIMENTO DE BOVINOS DE GRUPOS GENÉTICOS  
FORMADORES DA RAÇA PURUNÃ

Autora: Kaliane Nascimento de Oliveira  
Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Eliane Gasparino  
Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira  
Coorientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Meiby Carneiro de Paula Leite

MARINGÁ  
Estado do Paraná  
Setembro – 2016

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

AVALIAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DO  
CRESCIMENTO DE BOVINOS DE GRUPOS GENÉTICOS  
FORMADORES DA RAÇA PURUNÃ

Autora: Kaliane Nascimento de Oliveira  
Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Eliane Gasparino  
Coorientador: Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira  
Coorientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Meiby Carneiro de Paula Leite

“Tese apresentada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTORA em ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - Área de Concentração: Produção Animal”.

MARINGÁ  
Estado do Paraná  
Setembro – 2016

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)  
(Biblioteca Central - UEM, Maringá – PR., Brasil)

O48a Oliveira, Kaliane Nascimento de  
Avaliação da estrutura populacional e  
do crescimento de bovinos de grupos  
genéticos formadores da raça purunã /  
Kaliane Nascimento de Oliveira. --  
Maringá, 2016.  
51 f; Il., tabs.

Orientadora: Profa. Dra. Eliane  
Gasparino.

Coorientador: Prof. Dr. Carlos Lopes de  
Oliveira. Coorientadora: Profa Dra Meiby  
Carneiro de Paula Leite.

Tese (Doutorado em Zootecnia)-  
Universidade Estadual de Maringá. Centro  
de Ciências Agrárias. Departamento de  
Zootecnia. Programa de Pós-graduação em  
Zootecnia.

1. Produção animal. 2. Melhoramento  
genético. 3. Endogamia populacional.  
4. Modelos lineares - Modelo estatístico.  
5. Bovino de corte - Purunã. 6. Purunã -  
Tamanho efetivo populacional. I.  
Gasparino, Eliane, orient. II. Oliveira,  
Carlos Lopes de, coorient. III.  
Leite, Maiby Carneiro de Paula, coorient.  
IV. Universidade Estadual de Maringá.  
Centro de Ciências Agrárias. Departamento  
de Zootecnia. Programa de Pós-graduação em  
Zootecnia. IV. Título.

636.20821 21.ed.

Cicilia Conceição de Maria  
CRB9- 1066  
CC-003872



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS

**AVALIAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DO  
CRESCIMENTO DE BOVINOS DE GRUPOS GENÉTICOS  
FORMADORES DA RAÇA PURUNÃ**

Autora: Kaliane Nascimento de Oliveira  
Orientadora: Profª Drª Eliane Gasparino

TITULAÇÃO: Doutora em Zootecnia - Área de Concentração Produção  
Animal

APROVADA em 26 de julho de 2016.

Prof. Dr. Carlos Antonio Lopes de  
Oliveira

Profª Drª Fabiana Lana de Araújo

Profª Drª Sandra Maria Simonelli

Dr. Daniel Perotto

Profª Drª Eliane Gasparino  
(Orientadora)

"Tudo é possível àquele que crê."  
Jesus Cristo

Aos meus pais, Patrício José e Maria Helena, por suas histórias de vida, por suas lutas na educação dos filhos diante de todas as adversidades, nos dando incentivo e coragem para seguir adiante, suporte para todos os momentos, base sólida da minha formação. Sem vocês não conseguiria ter chegado até aqui e voar ainda mais longe, EU AMO VOCÊS!

DEDICO

## AGRADECIMENTOS

A Deus, que ilumina a minha vida e guia os meus caminhos.

À minha família, em especial aos meus pais e irmãos, distantes fisicamente, mas jamais longe do meu coração, obrigada por todo apoio, torcida e por tornarem a minha vida mais doce.

À minha orientadora, professora Dr.<sup>a</sup> Eliane Gasparino, por ter aberto as portas e pela confiança depositada.

Ao professor Dr. Carlos Antonio Lopes de Oliveira, pelos incentivos, orientação, dedicação, ensinamentos, amizade e confiança.

À minha Coorientadora, professora Dr.<sup>a</sup> Meiby Carneiro de Paula Leite, pela confiança, dedicação, por ter acreditado no meu trabalho, pela oportunidade e pela amizade que se estenderá ao longo dos tempos, serei eternamente grata por mais esta etapa ao seu lado.

À Universidade Estadual de Maringá e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste curso.

Ao IAPAR, pela disponibilidade dos dados, parceria e apoio, em especial ao Dr. Daniel Perotto.

Aos coordenadores e professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Maringá - UEM.

À CAPES, pela bolsa de estudos concedida.

À Sheila Nogueira de Oliveira, pelas valiosas contribuições, amizade e apoio. Espero que algum dia possa retribuir por tudo que fez por mim.

À Aline Mayra S. Oliveira Zardin e Kellen Cristina Kuwahara, anjos que Deus colocou em meu caminho, agradeço pela amizade sincera, força e pelo alegre convívio. As levarei em meu coração por toda minha vida.

Aos amigos do coração, que de forma especial me ajudaram e tornaram esta caminhada mais fácil, em especial à Rejane Stubs Parpinelli, Érica Gomes de Lima, Camila Thiara Gomes de Carvalho, Lucilene de Matos Almeida, Ana Paula Otaviani Nilo, Ricardo Vagner e Maria Aparecida Costa, obrigada por proporcionarem momentos eternos, que jamais esquecerei e tenho certeza que sempre farão parte da minha vida.

Aos meus colegas do doutorado, que juntos buscamos os mesmos objetivos.

Aos amigos Bárbara, Daniele, Ariane, Aninha, Lígia, Daiane e Kika, que mesmo à distância, me deram sempre muita força e incentivo: vocês são maravilhosos.

A todos que de alguma maneira contribuíram para a realização deste trabalho, por tantos momentos dividindo todos os sonhos e alegrias, as tristezas e decepções, sem vocês seria muito mais difícil chegar até aqui.

Muito Obrigada!

## BIOGRAFIA DO AUTOR

Kaliane Nascimento de Oliveira, filha de Patrício José de Oliveira e Maria Helena Nascimento de Oliveira, nasceu na cidade de Cruz das Almas, Bahia, no dia 29 de Outubro de 1985. Em março de 2006 iniciou o curso de Graduação em Zootecnia, na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, realizando pesquisas na área de genética e melhoramento de búfalos pela EMBRAPA em parceria com a UFRB, sob a orientação da Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Maria Vanderly Andréa. No mês de dezembro de 2010, submeteu-se à banca examinadora para defesa do Trabalho de Conclusão de Curso de Graduação em Zootecnia.

Ingressou no Programa de Pós Graduação em Ciência Animal em março de 2011 na mesma Instituição, realizando um período sanduíche na Universidade Estadual de Maringá – UEM. No dia 28 de fevereiro de 2013, obteve o título de Mestre em Ciência Animal.

Em março de 2013, ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia, em nível de doutorado, área de concentração: Produção Animal, Universidade Estadual de Maringá, sob a orientação da Professora Doutora Eliane Gasparino e coorientação da Professora Doutora Meiby Carneiro de Paula Leite e do Professor Doutor Carlos Antonio Lopes de Oliveira.

Em fevereiro de 2016, submeteu-se à banca para qualificação da tese de doutorado.

## ÍNDICE

	Página
RESUMO.....	xi
ABSTRACT.....	xiii
I. INTRODUÇÃO.....	1
II. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
1. PARÂMETROS POPULACIONAIS.....	3
1.1 Endogamia.....	4
1.2 Tamanho Efetivo de População.....	5
2. CRUZAMENTO EM MELHORAMENTO GENÉTICO ANIMAL.....	6
3. CRUZAMENTOS.....	8
4. A RAÇA PURUNÃ.....	8
5. MODELOS DE AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO.....	10
III. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	14
IV. OBJETIVOS.....	23
V. ARTIGO 1 - PADRÕES DE CRESCIMENTO DE BOVINOS DE CORTE DE DIFERENTES GRUPOS GENÉTICOS ENVOLVIDOS NA FORMAÇÃO DA RAÇA PURUNÃ.....	24
RESUMO.....	24
ABSTRACT.....	24
Introdução.....	25
Material e Métodos.....	26
Resultados e Discussão.....	28

Conclusões.....	31
Agradecimentos.....	31
Referências Bibliográficas.....	31
VI. ARTIGO II - ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL DE ANIMAIS FORMADORES DA RAÇA PURUNÃ.....	41
RESUMO.....	41
ABSTRACT.....	41
Introdução.....	42
Material e Métodos.....	43
Resultados e Discussão.....	44
Conclusões.....	46
Referências Bibliográficas.....	46
VII. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	51

## LISTA DE TABELAS

Página

**ARTIGO I**

Tabela 1. Médias do peso (kg) seguido do desvio padrão ( $\pm$ ) e número de animais (N) obtidos em cada pesagem para os diferentes Grupos Genéticos (GG).....	35
Tabela 2. Descrição dos modelos testados.....	36
Tabela 3. Estimativas dos parâmetros dos modelos sem restrição e modelos com restrições ajustados para peso entre os diferentes grupos genéticos, e respectivas somas de quadrados do resíduo da regressão (SQRR).....	37

**ARTIGO II**

Tabela 1. Tamanho efetivo no período de 1981 a 2012 em bovinos formadores da raça Purunã.....	50
Tabela 2. Dados referentes à endogamia na população referência da raça Purunã no Brasil (1980 a 2012).....	50

## LISTA DE FIGURAS

	Página
<b>ARTIGO I</b>	
Figura 1 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos G vs F (C1); G vs H (C2); G vs E (C3).....	39
Figura 2 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos F vs H (C4); F vs E (C5).....	40
Figura 3 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos H vs E (C6).....	40
<b>ARTIGO II</b>	
Figura 1 Integralidade do <i>Pedigree</i> dos animais até a terceira geração do rebanho da Raça Purunã no Brasil.....	50

## RESUMO

Os objetivos deste trabalho foram estimar o padrão de crescimento e descrever a estrutura populacional, tamanho efetivo e o coeficiente de endogamia de bovinos cruzados de diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã. Utilizaram-se dados do registro genealógico de bovinos formadores da raça Purunã do Instituto Agrônomo do Paraná. Utilizou-se o modelo de regressão não linear de Brody com diferentes parametrizações de modelos. O primeiro modelo considerou que não existe restrição no espaço paramétrico (M1), e os demais modelos (M2, M3 e M4) apresentaram diferentes números de restrições. A comparação dos modelos se deu pelos seguintes contrastes: C1 = grupo G x F; C2 = G x H; C3 = G x E; C4 = F x H; C5 = F x E e C6 = H x E. Para o cálculo dos parâmetros populacionais, o banco de dados foi dividido em três gerações. Calculou-se o coeficiente de endogamia populacional e o tamanho efetivo populacional e a integralidade do pedigree. Os resultados mostraram que os modelos M1, M2 e M3 apresentaram valores de A e k superestimados em relação ao M4. As curvas de crescimento entre o C1; C3; C5 e C6 mostraram melhor adequação para o M1. O M2 se mostrou mais adequado na estimativa dos parâmetros para o contraste C2. No contraste C4, o M3 se mostrou mais eficiente. Obteve-se maior valor de A para o grupo G (771,9); seguido do F (677,2); H (583,7) e E (452,1). O maior valor k foi observado na comparação do grupo F com o G (0,000948). Existe diferença entre o padrão de crescimento dos grupos genéticos. Indivíduos com composição  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb são mais pesados e tardios, ao passo que aqueles com composição  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar são mais precoces. Quanto à análise da estrutura populacional, o tamanho efetivo da população foi de 2.317,93; e de 483,31, 720,55, 1.101,46 para as gerações 1, 2 e 3, respectivamente. Dos 11.923 animais do banco de dados, 840 apresentaram coeficiente de endogamia acima de zero, com coeficiente de

endogamia médio de 3,2%. O estudo da integralidade do pedigree mostrou que dos 11.923 animais, identificou-se 2,64% dos pais, 18,78% das mães, 1,80% dos avôs paternos, 9,32% dos avôs maternos, 1,25% dos bisavôs paternos e 5,36% dos bisavôs maternos. Os parâmetros populacionais se mantiveram dentro do estabelecido. A população formadora da raça Purunã possui um número pequeno de animais endogâmicos, com níveis de endogamia baixos. É recomendável que os selecionadores utilizem touros e matrizes de ampla variedade genética para manutenção da variabilidade na raça.

**Palavras-chave:** endogamia, modelos de crescimento, tamanho efetivo

## ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the growth pattern and describe the population structure, effective size and the coefficient of inbreeding of cattle crossed from different genetic groups involved in the formation of the race Purunã. We used data from the registry for cattle of Instituto Agronômico do Paraná. We used the model of non-linear regression of Brody with different configurations of models. The first model considered that there is no restriction on the parametric space (M1), and the other models (M2, M3 and M4) had different numbers of restrictions. The comparison of the models gave the following contrasts: C1 = G x F; C2 = G x H; C3 = G x E; C4 = F x H; C5 = F x E and C6 = H x E. For the calculation of population parameters, the database was divided into three generations. We calculated the coefficient of inbreeding population and the effective population size and the integrality of the pedigree. The results showed that the M1, M2 and M3 presented values of A and k overestimated in relation to the M4. The growth curves between the C1, C3, C5 and C6 showed better adaptation to the M1. The M2 was more suitable for the estimation of parameters for the contrast C2. In contrast, C4, the M3 has been shown to be more efficient. It was obtained greater value for the group G (771.9); followed by the F (677.2); H (583.7) and E (452.1). The largest k value was observed in the comparison of group F WITH G (0.000948). There is a difference between the growth pattern of the genetic groups. Individuals with composition  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb are heavier and late, while those with composition  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar are Early. As the analysis of population structure, the effective size of the population was 2,317.93; and 483.31, 720.55,

1,101.46 for generations 1, 2 and 3, respectively. Of the 11,923 animals in the database, 840 had a coefficient of inbreeding above zero, with a coefficient of inbreeding middle of 3.2%. The study of the integrality of the pedigree showed that the 11,923 animals, it was 2.64% of parents, 18.78% of mothers, 1.80% of the paternal grandparents, 9.32% of maternal grandparents, 1.25% of the paternal great-grandfather and 5.36% of maternal great-grandfather. The population parameters remained within the established. The population precursor of race Purunã has a small number of animals inbred, with levels of inbreeding. It is recommended that the selectors using bulls and arrays of wide genetic variability for the maintenance of variabilidade in race.

Keyword: effective size, endogamy, growth models,

## I. INTRODUÇÃO

O Brasil se mantém em um quadro favorável no mercado de exportações de proteína animal, sendo as carnes suína e bovina aquelas que lideram as exportações para os próximos anos, com taxas de crescimento anual de 2,6% e 2,5% respectivamente, sendo que em 2012 a carne bovina foi destinada a 142 mercados, a carne de frango a 152 países, e a carne suína a 75 países (MAPA, 2014). Em comparação com outros países mais desenvolvidos, o rebanho brasileiro ainda precisa de avanços no que se refere ao melhoramento genético. A elevada diversidade de raças e animais com diferentes pesos vivos com a mesma idade determina uma grande desuniformidade das carcaças.

Atualmente, o país é considerado como o maior exportador de carne bovina, em razão do tamanho do rebanho comercial, das grandes áreas de pastagens, da elevada produção de grãos, de seus subprodutos e do aumento da produtividade de 2,5% ao ano na última década (Missio et al., 2009).

Ainda que existam perspectivas de aumento, a carne bovina brasileira encontra restrições no mercado mundial pela falta de qualidade, caracterizando-se principalmente pela escassa marmorização, deficiente acabamento e pouca maciez (Rotta et al., 2009b). De acordo com os mesmos autores, esses problemas decorrem de fatores genéticos, como raças e cruzamentos, além da alimentação, idade de abate e manejo.

Os estudos em melhoramento genético animal visam definir técnicas e/ou processos para diminuir o ciclo de produção, tornando-o mais viável economicamente. Entretanto, de acordo com Malhado et al. (2008), para a viabilidade dos programas de melhoramento genético, é imprescindível que se conheçam os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e no progresso genético, como por exemplo, tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética.

Neste sentido, as informações referentes ao *pedigree* são essenciais para avaliar a endogamia, o tamanho efetivo, a diversidade genética e diversos outros parâmetros populacionais (Faria et al., 2001a, b; Faria et al., 2002; Vercesi Filho et al., 2002). Os estudos da estrutura das populações, mediante informações de pedigree, podem esclarecer importantes circunstâncias que afetam o histórico genético das populações (Valera et al., 2005).

Somado a isto, o sucesso do melhoramento genético depende também do uso de ferramentas como o cruzamento, a qual pode permitir a utilização de genótipos mais adequados ao seu sistema de produção e o atendimento da exigência de mercado, melhorando os índices de produtividade (Perotto et al., 1998; Restle et al., 1999).

O cruzamento de raças europeias com as zebuínas permite aumento de produção de carne, melhora no desempenho e nas características de carcaça pela possibilidade da redução da idade de abate em função da maior velocidade de ganho que os animais cruzados apresentam em relação aos zebuínos puros (Restle et al., 2002).

No Brasil, os programas de avaliação genética de bovinos de corte, geralmente, contemplam características de crescimento como o peso, medido em determinadas idades, normalmente ao nascimento, ao desmame e ao sobreano (Alencar, 2002). A seleção para essas características pode resultar em animais mais pesados à idade adulta (Silva et al., 2000; Talhari et al., 2003; Castro-Pereira et al., 2007).

O estudo das curvas de crescimento podem ser realizados por meio de modelos não-lineares, e podem ser aplicadas para resumir, em três ou quatro parâmetros, as características de crescimento da população, pois alguns parâmetros dos modelos não-lineares possuem interpretação biológica, como peso assintótico (A) e taxa de crescimento (k); além de possibilitar a identificação, em uma população, dos animais de maior peso em menor idade (Freitas, 2005, Carneiro et al., 2009; Malhado et al., 2009; McManus et al., 2010).

Em bovinos, estudos do crescimento já foram realizados por Abreu et al. (2004) utilizando modelos não lineares de Brody, Gompertz, Logística e Von Bertalanffy, ajustando peso e idade pelo método de Gauss-Newton para mensurar animais do nascimento aos 27 meses. Os modelos são ideais para descrever o crescimento, pois possuem parâmetros com interpretação biológica, importantes no entendimento do fenômeno (Brown et al., 1976).

Os produtores usam estratégias para melhorar o sistema de produção, e para isso utilizam ferramentas buscando aumento em quantidade e qualidade da produção. Portanto, o estudo do crescimento dos animais utilizando modelos não lineares pode auxiliar na definição de critérios de seleção, visando aumento da taxa de crescimento dos animais e, conseqüentemente, melhorias em todo o processo da produção pecuária.

## II. REVISÃO DE LITERATURA

### 1. PARÂMETROS POPULACIONAIS

O estudo dos parâmetros populacionais nos programas de melhoramento possui papel fundamental por permitir a identificação de como se apresenta a estrutura genética da população. Para o melhoramento genético, é importantíssimo o conhecimento dos fatores que interferem na seleção e no progresso genético, como a intensidade de seleção, intervalo de gerações, tamanho efetivo da população, variabilidade genética e coeficiente de endogamia (Amaral, 2012).

Neste sentido, o conhecimento da evolução genética de uma população, através do estudo de sua estrutura, é importante não só para nortear ajustes eventualmente necessários, mas também para avaliar o programa adotado (Euclides-Filho et al., 2000; Malhado et al., 2008b; Weber et al., 2009). Isso porque, principalmente no processo de avaliação, o valor genético do indivíduo é calculado utilizando informações de desempenho próprio e de seus parentes. Informações incorretas ou incompletas de parentesco diminuem a acurácia desses valores, interferindo diretamente no progresso genético.

No Brasil diversos estudos têm sido realizados com algumas raças a fim de avaliar o progresso genético para características de desenvolvimento ponderal (Oliveira et al., 1995, Euclides Filho et al., 2000, Ferraz Filho et al., 2002; Malhado et al., 2005a,b; Malhado et al., 2008b).

A realização destes estudos depende de um pedigree baseado em informações bem estruturadas, evitando alguns erros nos resultados. Alguns softwares estão à disposição dos pesquisadores para auxiliar na análise das informações destes pedigrees, como o MTGSAM, MTDFREML, BLUPF90, entre outros.

## 1.1 Endogamia

A endogamia ou consanguinidade é usada para especificar acasalamentos entre indivíduos mais aparentados entre si que a média da população à qual pertencem (Oliveira et al., 1999). O coeficiente de endogamia mede a probabilidade de um indivíduo, em um determinado locus, apresentar dois alelos que são idênticos por descendência (Pereira, 2008). Este coeficiente, quando ultrapassa valores superiores a 10%, aumenta significativamente o número de locus em homozigose, aumentando, portanto, a chance de genes recessivos indesejáveis se expressarem (Alcalá et al., 1995).

Em um rebanho, a endogamia é originada, em alguns casos, na má utilização de biotecnologias de reprodução, como a inseminação artificial, na qual, em alguns casos, não há uma gestão genética correta, fazendo com que poucos animais sejam responsáveis por um elevado número de filhos, contribuindo para a redução da variabilidade, sendo esta uma das principais causas do aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo populacional (Faria et al., 2002).

De acordo com Cunha et al. (2003), em função dos efeitos prejudiciais no processo de seleção, o grande desafio passa a ser o de reduzir as taxas de consanguinidade a níveis aceitáveis, no decorrer das gerações ou, de outra forma, tentar otimizar ganhos genéticos em níveis pré determinados.

A manutenção de índices elevados de endogamia tem como consequência o encontro de alelos, devido ao maior nível de homozigose, provocando alguma alteração na média do mérito individual (Shimbo et al., 2000). Porém, muitos produtores lançam mão dessa ferramenta, buscando alcançar prepotência, visto que indivíduos mais endogâmicos geram diminuição da variabilidade, produzindo filhos mais uniformes. Ou seja, quanto maior a homozigose, menor a diversidade de gametas produzidos por um animal.

O coeficiente de endogamia pode ser estimado por meio de informações obtidas do arquivo de genealogia. Esse coeficiente depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o coeficiente médio de endogamia (Breda et al., 2004). O coeficiente de endogamia pode ser calculado pela fórmula descrita por Wright (1922):

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

$F_x$  = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

$n$  e  $n'$  = número de gerações nas linhas através das quais o pai e a mãe são relacionadas (parentes);

$F_A$  = coeficiente de endogamia do ascendente em comum

## 1.2 Tamanho Efetivo de População

Assim como a endogamia, o tamanho efetivo da população é também um parâmetro de importância para delinear programas de melhoramento. O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) representa o número de indivíduos de uma população ideal que daria origem à taxa de endogamia observado na população avaliada. Para Faria et al. (2001), o conceito de tamanho efetivo é extremamente importante na descrição de populações e em programas de melhoramento, devido às suas relações com endogamia e deriva genética (variação do fundo genético existente nas populações que se encontra em harmonia com a seleção natural e é resultante do acaso).

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).

De acordo com Falconer & Mackay (1996), a oscilação do  $N_e$  pode ocorrer em função de fatores como o desvio da razão de sexos (1:1), alterações no censo da população e diferenças no sucesso reprodutivo dos progenitores.

No melhoramento animal, a intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo (Carneiro et al., 2010).

Vários trabalhos realizados com bovinos demonstram uma ampla diversidade entre os valores de tamanho efetivo. No período de 1983 e 1998, Faria (2002) estudou a estrutura populacional de várias raças zebuínas. O estudo foi dividido em quatro quinquênios: 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993 e 1994-1998. Em especial para a raça Nelore, esse autor determinou o coeficiente de endogamia populacional ( $F$ ), a taxa de incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) e o tamanho efetivo ( $N_e$ ).

Os autores encontraram valores que variaram de 0,90 a 2,13%, para o coeficiente médio de endogamia; de 0,50 a 0,73% para o  $\Delta F$  e de 68 a 98 para  $N_e$  durante os quatro quinquênios estudados. O estudo concluiu que a endogamia mostrou-se crescente do primeiro ao último período, excedendo em pouco mais de duas vezes seu valor inicial, assim como o  $\Delta F$ , exceção encontrada para o  $N_e$  que apresentou declínio.

Segundo Muasya et al. (2013), a razão entre número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais ( $f_e/f_a$ ) mostra se os fundadores foram usados de forma equilibrada, ainda que estas razões pareçam ser dependentes da dimensão da população e da intensidade de seleção. Essa razão é resultado da diminuição do número de reprodutores e consequente aumento da endogamia, refletindo na diminuição da variabilidade genética. Quanto maior a distância entre  $f_a$  e  $f_e$ , menor é a participação de todos os animais fundadores na população ao longo das gerações. O ideal é que o  $f_e$  seja igual ao  $f_a$ , ou que a diferença entre eles seja sempre a menor possível (Albuquerque, 2010).

Falconer & Mackay (1996) estimam o tamanho efetivo da população com a aplicação da seguinte expressão:

$$N_e = \frac{4 \cdot N_m N_f}{N_m + N_f}, \text{ em que:}$$

$N_e$  = tamanho efetivo da população;

$N_m$  = número de pais;

$N_f$  = número de mães.

## 2. CRUZAMENTO EM MELHORAMENTO GENÉTICO ANIMAL

O melhoramento genético constitui-se em uma ferramenta fundamental nos sistemas de produção por permitir a identificação dos animais que deixarão descendentes. De acordo com Gramacho (2008), o principal objetivo no melhoramento genético é a obtenção, por meio de seleção, de linhagens que apresentem características desejáveis.

De acordo com Marques et al. (2012), o aumento da eficiência de produção se dá por meio do uso de melhoramento genético, utilizando reprodutores geneticamente superiores, ou seja, indivíduos que tenham passado por um programa de avaliação genética para as características de interesse, com objetivo de atender as exigências atuais do mercado consumidor.

Nos últimos anos, a avaliação genética de bovinos tem amadurecido substancialmente. Para isso, é necessário o uso de alguma variante de metodologia de predição linear e/ou não linear dentro de raça, mediante programas próprios ou com alguns aplicativos específicos.

No cenário atual da produção pecuária, em que existe um grande número de raças de bovinos, são necessários estudos com o intuito de adequar o tipo e o ambiente, podendo aumentar a produtividade desta atividade. Neste sentido, observa-se que a seleção e o cruzamento têm sido umas das ferramentas responsáveis por importantes mudanças na

pecuária de corte do Brasil, permitindo a exploração das diferenças existentes entre as raças e os efeitos da heterose e da complementariedade (Alencar, 2004).

O uso de metodologias de cruzamento não oferece apenas o produto final. Estes animais têm sido cada vez mais utilizados como reprodutores e matrizes, sejam em populações multirraciais ou em sistemas de cruzamentos (Alencar, 2004). Segundo Euclides Filho & Figueiredo (2003), os cruzamentos podem ser utilizados no sentido de atender às mais importantes demandas da cadeia produtiva da carne bovina, sejam elas boa fertilidade, precocidade reprodutiva ou produção de carne macia.

O produto dos cruzamentos entre duas ou mais raças servem como ligações entre populações parentais de raças puras, gerando populações multirraciais simples, formadas por animais puros e cruzados (Elzo & Borjas, 2004). As populações multirraciais são compostas pela reprodução cruzada de animais de raças puras e seus cruzamentos. Nestas populações, pais e mães podem ser de qualquer composição racial.

No melhoramento genético animal o uso de ferramentas como o cruzamento permite utilizar genótipos mais adequados para cada sistema de produção e, conseqüentemente, atender as exigências de mercado (Perotto et al., 1998; Restle et al., 1999). Segundo Restle et al. (2002), o cruzamento de raças europeias com as zebuínas permite aumento de produção de carne, melhora no desempenho e nas características de carcaça pela possibilidade da redução da idade de abate em função da maior velocidade de ganho, que os animais cruzados apresentam em relação aos zebuínos puros.

No Brasil, a raça Nelore (*Bos taurus indicus*) tem sido criada em grande escala, e nos últimos anos tem sido usada em cruzamentos com raças europeias (Rotta et al., 2009b). Este procedimento justifica-se pelo fato de existir alto nível de heterose originária da grande distância genética existente entre os grupos *Bos taurus indicus* e *Bos taurus taurus*, conseqüentemente várias pesquisas têm sido realizadas comparando animais puros e suas cruzas com o Nelore (Rotta et al., 2009a, b).

É comum, nos cruzamentos industriais, o uso de raças europeias como linha paterna, pois apresentam bons ganhos de peso e boa qualidade de carcaça e carne (Ribeiro et al., 2008). Já para a linha materna, as raças zebuínas têm sido as mais utilizadas por apresentarem melhor adaptação ao ambiente tropical, rusticidade e menores exigências de manutenção (Ribeiro et al., 2008).

Em diferentes partes do mundo, uma série de raças compostas ou sintéticas foram formadas, objetivando a produção de genótipos mais adaptados às necessidades de produção. Em trabalhos realizados por Alencar et al. (1995), Muniz et al.(1995) e Alencar et al. (1997)

foram observadas superioridades de animais cruzados Canchim x Nelore em relação aos da raça Nelore para várias características de peso.

### **3. CRUZAMENTOS**

O cruzamento pode ser definido como o acasalamento de indivíduos pertencentes a diferentes raças. Segundo Lush (1964), cruzamento é o acasalamento de dois animais puros, mas que pertençam a raças diferentes.

O uso da ferramenta de cruzamento de animais de diferentes raças ou linhagens tem os seguintes objetivos: Aproveitar as vantagens da heterose; e utilizar a “complementariedade” ou melhoramento em produção, associada à combinação de características desejáveis de duas ou mais raças ou linhagens.

Além destes dois principais objetivos, é muito comum o uso de cruzamentos para a formação de base genética ampla para o desenvolvimento de nova raça. Neste caso, cruzam-se duas ou mais raças, obtendo-se um novo tipo de gado no qual se inicia o processo de seleção.

Outra vantagem do uso de cruzamentos é a combinação de características desejáveis de duas ou mais raças, uma vez que esta ferramenta tende a dividir proporcionalmente o mérito genético das raças envolvidas. São os chamados efeitos de raça, ou seja, características “fixadas” nas raças pela seleção, que passam para o animal cruzado.

Como exemplo, têm-se o cruzamento europeu x zebu, que combina as características do gado zebu (resistência ao calor e a parasitos) e as do gado europeu (crescimento rápido e qualidade de carcaça). O aumento do vigor nos descendentes é denominado vigor híbrido ou heterose. Assim, o poder adaptativo, perdido com a consanguinidade, tende a ser restaurado com o cruzamento (Falconer, 1981).

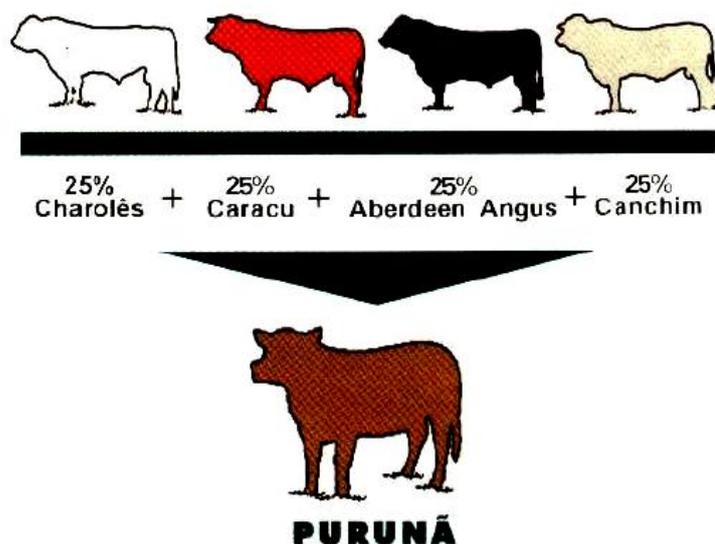
Basicamente, os cruzamentos podem ser classificados em três sistemas: cruzamento simples ou terminal ou industrial; cruzamento contínuo ou absorvente; cruzamento rotacionado ou alternado contínuo.

### **4. A RAÇA PURUNÃ**

O Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR) iniciou em 1980 trabalhos de pesquisa com o objetivo de caracterizar biologicamente as raças Caracu, Charolês, Aberdeen Angus e Canchim quanto aos principais atributos que interferem na produção de carne bovina; avaliar os cruzamentos alternados Charolês x Caracu e Aberdeen Angus x Canchim para produção de carne na região Centro-Sul do Estado, e estimar a heterose retida nas gerações avançadas dos cruzamentos alternados.

Após quinze anos de pesquisas, foram obtidos resultados quanto às estimativas de heterose e de diferenças raciais nos cruzamentos Charolês x Caracu (Perotto et al., 2000a) e Aberdeen Angus x Canchim (Perotto et al., 2000b; Perotto et al., 1996), que davam suporte à hipótese de que a formação de compostos representava uma alternativa viável de exploração dessas raças.

Neste sentido, iniciou-se a formação de um composto contendo 25% de Charolês, 25% de Caracu, 25% de Aberdeen Angus e 25% de Canchim (13/32 Charolês + 8/32 Caracu + 8/32 Aberdeen Angus + 3/32 Zebu). Tal composição racial confere um ótimo balanço de características como ganho de peso, composição de carcaça, idade à puberdade e desempenho materno e teoricamente mantém 84% da heterose para características individuais e maternas, que seria exibida pelos F1 dessas quatro raças. Assim, em 1996, foram iniciados os acasalamentos visando a formação dessa população sintética, sendo denominada de Purunã.



Fonte: IAPAR

Figura 1. Descrição da contribuição genética das raças que deram origem ao sintético Purunã através dos acasalamentos cientificamente controlados por pesquisadores do IAPAR.

As raças participantes do projeto foram escolhidas baseando-se em aspectos relacionados à combinação de características raciais e à possibilidade de maximização do fenômeno heterose em cruzamentos. O delineamento experimental inicial contemplou oito planos de acasalamento, delineados para formar o gado Purunã e gerar uma estrutura de rebanho que permitisse fornecer dados para pesquisa.

O Purunã é composto por animais rústicos, tolerantes ao calor e resistentes ao carrapato, qualidades que vêm do Caracu e do Canchim. O macho tem alta velocidade de ganho de peso

em pastagens, excelente eficiência alimentar em confinamento e elevada porcentagem de cortes nobres, características transmitidas pelo Charolês. Das raças Caracu e Aberdeen Angus as vacas herdaram docilidade, precocidade, boa habilidade materna e tamanho adulto moderado. O marmoreio e a cobertura de gordura revelam uma carcaça de alta qualidade, característica adquirida do Aberdeen Angus. A maioria dos animais tem pelagem avermelhada, podendo variar entre branco, baio e negro (Perotto, 2008).

Desde o desenvolvimento deste sintético nacional, várias pesquisas foram desenvolvidas acerca dos índices produtivos da raça Purunã (Rotta et al., 2009). Além de trabalhos que dizem respeito ao desempenho produtivo dos animais em diferentes condições nutricionais e os respectivos efeitos nas características de carcaça (Rodrigues, 2006; Molleta, 2011; Kuss et al., 2009; Pinto, 2010).

Na comercialização de carnes bovinas, dentre outras características, a idade ao abate assume um posto importante, pois quanto mais jovens, maior maciez da carne, sendo mais valorizados. Restle & Vaz (2003) descreveram economia de energia de 45% na produção de bovinos superprecoces (1,09 kg NDT/animal) em comparação aos animais jovens (1,92 kg de NDT/kg).

A redução da idade de abate e a escolha do grupo genético têm sido estudadas como fatores de melhora no desempenho e nas características da carne (Vaz et al., 2002; Menezes et al., 2005; Pacheco et al., 2005b).

A manutenção do sucesso nos programas de cruzamento entre raças, com a contribuição efetiva no aumento da produtividade dos rebanhos, depende dos estudos dos fatores de ambiente e genéticos sobre o desempenho dos animais cruzados, visando auxiliar a determinação de práticas de manejo e de critérios de seleção.

Dentre outras atividades, a eficiência dos programas de melhoramento depende também do conhecimento e controle de características relacionadas ao crescimento dos animais, tornando-se cada vez mais um tema de grande interesse dos pesquisadores. Desta forma, o estudo de curvas de crescimento e alometria têm sido utilizados como uma forma de avaliar o desenvolvimento animal, dando suporte às mais variadas formas de avaliação animal.

## **5. MODELOS DE AVALIAÇÃO DO CRESCIMENTO**

Nos sistemas de produção animal os estudos envolvendo características de crescimento têm se tornado cada vez mais constantes, haja vista que o conhecimento do comportamento destas características pode trazer melhores índices de rentabilidade na produção. O

crescimento é uma função primordial, pois apresenta relação direta com a quantidade e a qualidade da carne, produto final da exploração na bovinocultura de corte.

O conhecimento dos fatores que determinam o crescimento e o desenvolvimento dos tecidos do corpo é fundamental para a adequação de programas de melhoramento, de manejo nutricional, ambiência, definição da idade de abate, entre outros, para alterar a quantidade e a qualidade da carne produzida (Marques et al., 2012).

O crescimento animal é definido como o aumento de massa corporal, decorrente de mudanças na capacidade funcional de vários órgãos e tecidos do animal, que ocorrem desde a concepção até a maturidade (Sillence, 2004). É um fenômeno biológico complexo que envolve as interações entre fatores hormonais, nutricionais, genéticos e metabólicos (Bultot et al., 2002). De acordo com Fitzhugh Jr. (2006), o crescimento dos animais pode ser representado por meio de uma curva sigmoide que descreve uma sequência de medidas de tamanho em função do tempo (peso-idade, altura da garupa-idade, área de olho de lombo-idade).

O estudo das curvas de crescimento permite acompanhar o desenvolvimento animal em todas as fases da vida, avaliar parâmetros biologicamente importantes, como o tamanho e peso do animal e maturidade sexual, como também determinar técnicas adequadas de manejo, identificação de animais mais eficientes, entre outros (Freitas, 2005).

A curva de crescimento é representada por três fases principais: na primeira fase, a taxa de crescimento é elevada e positiva, ocorrendo logo após a concepção e indo até a puberdade, chegando ao máximo no ponto de inflexão da curva; após a puberdade, inicia-se a fase de crescimento desacelerado, em que uma série de fatores inibe a taxa de crescimento, embora o animal não deixe de crescer; posteriormente, o animal atinge a fase de maturidade fisiológica, onde a curva atinge o platô, com crescimento muito lento de outros tecidos (Owens et al., 1993; Hossner, 2005).

Modelos matemáticos não lineares, desenvolvidos empiricamente para relacionar dados peso-idade têm se mostrado adequados para descrever curvas de crescimento (Oliveira et al., 2000). Estes modelos apresentam, em sua maioria, três parâmetros com interpretação biológica e um quarto que se apresenta como constante matemática (Elias, 1998). O primeiro parâmetro, peso assintótico superior ( $A$ ), representa o peso na maturidade (peso adulto). O segundo, definido como taxa de maturidade pós-natal ( $k$ ), é um indicador da velocidade com que o animal se aproxima do peso adulto (valores altos indicam maturidade precoce e valores baixos, maturidade tardia). O terceiro, denominado de parâmetro de inflexão ( $M$ ), refere-se ao ponto em que o animal passa de uma fase de crescimento acelerada para uma fase de

crescimento inibitória. O quarto parâmetro (b) não possui interpretação biológica, sendo utilizado para adequar o valor inicial do peso vivo, fazendo com que a curva passe pela origem (Duarte, 1975).

Partindo-se do princípio de que nos sistemas de produção é comum a coleta de informações referentes às medidas de peso ao longo da vida do animal, torna-se possível ajustar funções de crescimento que possam auxiliar na definição de critérios de seleção. Os modelos lineares e não-lineares, que relacionam os pesos (y) e as idades (t) dos animais, possibilitam modelar o crescimento do animal até a sua idade adulta.

Na literatura estão disponíveis diferentes funções não lineares que podem descrever curvas de crescimento animal, e esses possuem diferenças entre si em relação aos ajustes estatísticos e biológicos. Porém, alguns requisitos devem ser seguidos para que um modelo matemático não linear de crescimento seja descritivo de uma relação peso-idade (Fitzhugh Júnior, 2006). Entre eles, destacam-se: a interpretação biológica dos parâmetros (confiabilidade), ajustes com pequenos desvios (precisão), e o grau de dificuldade do ajuste (facilidade operacional).

Neste sentido, é necessário escolher o melhor modelo mediante informações quanto à qualidade de ajuste aos dados: convergência ou não do modelo; média dos quadrados médios do erro (QME) - calculada dividindo-se a soma de quadrados do resíduo pelo número de observações, sendo o estimador de máxima verossimilhança da variância residual; e o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) que é calculado:  $1 - (SQR/SQTc)$ , em que SQR é a soma de quadrados do resíduo e SQTc, a soma de quadrados total corrigida pela média (Paz et al., 2004).

Os modelos não-lineares mais utilizados são:

Modelo Brody (1945):  $Y_t = A(1 - Be^{-Kt})$

Modelo Von Bertalanffy (Bertalanffy, 1957):  $Y_t = A(1 - Be^{-Kt})^3$

Modelo Richards (Richards, 1959):  $Y_t = A(1 - Be^{-Kt})^m$

Modelo Logístico (Nelder, 1961):  $Y_t = A(1 - Be^{-Kt})^{-1}$

Modelo Gompertz (Laird, 1965):  $Y_t = Ae^{-Be^{-Kt}}$

Os parâmetros existentes nos modelos não lineares podem ser comuns ou não, sendo possível associar significado biológico a quase todos eles.

O conhecimento dos parâmetros nos modelos não lineares pode facilitar o entendimento do processo de crescimento, além de outras etapas no sistema de produção. Além disso,

possibilitam também a avaliação dos fatores genéticos e ambientais que influencia esta curva, podendo alterá-la por meio da seleção, ou seja, é possível identificar animais com maior velocidade de crescimento, maior ganho de peso em determinada fase, sendo mais preciso na escolha de indivíduos superiores (Santoro et al., 2005; Sarmento et al., 2006).

Através de análises de sete funções não lineares, Tedeschi et al. (2000) descreveram o crescimento de machos e fêmeas da raça Guzerá e seus cruzamentos ( $3/4$ Guzerá- $1/4$ Pardo Suíço,  $1/2$ Nelore- $1/4$ Pardo Suíço- $1/4$ Guzerá,  $1/2$ Pardo Suíço- $1/2$ Guzerá,  $1/2$ Chianina- $1/4$ Pardo Suíço- $1/4$ Guzerá,  $1/2$ Caracú- $1/2$ Guzerá,  $1/2$ Caracú- $1/4$ Pardo Suíço- $1/4$ Guzerá) submetidos a diferentes dietas, com o intuito de selecionar a função que apresentasse melhores índices estatísticos. Os autores verificaram que a função que apresentou melhores ajustes dos parâmetros de seleção foi a função de Gompertz, seguido da função de Von Bertalanffy. A função de Richards apresentou grande dificuldade de ajuste computacional. A função de Brody apresentou as maiores estimativas de peso adulto, e as funções de Gompertz modificada e a Logística apresentaram menores estimativas dos parâmetros.

Em estudos de modelos não lineares, Perotto et al. (1997) relatam índices como a taxa média de crescimento absoluto; taxa de manutenção absoluta; grau de maturidade e idade no ponto de inflexão. Estes índices são usados como auxílio em programas de melhoramento genético.

### III. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU U.G.P., COBUCI J.A., SILVA M.V.G.B.; SERENO, J.R.B. Uso de modelos no lineares para el ajuste de la curva de crecimiento de bovinos Pantaneiros. **Archivos de Zootecnia**, v. 53, p. 367-370, 2004.

ALBUQUERQUE, A.L.S. **Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça Pardo-suíça no estado do Ceará**. 2010. 48p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Ceará. Fortaleza (Ceará).

ALCALÁ, A.M.; FRANGANILLO, A.R.; CÓRDOBA, M.V. Analisis genético de los niveles de consanguinidad en la raza Retinta. **Archivos Latino americanos de Producción Animal**, v.44, p.257-265, 1995.

ALENCAR, M.M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande: **Anais...**Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. p. 358-367.

ALENCAR, M.M. Critérios de seleção em bovinos de corte no Brasil. In: SIMPOSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002.Campo Grande, MS. **Anais...**Campo Grande: SMBA, 2002.

ALENCAR, M.M. Los cruzamientos para la producción de carne bovina. In: CONGRESO INTERNACIONAL DE TRANSFERENCIA DE TECNOLOGÍA AGROPECUARIA, 5, 1997, Asunción. **Anais...** Asunción: CEA, 1997. p.111-122.

ALENCAR, M.M., BARBOSA, P.F., BARBOSA, R.T. et al. Parâmetros genéticos para peso e circunferência escrotal em touros da raça Canchim. **R. Soc. Bras. Zootec.**, v. 22, n 4, p. 572-583, 1993.

AMARAL, R.S.. **Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em Nelore Mocho do Nordeste do Brasil**. 2012. 107f. (Tese) Universidade estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, Itapetinga, Ba.

BERTALANFFY, L. VON. Quantitative laws in metabolism and growth. **Quarterly Review of Biology**, Chicago, v. 32, p. 217-230, 1957.

BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, 235, Supl. 2, p.2017-2025, 2004.

BRODY, S. **Bioenergetics and growth**. New York: Reinhold, 1945. 1023 p.

BROWN, J. E.; FITZHUGH JR, H.A.; CARTWRIGHT, T. C. A comparison of nonlinear models for describing weight-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 42, p. 810-818, 1976.

BULTOT, D. et al. Performances and meat quality of Belgian Blue, Limousin and Aberdeen Angus bulls fattened with two types of diet. **In: Rencontre des recherches sur ruminants**, 2002, Paris. Proceedings... Paris, 2002. p. 271.

CARNEIRO, PLS.; MALHADO, CHM.; MARTINS FILHO, R. 2010. Estrutura Populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. **In: VI Congresso Nordestino de produção Animal**. SNPA 29a, Mossoró: RN.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AFONSO, P.R.A.M.; PEREIRA, D.G.; SUZART, J.C.C.; RIBEIRO JÚNIOR, M.; ROCHA, J.L. Curva de crescimento em caprinos, da raça Mambrina, criados na caatinga. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.3, p.536- 545, 2009.

CASTRO-PEREIRA, V.M.; ALENCAR, M.M.; BARBOSA, P.F. Estimativas de parâmetros genéticos e de ganhos direto e indireto à seleção para características de crescimento de machos e fêmeas da raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.4, p.1037-1044, 2007.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; RIBEIRO JUNIOR, J.I.; CARNEIRO, P.C.S. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1297 – 1303, 2003.

DUARTE, F.A.M. **Estudo da curva de crescimento de animais da raça Nelore**. 1975. 284 p. Tese (Livre Docência) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

ELIAS, A.M. **Análise de curvas de crescimento de vacas Nelore Guzerá e Gir**. 1998. 128 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

ELZO, M.A.; BORJAS, A.R. Perspectivas da avaliação genética multirracial em bovinos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v.5, n.4, p. 171-185, 2004.

EUCLIDES FILHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. Retrospectiva e perspectivas de cruzamentos no Brasil. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE CRUZAMENTO DE BOVINOS DE CORTE, 1., 2003, Londrina, **Anais...**Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, 2003. P. 9-36.

EUCLIDES FILHO, K. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, p. 787-791, 2000.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C.. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. New York: Longman. 1996, 464p.

FALCONER, D.S. **Introdução à Genética Quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1981, 279 p. (Tradução: SILVA. M.A. & SILVA, J.C.).

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

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

FARIA, F.J.C.; VERCESI-FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30(6S), p.1984-1988, 2001a.

FERRAZ FILHO, P.B.; RAMOS, A.A.; SILVA, L.O.C. et al. Tendência genética dos efeitos direto e materno sobre os pesos à desmama e pós-desmama de bovinos da raça Tabapuã no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.2, p.635-640, 2002.

FITZHUGH Jr. D.F. **Uso de recursos computacionais**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2006. 159 p.

FREITAS, A.R. Curvas de Crescimento na produção animal. **Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 786-795, 2005.

GRAMACHO, K.P. Uso do comportamento higiênico nos programas de melhoramento de abelhas. In: In: CONGRESSO BRASILEIRO DE APICULTURA, 2008, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: CBA, [2008] (CD-ROM).

HOSSNER, K.L. Development of Muscle, Skeletal System and Adipose Tissue. In: HOSSNER, K.L. Hormonal regulation of farm animal growth. Cambridge: **CABI International**, 2005, p. 1-12.

KUSS, F.; LOPEZ, J.; BERCELLOS, J.O.B.; RESTLE, J.; MOLETTA, J.L.; PEROTTO, D. Características da carcaça de novilho não-castrados ou castrados terminados em confinamento e abatidos aos 16 ou 26 meses de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 3, p. 515-522, 2009.

LAIRD, A. K. Dynamics of relative growth. **Growth**, Bar Harbor, v. 29, p. 249-263, 1965.

LUSH, J.L. **Melhoramento Genético dos Animais Domésticos**. Rio de Janeiro, RJ, USAID, 1964. 570 p.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MELO, P.R.A.R.; PEREIRA, D.G.; SOUZA, J.L.; MARTINS FILHO, R. Modelos não lineares utilizados para descrever o crescimento de bovinos da raça Nelore no estado da Bahia: 1. Efeito ambiental. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.4, p.821- 829, 2009.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.215-220, 2008a.

MALHADO, CHM.; CARNEIRO, PLS.; PEREIRA, DG.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008b.

MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; LÔBO, R.N.B. et al. Tendência genética sobre características relacionadas à velocidade de crescimento de bovinos nelore na região Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, p.60-65, 2005b.

MAPA. MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Projeções do Agronegócio Mundial e Brasil 2012/2013 – 2022/2023**. Relatório de referência. Brasília, DF, Brazil, 98p. Disponível em :[http://www.agricultura.gov.br/arq\\_editor/projecoes%20-%20versao%20atualizada.pdf](http://www.agricultura.gov.br/arq_editor/projecoes%20-%20versao%20atualizada.pdf).

Acesso: em 12 de agosto de 2014.

MARQUES, E.G.; MAGNABOSCO, C.U.; LOPES, F.B. Índices de seleção para bovinos da raça Nelore participantes de prova de ganho em peso em confinamento. **Revista Brasileira Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.13, n.3, p.669-681, 2012.

McMANUS, C.M.; LOUVANDINI, H.; CAMPOS, VAL. Non linear growth curves for weight and height in four genetic groups of horses. **Ciência Animal Brasileira**, v.11, p.80-89, 2010.

MENEZES, L.F.G.; RESLTE, J.; VAZ, F.N. et al. Composição física da carcaça e qualidade da carne de novilhos de gerações avançadas do cruzamento alternado entre as raças Charolês e Nelore, terminados em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.946-956, 2005.

MISSIO, R.L.; BRONDANI, I.L., FREITAS, L. da S.; SACHET, R.H.; SILVA, J.H.S. da; RESTLE, J.. Desempenho e avaliação econômica da terminação de tourinhos em confinamento alimentados com diferentes níveis de concentrado na dieta. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.7, p.1309-1316, 2009

MUASYA, T. K.; PETERS, K.J.; KAHN, A.K. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. **Recursos genéticos animais**, v. 52, p. 127-137, 2013.

MUNIZ, C.A.S.D., QUEIROZ, S.A., ALBUQUERQUE, L.G. Avaliação de características de crescimento de animais Nelore e seus cruzados. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32, 1995, Brasília. **Anais...**Brasília: SBZ, 1995, p.645-646.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **Biometrics**, Washington, v. 17, p. 89- 100, 1961.

OLIVEIRA, H.N. de; LÔBO, R.B.; PEREIRA, C.S. Comparação de modelos não-lineares para descrever o crescimento de fêmeas da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília. V. 35, n. 9, p. 1843-1851, 2000.

OLIVEIRA, H.P.Q. **Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore**. 2010. 76 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga.

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.

OLIVEIRA, J.A.; LÔBO, R.B.; NUNES, H.O. Tendência genética em pesos e ganhos de pesos em bovinos da raça Guzerá. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.30, n.11, p.1355-1360, 1995.

OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 71, n.11, p. 3138-3150, 1993.

PACHECO, P.S.; RESTLE, J.; SILVA, J.H.S. Composição física da carcaça e qualidade da carne de novilhos jovens e super jovens de diferentes grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.5, p.1691-1703, 2005.

PAZ, C.C.P.; PACKER, I.U. ; FREITAS, A.R.; REGITANO, L.C.; ALENCAR, M.M. Ajuste de modelos não-lineares em estudos de associação entre polimorfismos genéticos e crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 33, n. 6, p. 1416-1425, 2004.

PEREIRA, J. C. de C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: Ed. FEP-MVZ, 2008, 416 p.

PEROTTO, D. **Reportagem Folha Rural**. 03 de maio. 2008. Disponível em: <http://www.iapar.br/modules/noticias/article.php?storyid=344>. Acesso em: 05 set 2015.

PEROTTO, D.; MOLETTA, J.L.; CUBAS, A.C. Características quantitativas da carcaça de bovinos Charolês, Caracu e cruzamentos recíprocos terminados em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**., v.29, n.1, p.117-124, 2000a.

PEROTTO, D.; CUBAS, A.C.; MOLETTA, J.L.; et al. Heterose sobre os pesos de bovinos Canchim e Aberdeen Angus e de seus cruzamentos recíprocos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.12, p.2511-2520, 2000b.

PEROTTO, D.; CUBAS, A.C.; MOLETTA, J.L. et al. Pesos ao nascimento e à desmama e ganho de peso do nascimento à desmama de bovinos Charolês, Caracu e cruzamentos recíprocos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, n.4, p.730-737, 1998.

PEROTTO, D.; CASTANHO, M.J.P.; CUBAS, A.C.; ROCHA, J.L.; PINTO, J.M. Efeitos genéticos sobre as estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento de fêmeas bovinas Gir, Guzerá, Holandês x Gir e Holandês x Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 26, n. 4, p. 719-725, 1997.

PEROTTO, D., CUBAS, A.C., MOLETTA, J.L. Desenvolvimento ponderal até a desmama de bovinos oriundos de sistemas de cruzamentos entre Canchim e Aberdeen Angus. In: REUNIÃO ANUAL DA SOC. BRAS. DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. **Anais...** Fortaleza: SBZ, 1996. p. 133-135.

PINTO, A.A. **Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos abatidos com 16 ou 22 meses e com 422, 470 ou 520 kg de peso vivo**. 2010. 75 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

RESTLE, J.; VAZ, F.N. Eficiência e qualidade na produção da carne bovina. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40; 2003, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Sociedade Brasileira de Zootecnia. [2003]. (CD-ROM).

RESTLE, J.; PASCOAL, L.L.; FATURI, C. et al. Efeito do grupo genético e da heterose nas características quantitativas da carcaça de vacas de descarte terminadas em confinamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.1, p.350- 362, 2002.

RESTLE, J.; POLLI, V.A.; SENNA, D.B. Efeito de grupo genético e heterose sobre a idade e peso à puberdade e sobre o desempenho reprodutivo de novilhas de corte. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.4, p. 701-707, 1999.

RIBEIRO, E.L.A.; HERNANDEZ, J.A.; ZANELLA, E.L. et al. Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.9, p.1669-1673, 2008.

RICHARDS, F. J. A flexible growth function for empirical use. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 10, p. 290-300, 1959.

RODRIGUES, K.K.N.L. **Avaliação do desempenho e características de carcaça de bovinos mestiços Purunã, alimentados com diferentes níveis de energia**. 2006. 115 f.

Dissertação (Mestrado). Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Paraná, Paraná.

ROTTA, P.P.; PRADO, I.N.; PRADO, R.M. et al. Carcass characteristics and chemical composition of the Longissimus muscle of Nelore, Caracu and Holstein-friesian bulls finished in a feedlot. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v.22, n.4, p.598-604, 2009a.

ROTTA, P.P.; PRADO, R.M.; PRADO, I.N. et al. The effects of genetic groups, nutrition, finishing systems and gender of Brazilian cattle on carcass characteristics and beef composition and appearance: a review. **Asian- Australasian Journal of Animal Science**, v.22, n.12, p.1718-1734, 2009b.

SANTORO, K.R.; BARBOSA, S.B.P.; BRASIL, L.H.A.; SANTOS, E.S. Estimativas de parâmetros de curvas de crescimento de bovinos Zebu, criados no Estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 6, p. 2262-2279, 2005.

SARMENTO, J.L.R.; REGAZZI, A.J.; SOUZA, W.H.; TORRES, R.A. BREDA, F.C.; MEEZES, G.R.O. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 35, n. 2, p. 435-442, 2006.

SILLENCE, M.N. Technologies for the control of fat and lean deposition in livestock. **The Veterinary Journal**, v.167, p.242-257, 2004.

SILVA, A.M., ALENCAR, M.M., FREITAS, A.R., BARBOSA, R.T., OLIVEIRA, M.C.S., NOVAES, A.P., TULLIO, R.R, CORRÊA, L.A. Herdabilidade e correlações genéticas para peso e perímetro escrotal de machos e características reprodutivas e de crescimento de fêmeas, na raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, MG, v. 29, n.06, Suplemento 2, p. 2223-2230, 2000.

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P.; et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3, 2000, Belo Horizonte, **Anais...**, Belo Horizonte: Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2000. p. 388-390.

TALHARI, F.M.; ALENCAR, M.M.; MASIOLI, A.S. Correlações genéticas entre características produtivas das fêmeas em um rebanho da Raça Canchim. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.4, p.880-886, 2003.

TEDESCHI, L.O.; BOIN, C.; NARDON, R.; LEME, P.R. Estudo da curva de crescimento de animais da raça guzerá e seus cruzamentos alimentados a pasto, com e sem suplementação. 2. Avaliação dos parâmetros da curva de crescimento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 9, n. 5, p. 1578-1587, 2000.

VALERA, M. ; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 95, p. 57-66, 2005.

VAZ, F.N.; RESTLE, J.; PACHECO, P.S. et al. Características da carcaça e da carne de novilhos superprecoces de três grupos genéticos, gerados por fêmeas de dois anos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.5, p.1973-1982, 2002.

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, C.F.J.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN; L.A. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latino americano Produção Animal**. v.10,n.2, p. 86- 92, 2002.

VIEIRA, H.C.M. **Análise da Estrutura Genética de Rebanhos da Raça Guzerá de um Programa de Melhoramento Genético**. 2004. 57f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

WEBER, T.; RORATO, P.R.N.; LOPES, J.S.; COMIN, J.G.; DORNELLES, M. de A.; ARAÚJO, R.O. de. Parâmetros genéticos e tendências genéticas e fenotípicas para características produtivas e de conformação na fase pré-desmama em uma população da raça Aberdeen Angus. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38,p.832-842, 2009.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v. 56, p. 289 330–338, 1922.

## IV - OBJETIVOS

O objetivo geral foi estudar o padrão de crescimento e a estrutura populacional de grupos genéticos formadores da raça Purunã.

Os objetivos específicos foram:

- a) Estimar o padrão de crescimento por meio do modelo de regressão não linear de Brody e verificar se existem diferenças no crescimento de bovinos dos diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã.
- b) Descrever a integridade do pedigree, tamanho efetivo e o coeficiente de endogamia de bovinos formadores da raça Purunã.

## V – ARTIGO I

Escrito conforme normas do periódico Pesquisa Agropecuária Brasileira

### **Padrões de crescimento de bovinos de corte de diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã**

**RESUMO:** Os objetivos deste trabalho foram estimar o padrão de crescimento e verificar diferenças no crescimento de bovinos cruzados de diferentes grupos genéticos, por meio do modelo de regressão não linear, utilizando a função Brody. Foram testadas quatro variações de modelo (M1 a M4) e seis contrastes (C1 a C6) para comparação dos grupos. Foram utilizados dados de peso e idade dos grupos genéticos E, F, G e H. Os padrões de crescimento dos grupos genéticos foram adequadamente descritos pelos modelos testados. Os modelos M1, M2 e M3 apresentaram valores de A e k superestimados em relação ao M4. As curvas de crescimento entre o C1; C3; C5 e C6 mostraram melhor adequação para o M1. O M2 se mostrou mais adequado na estimativa dos parâmetros para o contraste C2. Para o contraste C4, o M3 se mostrou mais eficiente. Obteve-se maior valor de A para o grupo G (771,9); seguido do F (677,2); H (583,7) e E (452,1). O maior valor k foi observado na comparação do grupo F com o G (0,000948). Este trabalho demonstrou que existe diferença entre o padrão de crescimento dos grupos genéticos. Indivíduos com composição  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb são mais pesados e tardios, ao passo que aqueles com composição de  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar são mais precoces.

**Palavras-chave:** bovinos de corte, cruzamentos, modelos lineares

### **Growth patterns of beef cattle of different genetic groups involved in the formation of the Purunã race**

**ABSTRACT:** The objective of this work was to estimate the growth pattern and to verify differences in the growth of crossbred cattle from different genetic groups through nonlinear regression model using the Brody function. Have been tested four model variations (M1 - M4) and six contrasts (C1 – C6) to compare groups. Weight and age data were used genetic groups E, F, G and H. The growth patterns of genetic groups were adequately described by the models tested. The models M1, M2 and M3 showed values of A and k overestimated relative to M4. The growth curves between the C1; C3; C5 and C6 showed better matching to the M1. The M2 has proven more suitable in the estimation of parameters for contrast C2. In

contrast to C4, the M3 shows more efficient. Higher value was obtained for the Group G (771.9); followed by the F (677.2); H (583.7) and e (452.1). The largest k value was observed in the comparison of Group F with G (0.000948). There is no difference between the groups' genetic growth pattern. Individuals with  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb composition are heavier and late, while those with composition of  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar are earlier.

**Keywords:** beef cattle, crossing, linear models

### Introdução

O cruzamento entre raças tem sido utilizado como uma alternativa para incrementar a produtividade dos rebanhos, principalmente pelo fato de não existir uma raça perfeitamente adequada para todos os ambientes de produção. Desta maneira, a formação desses indivíduos, denominados de composto, pode responder satisfatoriamente, por explorar as diferenças genéticas aditivas entre raças, sendo manifestado o fenômeno da heterose.

Dentre as raças compostas desenvolvidas no Brasil (Canchim, Simbrasil, Pitangueiras, e outras), destaca-se a raça Purunã. O Purunã foi formado pelo Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). Este composto contém 25% de Charolês, 25% de Caracu, 25% de Aberdeen Angus e 25% de Canchim, ( $\frac{13}{32}$  Charolês +  $\frac{8}{32}$  Caracu +  $\frac{8}{32}$  Aberdeen Angus +  $\frac{3}{32}$  Zebu), e representa uma alternativa viável para a exploração de produção de carne na região Centro-Sul do Estado do Paraná.

Várias pesquisas foram desenvolvidas acerca dos índices produtivos da raça Purunã (Rotta et al., 2009), além de trabalhos que dizem respeito ao desempenho produtivo dos animais em diferentes condições nutricionais e os respectivos efeitos nas características de carcaça (Rodrigues, 2006; Molleta, 2011; Kuss et al., 2009; Pinto, 2010). Porém, ainda existe a necessidade de se avaliar o desenvolvimento desses animais, sendo que as curvas de crescimento são uma alternativa viável.

O crescimento é representado por três fases principais: na primeira fase, a taxa de crescimento é elevada e positiva, ocorrendo logo após a concepção e indo até a puberdade, chegando ao máximo no ponto de inflexão da curva; após a puberdade, inicia-se a fase de crescimento desacelerado, em que uma série de fatores inibem a taxa de crescimento, embora o animal não deixe de crescer; depois dessa fase regressiva, o animal atinge a fase de maturidade fisiológica, em que a curva atinge o platô, tendo o crescimento muito lento ou praticamente inexistente de outros tecidos (Owens et al., 1993; Hossner, 2005).

Dessa forma, modelos matemáticos têm sido propostos para descrever a forma de crescimento, resumindo-se em três ou quatro parâmetros em que, em sua maioria, três

parâmetros possuem interpretação biológica e o quarto se apresenta como constante matemática (Elias, 1998). As proposições destes modelos visam apresentar parâmetros que possuam interpretação biológica, como peso assintótico (A) e taxa de crescimento (k) (como os modelos Brody e Gompertz). Tais parâmetros permitem a identificação, em uma população, dos animais de maior peso em menor idade (Freitas, 2005, Carneiro et al., 2009; Malhado et al., 2009; McManus et al., 2010).

Os parâmetros e indicadores de crescimento dos modelos não-lineares podem ser considerados como critério de seleção de uma raça, com o objetivo de modificar a forma desta curva ao longo das gerações (Goyache, 2005). Neste sentido, existem diversos modelos para descrever a curva de crescimento de acordo com condições específicas (Ribeiro, 2005; Thornley & France, 2007), sendo importante determinar qual proporciona o melhor ajuste.

O modelo Brody é utilizado com grande frequência pelos pesquisadores, pois os resultados são mais fáceis de serem obtidos e interpretados (Brown et al., 1972; Duarte, 1975; Silveira Júnior, 1976), mostrando-se mais adequado para estudos que envolvem aspectos genéticos de peso e taxa de maturidade.

Em estudos com modelos de regressão é muito comum tentar identificar se um conjunto de  $g$  equações ajustadas são idênticas (se o fenômeno em estudo pode ser representado por uma única equação (Regazzi & Silva, 2004). Na modelagem de crescimento animal, por exemplo, é necessário ajustar funções não lineares para melhor explicar este processo, pois indica o verdadeiro relacionamento entre uma variável dependente e uma ou mais variáveis independentes. Neste sentido, Bates e Watts (1988) sugerem que para comparar modelos de regressão não linear pode ser usado um teste assintótico baseado na razão de verossimilhança, como no caso de modelos lineares, com aproximação dada pela estatística  $F$ .

Tendo em vista que os animais apresentam diferentes padrões de crescimento resultantes de sua constituição genética, os objetivos deste estudo foram estimar o padrão de crescimento por meio do modelo de regressão não linear de Brody, usando diferentes restrições de parâmetros, e verificar se existem diferenças no crescimento de bovinos dos diferentes grupos genéticos envolvidos na formação da raça Purunã.

### **Material e Métodos**

O banco de dados utilizado para este estudo continha informações de peso e idade de machos e fêmeas de bovinos da raça Purunã, e foi cedido pelo Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). Os dados foram coletados durante os anos de 1980 a 2012, contendo registros de cinco pesagens ajustadas (nascimento, desmama, aos 12, 18 e 24 meses), com

peso médio ao nascimento igual a  $36,66 \pm 6,573$  kg. O rebanho da estação experimental foi mantido durante as fases de cria e recria a pasto e de terminação dos machos em confinamento. Na Tabela 1 encontram-se as informações da estrutura de dados dos animais em estudo.

O rebanho Purunã foi formado a partir de quatro populações mestiças de bovinos de corte, oriundas dos trabalhos de avaliação realizados pelo IAPAR, por meio de esquemas alternados de cruzamentos entre as raças Charolês (Ch) e Caracu (Car) e entre as raças Canchim (Cn) e Aberdeen Angus (Ab), como mestiço Ch x Car = A; mestiço Car x Ch = B; mestiço Cn x Ab = C; mestiço Ab x Cn = D. A partir destes mestiços foram realizados outros cruzamentos, originando os seguintes grupos genéticos: D x A = E ( $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar); C x B = F ( $\frac{1}{4}$  CnAb +  $\frac{1}{4}$  CarCh); B x C = G ( $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb); A x D = H ( $\frac{1}{4}$  ChCar +  $\frac{1}{4}$  AbCn).

O modelo utilizado para a descrição do crescimento foi o de Brody (Brody, 1945):

$$Y_t = A(1 - Be^{-Kt}),$$

Em que,

y é o peso corporal à idade t;

A é o peso assintótico, sendo este parâmetro interpretado como o peso à idade adulta;

b é uma constante de integração, relacionada aos pesos iniciais do animal;

k é interpretado como a taxa de maturação, ou seja, é a velocidade com que o animal se aproxima do seu tamanho adulto.

A comparação do crescimento dos grupos genéticos teve o objetivo de ajustar e determinar se uma única equação para os dois grupos pode ser considerada adequada e, caso contrário, se certos valores dos parâmetros no modelo podem ser considerados como iguais nos dois grupos.

Ao comparar o padrão de crescimento dos animais oriundos de cruzamentos dos diferentes grupos genéticos (E, F, G e H), foram gerados os seguintes contrastes:

$$C1 = \frac{1}{4} \text{ CarCh} + \frac{1}{4} \text{ CnAb} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ CnAb} + \frac{1}{4} \text{ CarCh} \text{ (G x F)}$$

$$C2 = \frac{1}{4} \text{ CarCh} + \frac{1}{4} \text{ CnAb} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ ChCar} + \frac{1}{4} \text{ AbCn} \text{ (G x H)}$$

$$C3 = \frac{1}{4} \text{ CarCh} + \frac{1}{4} \text{ CnAb} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ AbCn} + \frac{1}{4} \text{ ChCar} \text{ (G x E)}$$

$$C4 = \frac{1}{4} \text{ CnAb} + \frac{1}{4} \text{ CarCh} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ ChCar} + \frac{1}{4} \text{ AbCn} \text{ (F x H)}$$

$$C5 = \frac{1}{4} \text{ CnAb} + \frac{1}{4} \text{ CarCh} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ AbCn} + \frac{1}{4} \text{ ChCar} \text{ (F x E)}$$

$$C6 = \frac{1}{4} \text{ ChCar} + \frac{1}{4} \text{ AbCn} \text{ vs } \frac{1}{4} \text{ AbCn} + \frac{1}{4} \text{ ChCar} \text{ (H x E)}$$

Foram testadas quatro parametrizações de modelos, em que o primeiro considerou que não existe restrição no espaço paramétrico (M1), de maneira que todos os parâmetros da curva

foram considerados diferentes para os grupos genéticos E, F, G e H. Os demais modelos (M2, M3 e M4) apresentaram diferentes números de restrições, descrevendo curvas de crescimento de grupos genéticos que apresentavam um ou dois parâmetros comuns (Tabela 2).

Os parâmetros da curva de crescimento foram estimados utilizando o método de Gauss Newton modificado no procedimento NLIN do programa SAS 9.1.3 (SAS, 2002). A adequacidade dos diferentes modelos foi avaliada por meio do teste de razão de verossimilhança com aproximação pela estatística do chi-quadrado ( $X^2$ ) conforme descrito por Regazzi & Silva (2004).

### **Resultados e Discussão**

O modelo de Brody apresentou bom ajuste para descrever a curva de crescimento média dos grupos genéticos estudados. As estimativas dos parâmetros para todos os modelos e os critérios utilizados para avaliar aquele que melhor descreveu a curva média de crescimento dos diferentes grupos genéticos são apresentados na Tabela 3.

Os padrões de crescimento dos diferentes grupos genéticos estudados foram adequadamente descritos pelos quatro modelos testados, no entanto o M1, M2 e M3 apresentaram valores de peso assintótico e taxa de maturação superior em relação ao M4 (Tabela 3).

As comparações entre os modelos mostram que para os contrastes C1; C3; C5 e C6, o melhor ajuste foi observado para o M1. Tanto o peso assintótico como a taxa de maturação foram diferentes para os grupos genéticos testados (Tabela 3). Os modelos dois (M2) e três (M3) apresentaram melhor ajuste para os contrastes C2 e C4, respectivamente.

Em se tratando do peso assintótico estimado (A) na comparação realizada entre os quatro grupos genéticos, observou-se que a maior estimativa de A foi observada no grupo G  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb (771,9); seguido do F (677,2); H (583,7) e E (452,1), indicando maiores pesos à idade adulta para animais do grupo G (Figura 1). As comparações com indivíduos de composição  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb indicaram que, de maneira geral, este grupo genético teve maior peso assintótico, ou seja, apresentaram maior peso à idade adulta.

Paz et al. (2004) usaram cinco modelos objetivando descrever o crescimento de 230 vacas de diferentes grupos genéticos:  $\frac{1}{2}$  Canchim-Nelore,  $\frac{1}{2}$  Angus-Nelore e  $\frac{1}{2}$  Simental-Nelore. Estes autores observaram que o modelo Logístico foi mais adequado para descrever o crescimento, com médias de: 427,5 kg, 475,0 kg e 489,1 kg para o peso assintótico (A), 0,00660 dia<sup>-1</sup>, 0,00624 dia<sup>-1</sup> e 0,00599 dia<sup>-1</sup> para a taxa de maturação (k) e 3,5710, 3,5137 e 3,5401 para o ponto de inflexão (m), respectivamente.

Os valores da taxa de maturidade ( $k$ ) variaram de 0,000948 a 0,00163, com maiores estimativas para o grupo E e as menores para o grupo G. Santoro et al. (2005) estimaram resultado inferior para  $k$  ao utilizarem o modelo Brody (0,0022). Quanto maior o valor de  $k$ , maior a velocidade de crescimento do animal, portanto possuem maturidade precoce.

Em trabalho realizado com vacas Guzerá, Oliveira (1995) obteve valores de  $A$  e  $k$  de: 408 kg e 0,048; 453 kg e 0,069; 446 kg e 0,090; 461 kg e 0,057 para os modelos Brody, Von Bertalanffy, Logístico e Richards, respectivamente. Estudando zebuínos da mesma raça criados no Estado de Pernambuco, Santoro et al. (2005) encontraram valor superior de  $A$  para o modelo Brody (441,11).

Os resultados obtidos no presente trabalho indicaram que no C1 o modelo de melhor ajuste apresentou maior peso assintótico para os indivíduos do grupo genético G, porém, o grupo F apresentou maior velocidade de crescimento até aproximadamente os 1200 dias de idade (Figura 1), evidenciando maior peso à idade adulta e menor velocidade de crescimento nos indivíduos com composição genética de  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb.

Estes resultados corroboram alguns encontrados na literatura (McManus et al., 2003; Freitas, 2005; Sarmiento et al., 2006; Malhado et al., 2009), em que animais mais pesados apresentam menores taxas de maturidade ( $k$ ), desta forma, são mais tardios em relação aos animais mais leves (porte médio).

Na comparação do contraste C2, o modelo M2 se mostrou mais adequado, tendo pesos assintóticos diferentes para os dois grupos genéticos. Os valores obtidos para o parâmetro  $k$  também foram iguais, descrevendo padrão de crescimento em peso dos animais com composição  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb e  $\frac{1}{4}$  ChCar +  $\frac{1}{4}$  AbCn semelhantes. Na avaliação de vacas das raças Angus, Hereford, Charolês e RedPoll, Johnson et al. (1990) encontraram peso médio de 387 kg para o parâmetro  $A$  em animais da raça Angus e a taxa de maturação entre 0,132 a 0,192 nos parâmetros da curva de crescimento para o modelo Brody.

Para os contrastes C3, C5 e C6 o modelo que se mostrou mais adequado foi aquele em que considerou todos os parâmetros diferentes para os grupos genéticos (M1). Observou-se que no C3 (grupo genético G vs E), o primeiro grupo apresentou maior peso assintótico, com 319,8 kg a mais, porém o grupo genético E, de composição  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar apresentou maior  $k$  (0,00163). Esta diferença indicou que até os 400 dias de idade o grupo genético E manteve maior velocidade de crescimento, sugerindo maior precocidade.

As comparações com indivíduos de composição  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb indicaram que, de maneira geral, este grupo genético teve maior peso assintótico, ou seja, apresentaram maior

peso à idade adulta. Isto se deve ao fato de que estes indivíduos têm como avô paterno a raça Caracu e avó a raça Charolesa.

No contraste C4, os grupos genéticos apresentaram taxa de crescimento igual e peso assintótico semelhante, indicando que não há diferença no padrão de crescimento entre grupos F e H (Figura 2). Ao comparar os grupos F e E, (Contraste C5) é possível notar superioridade do primeiro grupo para o parâmetro A e menor valor para o parâmetro k. No entanto, este menor valor de k indicou que os indivíduos  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar apresentam maior velocidade de crescimento apenas nos primeiros meses de vida (Figura 2).

Entre os grupos H e E (contraste C6), verificou-se que o peso assintótico do grupo H apresentou 79,7 kg a mais que o grupo E, apesar de taxas de crescimento semelhantes (Figura 3). Em todas as comparações com o grupo E ( $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar), ficou evidente que este grupo foi o que apresentou valores menores para o peso à idade adulta.

Neste estudo, possivelmente o uso dos touros Aberdeen Angus como raças paternas sugerem um animal mais precoce. A busca por animais mais precoces, além de ser um dos objetivos da reprodução, atende também as exigências de frigoríficos, pois animais sexualmente mais precoces também o são quanto ao acabamento (Josahkian et al., 2008).

De acordo com Freitas (2005), no ajuste de pesos mensais, do nascimento até 40 meses de idade em bovinos machos da raça Canchim, os modelos Brody, Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy ajustaram-se adequadamente aos dados e proporcionaram resultados semelhantes, porém na fase inicial o mais indicado foi o modelo Brody.

Na mudança do peso vivo do animal estão envolvidos fatores aleatórios como o genótipo e os efeitos ambientais, com efeitos variáveis de acordo com a idade e grau de maturidade (Denise & Brinks, 1985; Owens et al., 1993; Lawrence & Fowler, 2002). Esta variabilidade genética e ambiental é um fator importante no desempenho produtivo dos animais, podendo ser considerada nos programas de melhoramento genético com base em avaliações genéticas (Domínguez-Viveros et al., 2003).

Além disso, durante o processo de melhoramento, as maiores ou menores pressões de seleção às quais os grupos genéticos são submetidos podem acarretar em diferenças entre os grupos genéticos, no que se refere à morfologia, fisiologia e demais características zootécnicas. Neste caso, é natural e esperado que cada grupo seja dotado de composição genética diferente e, conseqüentemente, de atributos relacionados com a produção.

O estudo das características produtivas associado às curvas de crescimento dos animais é uma boa ferramenta a ser utilizada em programas de seleção, além de poder elucidar fatores que influenciam o crescimento dos animais em determinada idade ao evidenciar algum tipo de

erro de manejo passível de ser corrigido. Neste trabalho os modelos demonstraram elevadas estimativas dos parâmetros entre o peso observado e os pesos estimados, o que remete a uma margem de confiabilidade aceitável dos ajustes desses modelos em representar o crescimento de bovinos cruzados.

### **Conclusões**

O padrão de crescimento dos animais pertencentes aos grupos genéticos E, F, G e H são diferentes. O uso de animais  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb favorecem indivíduos mais pesados e tardios e animais com composição de  $\frac{1}{4}$  AbCn +  $\frac{1}{4}$  ChCar são mais precoces. Este conhecimento traz informações que podem ser utilizadas no processo de seleção, podendo indicar a melhor composição genética para a formação de rebanhos mais precoces e proporcionar melhores resultados na produção de bovinos de corte.

### **Agradecimentos**

Ao Instituto Agrônomo do Paraná – IAPAR, na pessoa do Dr. Daniel Perotto, por conceder os dados, indispensáveis para a realização deste trabalho.

### **Referências Bibliográficas**

- BATES, D. M.; WATTS, D. G. **Nonlinear regression analysis and its applications**. New York: John Wiley, 1988. 365p.
- BRODY, S. **Bioenergetics and Growth**. New York: Reinhold; 1945.
- BROWN, J.E.; BROWN, C.J.; BUTTS, W.T. A discussion of the genetic aspects of weight, mature and rate of maturing in Hereford and Angus cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 34, n. 4, p. 525-537, 1972.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AFONSO, P.R.A.M.; PEREIRA, D.G.; SUZART, J.C.C.; RIBEIRO JÚNIOR, M.; ROCHA, J.L. Curva de crescimento em caprinos, da raça Mambrina, criados na caatinga. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.3, p.536- 545, 2009.
- DENISE, R.S.K.; BRINKS, J.S. 1985. Genetic and environmental aspects of the growth curve parameters in beef cows. **Journal of Animal Science**, 61, 6, 1431-1440.

DOMÍNGUEZ-VIVEROS, J.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; RAMÍREZ- VALVERDE, R.; RUÍZ-FLORES, A. Influencias ambientales e índice de constância para características de crecimiento en bovinos Tropicarne. **Téc. Pecu. Méx.** v. 41, pag.1-18, 2003.

DUARTE, F.M. **Estudo da curva de crescimento de animais da raça Nelore (*Bos taurus indicus*) através de cinco modelos estocásticos.** Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1955. 284p. Tese (Livre Docência) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1975.

ELIAS, A.M. Análise de curvas de crescimento de vacas Nelore Guzerá e Gir. 1998. 128 p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens). Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

FREITAS, A. R. de. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 34, n. 3, p. 786-795, maio/jun. 2005.

GOYACHE, F., M. 2005. Crecimiento, consumo y medidas corporales. *In*: Estandarización de las metodologías para evaluar la calidad del producto (animal vivo, canal carne y grasa) en los rumiantes. V. Cañequé y C. Dañudo (eds.). Monografías INIA – Serie ganadera, Madrid, España. 11 – 23 p.

HOSSNER, K.L. **Hormonal regulation of farm animal growth.** Cambridge: CABI International, 2005, p. 1-12.

JOHNSON, Z.B.; BROWN, C.J.; BROWN Jr., A.H. **Evaluation of growth patterns of beef cows.** Fayetteville: University of Arkansas, Agricultural Experiment Station, 1990. (Bulletin, 923).

JOSAHKIAN, L.A.; MACHADO, C.H.C.; GARBELINI, E.C. PMGZ - Programa de Melhoramento Genético de zebuínos. Seleção Corte. p.17-46 *In*: 70 CONGRESSO BRASILEIRO DAS RAÇAS ZEBUINAS – Expo Genética o DNA da pecuária Moderna. 17 a 22 de agosto de 2008, **Anais...** Uberaba.

KUSS, F.; LOPEZ, J.; BERCELLOS, J.O.B.; RESTLE, J.; MOLETTA, J.L.; PEROTTO, D. Características da carcaça de novilho não-castrados ou castrados terminados em confinamento e abatidos aos 16 ou 26 meses de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 3, p. 515-522, 2009.

LAWRENCE, T., L. J.; FOWLER, V. R. 2002. *Growth of Farm Animal.* 2nd edition. CAB International, London U. K. 347 p.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MELO, P.R.A.R.; PEREIRA, D.G.; SOUZA, J.L.; MARTINS FILHO, R. Modelos não lineares utilizados para descrever o crescimento de bovinos da raça Nelore no estado da Bahia: 1. Efeito ambiental. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, n.4, p.821- 829, 2009.

McMANUS, C.M.; LOUVANDINI, H.; CAMPOS, VAL. Non linear growth curves for weight and height in four genetic groups of horses. **Ciência Animal Brasileira**, v.11, p.80-89, 2010.

McMANUS, C. *et al.* Curvas de crescimento de ovinos bergamácia criados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 05, p. 1207-1212, 2003.

MOLETTA, J.L.; **Desempenho, características das carcaças e da carne de bovinos não castrados e castrados terminados em confinamento e alimentados em três níveis de concentrado.** 2011. 90 f. Tese (Doutorado em zootecnia). Programa de Pós- graduação em Zootecnia na Universidade Estadual de Maringá, Paraná, 2011.

OLIVEIRA, H. H. **Análise genético-quantitativa da curva de crescimento de fêmeas da raça Guzerá.** Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1995. 73p. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1995.

OWENS, F. N.; DUBESKI, P.; HANSON, C. F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **J. Anim. Sci.** v. 71, p. 3138 – 3150, 1993.

PAZ, C. C. P.; PACKER, I. U.; FREITAS, A. R.; TALHARI, D. T.; REGITANO, L. C. A.; ALENCAR, M. M.; CRUZ, G. M. Ajuste de modelos não-lineares em estudos de associação entre polimorfismos genéticos e crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 1416-1425, 2004.

PINTO, A.A. **Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos abatidos com 16 ou 22 meses e com 422, 470 ou 520 kg de peso vivo.** 2010. 75 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 2010.

REGAZZI, A.J.; SILVA, C.H.O. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade 385 de modelos de regressão não linear. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 22, pág. 33-45, 2004.

RIBEIRO de F., A. Curvas de crescimento em Produção Animal. **Rev. Bras. Zootec.** v. 34, pág. 786 – 795, 2005.

RODRIGUES, K.K.N.L. **Avaliação do desempenho e características de carcaça de bovinos mestiços Purunã, alimentados com diferentes níveis de energia.** 2006. 115 f. Dissertação (mestre em Ciências Veterinárias). Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Paraná, Paraná, 2006.

ROTTA, P.P.; PRADO, I.N.; PRADO, R.M. et al. Carcass characteristics and chemical composition of the *Longissimus* muscle of Nellore, Caracu and Holstein-friesian bulls finished in a feedlot. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v.22, n.4, p.598-604, 2009.

SANTORO, K.R., BARBOSA, S.B.P., SANTOS, E.S., BRASIL, L.H.A. Herdabilidade de parâmetros de curvas de crescimento não-lineares em zebuínos, no estado de Pernambuco. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p.2280-2289, 2005 (supl.).

SARMENTO, J.L.R.; REZAZZI, A.J.; SOUZA, W.H.; TORRES, R.A.; BREDA, F.C.; MENEZES, G.R.O. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.2, p.435-442, 2006.

SAS INSTITUTE. Statistical analysis system: user's guide. Version 9.0. Cary, USA, 2002.

THORNLEY, J. H. M.; J. FRANCE. 2007. *Mathematical Models in Agriculture, Quantitative Methods for Plant, Animal and Ecological Sciences.* Second edition. CAB International, London U. K. 435 p.

Tabela 1. Médias do peso (kg) seguido do desvio padrão ( $\pm$ ) e número de animais (N) obtidos em cada pesagem para os diferentes Grupos Genéticos (GG).

GG	PESAGENS									
	PN		PDES		P12		P18		P24	
	N	Média	N	Média	N	Média	N	Média	N	Média
<b>E</b>	283	36,22 $\pm 6,63$	244	159,93 $\pm 45,71$	192	210,51 $\pm 52,84$	107	290,92 $\pm 68,89$	21	297,80 $\pm 48,89$
<b>F</b>	274	37,64 $\pm 6,07$	245	164,08 $\pm 39,93$	191	210,59 $\pm 51,64$	103	297,41 $\pm 67,28$	15	356,40 $\pm 62,96$
<b>G</b>	299	35,40 $\pm 6,71$	269	150,35 $\pm 41,49$	197	198,87 $\pm 53,41$	88	280,66 $\pm 71,92$	23	334,78 $\pm 92,64$
<b>H</b>	325	37,36 $\pm 6,60$	285	165,16 $\pm 44,69$	228	214,86 $\pm 53,25$	119	299,23 $\pm 82,05$	25	329,16 $\pm 83,43$

E =  $\frac{1}{4}$  AbCan +  $\frac{1}{4}$  ChCar; F =  $\frac{1}{4}$  CnAb +  $\frac{1}{4}$  CarCh; G =  $\frac{1}{4}$  CarCh +  $\frac{1}{4}$  CnAb; H =  $\frac{1}{4}$  ChCar +  $\frac{1}{4}$  AbCn.

PN; PDES; P12; P18 e P24 = Peso ao nascimento, desmama, aos 12 meses, aos 18 meses e aos 24 meses, respectivamente.

Tabela 2. Descrição dos modelos testados.

<b>Ajuste dos modelos</b>				
	<b>M1</b>	<b>M2</b>	<b>M3</b>	<b>M4</b>
<b>Parâmetros</b>	$a_1$	-	$a_1$	-
	$b_1$	$b_1$	$b_1$	-
	$k_1$	$k_1$	-	-
	$a_2$	-	$a_2$	-
	$b_2$	$b_2$	$b_2$	-
	$k_2$	$k_2$	-	-

Os parâmetros  $a$ ,  $b$  e  $k$  são do modelo de Brody, em que  $_1$  e  $_2$  identificaram os diferentes grupos genéticos; - indicam igualdade dos parâmetros.

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros dos modelos sem restrição e modelos com restrições ajustados para peso entre os diferentes grupos genéticos, e respectivas somas de quadrados do resíduo da regressão (SQRR).

CONTRASTES	PARÂMETROS	AJUSTES DOS MODELOS			
		M1	M2	M3	M4
C1	a1	771,9	718,1	700,3	721,1
	b1	0,9543	0,9514	0,9505	0,9493
	k1	0,000743	0,000815	0,000842	0,000841
	a2	677,2	-	740,8	-
	b2	0,9438	0,9465	0,9478	-
	k2	0,000948	0,000878	-	-
	SQRR	64700687*	64701341	64702039	64753511
C2	a1	771,9	600,7	586,2	613,5
	b1	0,9543	0,9436	0,9430	0,9415
	k1	0,000743	0,00103	0,00107	0,00105
	a2	531,8	-	621,7	-
	b2	0,9312	0,9373	0,9386	-
	k2	0,00134	0,00112	-	-
	SQRR	59035771	59044694*	59048149	59113289
C3	a1	771,9	545,8	543,7	554,3
	b1	0,9543	0,9390	0,9396	0,9370
	k1	0,000743	0,00117	0,00119	0,00117
	a2	452,1	-	556,6	-
	b2	0,9231	0,9331	0,9332	-
	k2	0,00163	0,00123	-	-
	SQRR	65165042*	65186992	65189494	65206933

C4	a1	677,2	582,5	582,2	583,3
	b1	0,9438	0,9364	0,9368	0,9362
	k1	0,000948	0,00116	0,00117	0,00117
	a2	531,8	-	583,7	-
	b2	0,9312	0,9358	0,9356	-
	k2	0,00134	0,00117	-	-
SQRR		56385862	56390707	56390876*	56391265
C5	a1	677,2	532,7	582,2	527,5
	b1	0,9438	0,9317	0,9368	0,9312
	k1	0,000948	0,00132	0,00117	0,00131
	a2	452,1	-	583,7	-
	b2	0,9231	0,9319	0,9356	-
	k2	0,00163	0,00127	-	-
SQRR		62515134*	62531151	65528785	62539210
C6	a1	531,8	492,8	540,4	490,5
	b1	0,9312	0,9271	0,9332	0,9271
	k1	0,00134	0,00150	0,00130	0,00147
	a2	452,1	-	523,0	-
	b2	0,9231	0,9278	0,9302	-
	k2	0,00163	0,00143	-	-
SQRR		56850218*	56854544	56852934	56868384

Os parâmetros  $a$ ,  $b$  e  $k$  são do modelo de Brody, em que 1e 2 identificam os diferentes grupos genéticos; C1 = Indivíduos G vs Indivíduos F; C2 = Indivíduos G vs Indivíduos H; C3 = Indivíduos G vs Indivíduos E; C4 = Indivíduos F vs Indivíduos H; C5 = Indivíduos F vs Indivíduos E e C6 = Indivíduos H vs Indivíduos E; \* Melhor modelo pelo teste de chi-quadrado Regazzi & Silva (2004).

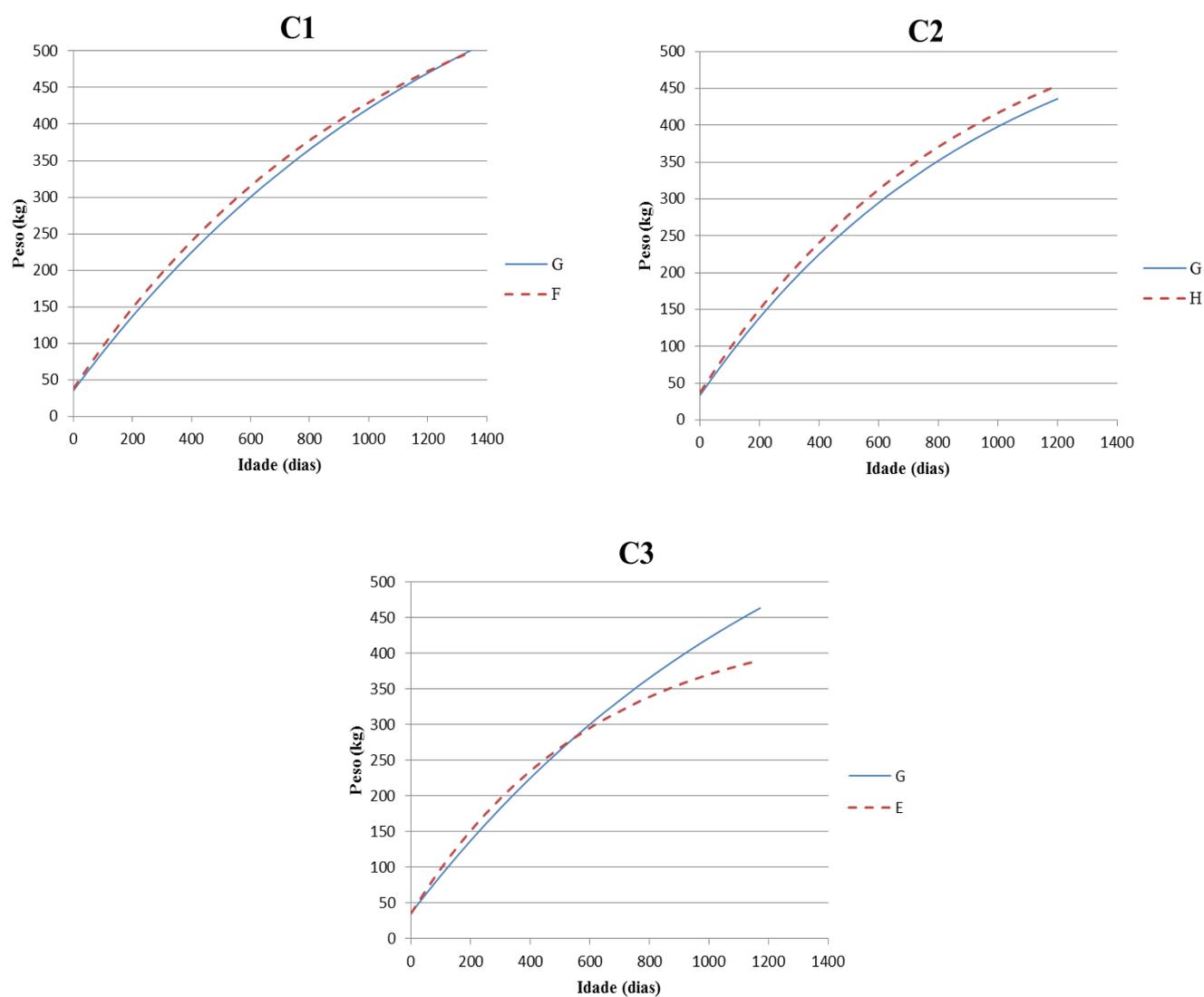


Figura 1 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos G vs F (C1); G vs H (C2); G vs E (C3).

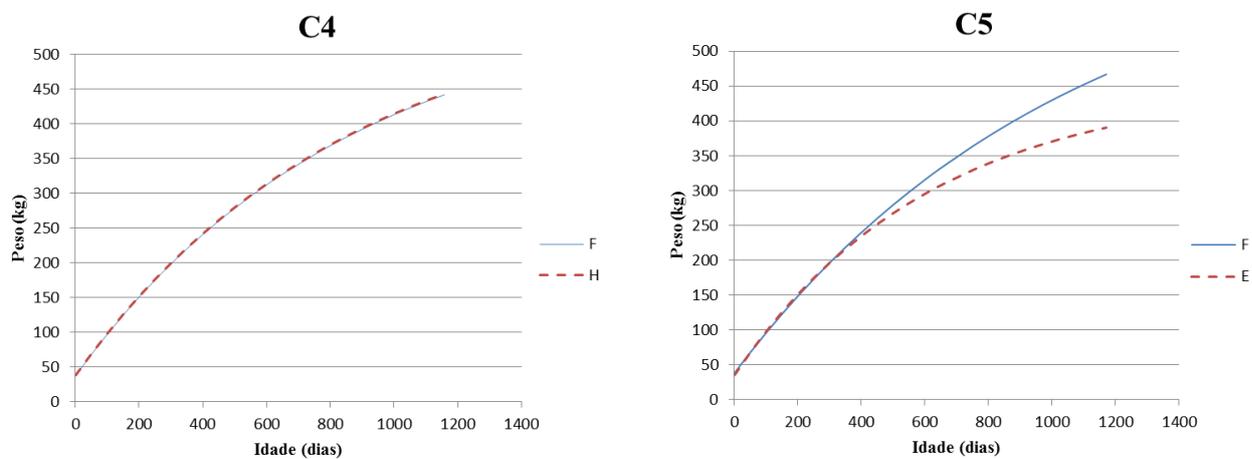


Figura 2 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos F vs H (C4); F vs E (C5).

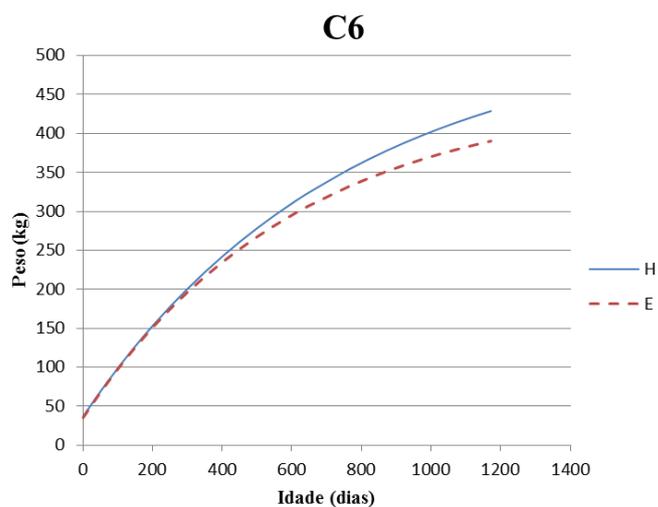


Figura 3 Curvas de crescimento do peso em função da idade dos grupos genéticos H vs E (C6).

## VI – ARTIGO II

Escrito conforme normas do periódico Pesquisa Agropecuária Brasileira

### **Análise da estrutura populacional de animais formadores da raça Purunã**

**Resumo:** Os objetivos deste trabalho foram descrever a estrutura populacional, o tamanho efetivo e o coeficiente de endogamia de bovinos formadores da raça Purunã. Foram utilizados dados do registro genealógico de bovinos formadores da raça Purunã do Instituto Agrônomo do Paraná - IAPAR. O banco de dados foi dividido em três gerações. Foram calculados o coeficiente de endogamia populacional, o tamanho efetivo populacional e a integralidade do pedigree. O valor total do tamanho efetivo da população foi de 2.317,93; e de 483,31, 720,55, 1.101,46 para as gerações 1, 2 e 3, respectivamente. Dos 11.923 animais do banco de dados, 840 apresentaram coeficiente de endogamia acima de zero (7% da população) com coeficiente de endogamia médio igual a 3,2%. O estudo da integralidade do pedigree mostrou que dos 11.923 animais, foram identificados 2,64% dos pais, 18,78% das mães, 1,80% dos avós paternos, 9,32% dos avós maternos, 1,25% dos bisavós paternos e 5,36% dos bisavós maternos. A população formadora da raça Purunã possui um número pequeno de animais endogâmicos, com níveis de endogamia baixos. É recomendável que os selecionadores utilizem touros e matrizes de ampla variedade genética para manutenção da variabilidade na raça.

**Palavras-chave:** endogamia, pedigree, tamanho efetivo

### **Analysis of the population structure of animals founders of race**

**Abstract:** The objective of this study was to describe the population structure, effective size and the coefficient of inbreeding of bovine of race Purunã. We used data from the registry of Instituto Agrônomo do Paraná. The database was divided into three generations. It was calculated coefficient of inbreeding population and the effective population size and the integrality of the pedigree. The total value of the effective size of the population was 2,317.93; and 483.31, 720.55, 1.101,46 for generations 1, 2 and 3, respectively. Of the 11,923 animals in the database, 840 had a coefficient of inbreeding above zero, (7% of the population) with a coefficient of inbreeding

average 3,2%. The study of the integrality of the pedigree showed that the 11.923 animals, it was 2,64% of parents , 18,78% of mothers, 1,80% of the paternal grandparents, 9,32% of the maternal grandparents, 1,25% of grandparents and paternal 5,36% of maternal grandmothers. The population of race Purunã has a small number of animals inbred, with levels of inbreeding. It is recommended that the selectors using breedings of wide genetic variability for the maintenance of variabilidade in race.

**Keywords:** effective size, inbreeding, pedigree

### Introdução

O rebanho brasileiro de bovinos de corte conta com 208,3 milhões de cabeças (IBGE, 2015). Na região Sul do país estes rebanhos são formados, principalmente, por animais de raças taurinas. Neste cenário, o Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR) vem desenvolvendo pesquisas utilizando raças com potencial para produção de carne, e ao longo dos anos, foi criada uma nova raça de bovino composto, chamada Purunã.

Várias pesquisas vêm sendo desenvolvidas acerca dos índices produtivos da raça Purunã (Rotta et al., 2009), além de trabalhos que dizem respeito ao desempenho produtivo dos animais em diferentes condições nutricionais e os respectivos efeitos nas características de carcaça (Rodrigues, 2006; Molleta, 2011; Kuss et al., 2009; Pinto, 2010).

A realização dessas pesquisas que visam mensurar a capacidade produtiva destes animais, aliados a estudos sobre estrutura genética para avaliação dos níveis de variabilidade dessa população, podem dar suporte às demais questões, sobretudo àquelas envolvendo melhoramento animal.

As informações de *pedigree* são muito importantes em inúmeros estudos para avaliar a endogamia, tamanho efetivo, diversidade genética e diversos outros parâmetros populacionais importantes (Faria et al., 2010). Quando comparadas com técnicas envolvendo marcadores moleculares, as informações de *pedigree* para os estudos populacionais têm a vantagem do baixo custo e da simplicidade de obtenção.

De acordo com Goyache et al. (2003), alguns problemas como a falta de informação, *pedigree* incompleto e introdução de animais na população podem causar a subestimação da endogamia e outros parâmetros importantes. Faria (2002), em estudo sobre a estrutura genética das populações zebuínas brasileiras, observou grande aumento da variância do número de progênes por reprodutor no período de 1994 a 1998, refletindo o uso intensivo de poucos reprodutores e resultando na redução drástica do tamanho efetivo das populações.

Entretanto, vários estudos têm encontrado baixos coeficientes médios de endogamia, variando de 1,27% a 3,81% (Dias et al., 1994; Oliveira et al., 1999; Shimbo et al., 2000; Queiroz et al., 2000; Silva et al., 2001; Faria, 2002).

De acordo com Euclides Filho et al. (2000), o monitoramento do progresso genético deve ser preocupação em relação a toda e qualquer raça. O desenvolvimento da bovinocultura de uma região passa por estudos abrangentes no que diz respeito ao conhecimento da evolução genética de uma população, sendo importante para se avaliar o resultado do programa de seleção adotado e, além disso, a estrutura populacional deve servir como elemento norteador de ações futuras nos programas de melhoramento genético.

Esta constatação torna importante um estudo da raça Purunã no Brasil para que possa ter diagnósticos de fatores importantes que interferem potencialmente na seleção, como tamanho efetivo, intervalo de gerações, coeficiente de endogamia e variabilidade genética.

O objetivo deste trabalho foi descrever a estrutura populacional, o tamanho efetivo e o coeficiente de endogamia de bovinos formadores da raça Purunã no Sul do Brasil, parâmetros estes de interesse para o melhoramento genético e a conservação da raça.

### **Material e Métodos**

Foram utilizados os dados do registro genealógico de bovinos formadores da raça Purunã, cedido pelo Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR). Os dados foram coletados durante os anos de 1980 a 2012. O rebanho da estação experimental foi mantido durante as fases de cria e recria a pasto e de terminação dos machos em confinamento.

Inicialmente foram obtidas estatísticas descritivas do banco de dados. O banco de dados foi dividido em três gerações (pais, avós e bisavós). Em cada geração foram calculados o número de machos e fêmeas em reprodução e a média do número de progênie (filhos e filhas por reprodutor/matriz). O coeficiente de endogamia ( $F_i$ ) foi estimado através do sistema computacional MTGSAM – (Multiple Trait using Gibbs Sampling in Animal Models). Os demais parâmetros populacionais foram obtidos pelo SAS (SAS, 2000). Para estimar o tamanho efetivo da população, utilizou-se a seguinte expressão definida por Falconer & Mackay (1996):

$$N_e = \frac{4 * N_m N_f}{N_m + N_f}$$

Em que:

$N_e$  = tamanho efetivo da população;

$N_m$  = número de pais;

$N_f$  = número de mães.

## Resultados e Discussão

A variação do  $N_e$  (Tabela 1) pode ser explicada por fatores como flutuações no tamanho populacional, desvios da razão de sexos de 1:1 e devido às diferenças no sucesso reprodutivo. Quando se trata de animais de produção, são os técnicos que orientam os acasalamentos, indicando quais animais deixarão maior número de filhos de acordo com critérios próprios de avaliação.

O grande aumento do  $N_e$  na geração 3 pode estar relacionado ao aumento do número maior de touros. Carneiro et al. (2006), em estudo que avaliaram os ganhos genéticos em função do  $N_e$ , concluíram que as populações nas quais se encontrou menor  $N_e$  apresentaram maior oscilação nos ganhos genéticos que a de maior  $N_e$ . Segundo Aggrey et al. (1995), essa oscilação genética é consequência de mudanças aleatórias na frequência gênica ao longo do processo seletivo, que é maior nas populações com pequenos  $N_e$ .

Um tamanho efetivo mínimo de 40 animais por geração foi sugerido por Goddard & Smith (1990), para aumentar o retorno econômico, enquanto Meuwissen & Woolliams (1994) recomendaram valores entre 31 e 250 animais para prevenir decréscimos no valor adaptativo da população. Frankham (1995), por sua vez, sugeriu um tamanho efetivo da ordem de 500 animais para manutenção do potencial evolutivo indefinidamente, contudo, frisou que, para a prevenção de depressão endogâmica, tamanho efetivo de 50 animais seria suficiente.

Segundo a FAO (1992), quando uma população tem tamanho efetivo menor do que 100, o risco de perda de diversidade genética aumenta. Porém, Leroy et al. (2013) mostraram que essas recomendações são baseadas em métodos de razões dos sexos ou taxa de endogamia, que em muitos casos não podem explicar completamente a diversidade genética da população em questão. Os valores de  $N_e$  encontrados na população estudada (Tabela 1) são considerados aceitáveis, pois estão acima de 100, no entanto estes parâmetros devem ser monitorados para as próximas gerações, pois o aumento dos níveis do coeficiente de endogamia e o estreitamento da variabilidade genética observado durante os últimos anos podem levar a uma redução do tamanho efetivo.

A intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo. Uma alternativa importante seria associar a estes dois fatores o estudo do coeficiente de herdabilidade e trabalhar no sentido de se aumentar este coeficiente, pela diminuição da variância ambiental. Os benefícios

do aumento da herdabilidade são evidentes, pois com maior precisão na seleção, a adoção de alta intensidade de seleção pouco deverá contribuir para a perda aleatória de alelos favoráveis.

Falconer & Mackay (1996) informam que o uso intensivo de certos reprodutores resulta num aumento da variação no tamanho da família (isto é, desigual contribuição genética para a próxima geração), que pode reduzir o tamanho efetivo da população. Maiwashe et al. (2006), avaliando o rebanho da África do Sul, citam a progênie nascida em 2003, para as raças Ayrshire, Guernsey, Holandês e Jersey, em que 30, 20, 49 e 53%, respectivamente, eram filhas de 5% dos touros de destaque.

Este mesmos autores encontraram estimativas de tamanhos efetivos de 148, 165, 137 e 108 para as raças Ayrshire, Guernsey, Holandês e Jersey, respectivamente. Avaliaram ainda os rebanhos no período de 1960 a 2003, e observaram variabilidade genética superior, quando comparados aos rebanhos dos Estados Unidos.

Dos 11.923 animais do banco de dados, 840 apresentaram coeficiente de endogamia acima de zero, o que representa aproximadamente 7% da população. A endogamia média desses indivíduos foi de 0,032 (3,2%) (Tabela 2). Esses resultados evidenciam que a endogamia nos rebanhos é baixa, fato explicado pelo aumento do tamanho efetivo nas gerações mais recentes, e, provavelmente pelo fato de haver controle do nível médio de endogamia de seus rebanhos ao escolher os pais da geração seguinte.

O valor do coeficiente de endogamia encontrado no presente trabalho é inferior ao encontrado na raça Caracu por Dias (2012) (3,92%), mas é superior aos valores relatados por Santana Jr. et al. (2012) para raças Marchigiana e Bonsmara no Brasil, onde foram encontrados valores médios de endogamia de 1,33% e 0,26%, respectivamente.

A Figura 1 apresenta o diagrama de parentesco, passível de identificação, dos animais registrados, evidenciando que à medida que se regrediu no arquivo de pedigree foi-se perdendo informações mais detalhadas sobre a ascendência dos animais.

A estimativa da integralidade do *pedigree* é importante, pois o coeficiente de endogamia ( $F_i$ ) de um indivíduo depende de quanto sua ascendência é conhecida, de modo que, quanto maior for esse conhecimento, mais confiável será seu  $F_i$  estimado em relação à base populacional estudada (Faria et al., 2010).

De acordo com Te Braake et al. (1994), quando a informação de *pedigree* é superficial, o número de animais endogâmicos e o coeficiente de endogamia médio podem ser subestimados, enquanto o coeficiente de endogamia de animais endogâmicos pode ser exagerado. É importante avaliar se valores baixos de endogamia são devidos ao controle dos acasalamentos de animais aparentados ou estão subestimados por falta de informações completas do *pedigree* (Malhado et al., 2010).

Os parâmetros populacionais se mantiveram dentro do observado em trabalhos com outras raças de bovinos de corte, entretanto, é possível adotar medidas que visem melhoria, tais como pesquisas com a raça, promoção e divulgação, bem como inclusão de animais na população base, para que possam dar mais suporte ao programa.

### **Conclusões**

A qualidade do pedigree tem aumentado ao longo dos anos, indicando maior controle do registro genealógico dos animais. A população formadora da raça Purunã possui um número pequeno de animais endogâmicos, além disso, os níveis de endogamia estão baixos, não representando uma grande preocupação. É recomendável que os selecionadores utilizem touros e matrizes de ampla variedade genética para manutenção da variabilidade na raça e considerem o controle de endogamia ao realizarem o acasalamento do rebanho.

### **Referências Bibliográficas**

AGGREY, S.E.; LIN, C.Y.; CHENG, K.M. Size of breeding populations required for selection programs. **Theory Applied Genetic**, v.91, p.553-556, 1995.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.M.; EUCLYDES, R.F. TORRES, R. de A.; LOPES, P.S.; CARNEIRO, A.P.S.; CUNHA, E.E. 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.

DIAS, A.S.C.; QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da endogamia em características reprodutivas de bovinos da raça Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.23, n.2, p.157-164, 1994.

DIAS, A. C. **Análise da estrutura genética da raça Caracu**. 2012. 38p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4ed, 1996. 464 p. New York: Longman Group Ltd.

FAO. **Monitoring animal genetic resources and criteria for prioritization of breeds, K. Maijala**. In: Hodges, J., (Ed.). The management of global animal genetic resources, Proceedings of an FAO Expert Consultation, Rome, N.104, 1992.

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

FARIA, F.J.C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002. 243p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Minas Gerais.

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

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v.29, p.305-327, 1995.

GOYACHE, F.J.P.; GUTIÉRREZ, FERNÁNDEZ, I.; GOMEZ, E.; ALVAREZ, I.; DÍEZ, J.; ROYO, L. J. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **J. Anim. Breed. Genet.** v. 120, p. 95–105, 2003.

GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.1113- 1122, 1990.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Estatística da Produção Pecuária de 2015**. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/producaoagropecuaria>  
Acesso em: maio, 2016.

KUSS, F.; LOPEZ, J.; BERCELLOS, J.O.B.; RESTLE, J.; MOLETTA, J.L.; PEROTTO, D. Características da carcaça de novilho não-castrados ou castrados terminados em confinamento e abatidos aos 16 ou 26 meses de idade. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, n. 3, p. 515-522, 2009.

LEROY, G.; MARY-HUARD, T.; VERRIER, E.; DANVY, S.; CHARVOLIN, E.; DANCHIN-BURGE, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, v. 45, n.1, 2013.

MAIWASHE, A.; NEPHAWE, K.A.; WESTHUIZEN, V.D.; R.R., MOSTERT, B.E.; THERON, H.E. de. Rate of inbreeding and effective population size in four major South African dairy cattle breeds. **South African Journal of Animal Science**, p.50 – 57,2006.

MALHADO, CHM.; CARNEIRO, PLS.; JAMES, RP. Melhoramento genético e estrutura populacional da raça Nelore no Norte do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, vol.45, n.10, p. 1109-1116, 2010.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MOLETTA, J.L.; **Desempenho, características das carcaças e da carne de bovinos não castrados e castrados terminados em confinamento e alimentados em três níveis de concentrado**. 2011. 90 f. Tese (Doutorado). Programa de Pós-graduação em Zootecnia na Universidade Estadual de Maringá, Paraná.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.4, p.721-728, 1999.

PINTO, A.A. **Desempenho e características de carcaça de bovinos de diferentes grupos genéticos abatidos com 16 ou 22 meses e com 422, 470 ou 520 kg de peso vivo**. 2010. 75 f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

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, n.4, p.1014-1019, 2000.

RODRIGUES, K.K.N.L. **Avaliação do desempenho e características de carcaça de bovinos mestiços Purunã, alimentados com diferentes níveis de energia**. 2006. 115 f. Dissertação (mestrado) Programa de Pós-Graduação em Ciências Veterinárias – Universidade Federal do Paraná, Paraná.

ROTTA, P.P.; PRADO, I.N.; PRADO, R.M. et al. Carcass characteristics and chemical composition of the *Longissimus* muscle of Nelore, Caracu and Holstein-friesian bulls finished in a feedlot. **Asian-Australasian Journal of Animal Science**, v.22, n.4, p.598-604, 2009.

SANTANA JR, M. L. ; Oliveira, P.S.; Eler, J.P.; Gutiérrez, J.P.; Ferraz, J.B. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of Animal Science**, v. 90, p. 99 – 108, 2012.

SAS Institute. SAS/STAT®. **User's guide: statistics, version 8.1.4** ed., v.2. Cary: SAS Institute, 2000.

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. et al. Influência da endogamia sobre característica de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2000. p.388-390.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.F.; COBUCI, J.A. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.

Te Braake, M.F.H.; GROEN, A.F.; Van Der Lught, A.W. Trends in inbreeding in Dutch Black and White dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 111, p. 356–366, 1994.

VAN TASSEL, C.P.; VAN VLECK D.L. **A manual for use of MTGSAM. A set of FORTRAN programs to apply Gibbs sampling to animal models for variance component estimation (DRAFT)**. Lincoln: Department of Agriculture Research Service, 1995. 86p.

Tabela 1. Tamanho efetivo no período de 1981 a 2012 em bovinos formadores da raça Purunã.

Geração	Ne	Filhos/Reprodutores	Nº Reprodutores	Filhos/Matrizes	Nº Matrizes
1	483,31	3,9	149	1,44	639
2	720,55	6,1	215	1,69	1.111
3	1.101,46	17,2	314	3,24	2.238
Total	2.317,93		678		3.988

Tabela 2. Dados referente à endogamia na população referência da raça Purunã no Brasil (1980 a 2012).

Animais Endogâmicos (%)	7,0
$F_i$ médio (%)	3,2
$0 < F_i \leq 6,25$ (%)	0,1
$6,25 < F_i \leq 12,5$ (%)	0,04

$F_i$ = coeficiente de endogamia;

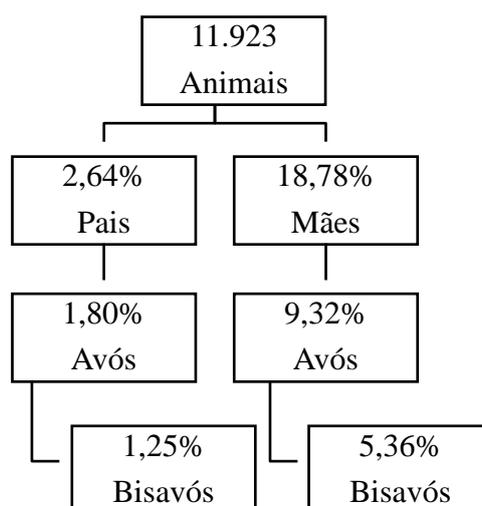


Figura 1- Integralidade do *Pedigree* dos animais até a terceira geração do rebanho da Raça Purunã no Brasil.

## VII – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os modelos estudados no presente trabalho demonstraram elevadas estimativas dos parâmetros entre o peso observado e os pesos estimados, o que remete a uma boa margem de confiabilidade dos ajustes desses modelos em representar o crescimento de bovinos cruzados. Desta forma, é possível que a metodologia seja utilizada como ferramenta nos programas de seleção, indicando a melhor composição genética para a formação de rebanhos mais precoces e proporcionar melhores resultados na produção de bovinos de corte.

O estudo dos parâmetros populacionais mostrou que os mesmos se mantiveram dentro do encontrado em estudos para outras raças de bovinos de corte, entretanto, é possível adotar medidas que visem melhoria, tais como pesquisas com a raça, promoção e divulgação, bem como inclusão de animais na população base.