



Capítulo X (Não preencher, campo será preenchido pelos editores)

ESTRUTURA POPULACIONAL DE TOUROS NELORE COMERCIALIZADOS EM LEILÕES NO ACRE

Priscila Ferreira Wolter¹

Resumo: A análise da estrutura populacional e variabilidade genética de rebanhos Nelore no Acre é essencial para programas de seleção eficientes, otimizando cruzamentos e acelerando o progresso genético. Este estudo, utilizando dados da Embrapa Gado de Corte, analisou a genealogia de 1.614 animais de criatórios que comercializaram touros em leilões entre 2015 e 2019, nas regiões de Sena Madureira, Capixaba, Brasiléia, Plácido de Castro, Rio Branco e Boca do Acre. O objetivo foi caracterizar a estrutura populacional, estimando o número efetivo de fundadores, ancestrais, ancestrais explicando 50% da variabilidade genética, coeficiente de endogamia (F) e tamanho efetivo da população. A integralidade do pedigree foi alta, com 99% dos genitores identificados até a terceira geração e 89% até a quinta. O número efetivo de fundadores superou o de ancestrais, com dois fundadores também como ancestrais. A população, formada majoritariamente por três linhagens de touros precursores da raça Nelore, apresentou alta variabilidade genética, predominância de indivíduos heterozigotos e baixa consanguinidade. Esses resultados indicam uma base genética robusta, mas os produtores devem monitorar continuamente esses parâmetros para evitar perdas de produtividade. A ausência de estudos prévios sobre rebanhos do Acre reforça a importância dessas informações para o melhoramento genético local, promovendo estratégias de seleção mais eficazes e sustentáveis.

Palavras – chaves: Bovinos. Nelore. População. Produtividade.

¹P. F. Wolter (<http://lattes.cnpq.br/0348421166944576>) Secretaria de Educação e Cultura do Acre. Rio Branco, Acre, Brasil e-mail: priscilawolter25@gmail.com.

INTRODUÇÃO

O Brasil se destaca mundialmente pela produção de alimentos e o produtor, para continuar sendo competitivo no mercado, deve aderir as recentes tecnologias (REZENDE, 2017). Uma das ferramentas que auxiliam no aumento da produtividade dos plantéis é o melhoramento genético por meio da seleção (BOLIGON et al., 2008; CORREA et al., 2007) que prioriza a procriação de animais com genes superiores, a fim de que as gerações posteriores sejam mais eficientes, em comparação com as atuais.

Adicionalmente, a caracterização genética das raças podem ofertar informações para escolhas adequadas para a melhoria e progresso do melhoramento genético. Apesar dos avanços em genética molecular, as pesquisas com a genealogia dos animais continuam sendo importantes. Os dados de pedigree são usados no melhoramento genético, bem como em estudos populacionais, pois possui baixo custo e simples obtenção, quando equiparados aos marcadores moleculares (CARNEIRO et al., 2010).

A vista disso, o conhecimento da estrutura populacional e da variabilidade genética de um rebanho através do pedigree pode nortear programas de seleção mais eficientes, conduzindo o controle das estratégias de cruzas (CARNEIRO, et al., 2007; DAVID et al., 2014). Nesse sentido, a literatura recomenda o controle de acasalamentos para evitar a endogamia, baseando-se no parentesco entre os animais, com intuito de manter a consaguinidade baixa.

Para tanto, utiliza-se metodologias de análise que possibilita a estimação de parâmetros populacionais embasados na probabilidade de origem do gene, endogamia, tamanho efetivo, integralidade do pedigree, número de gerações, classificação dos rebanhos de acordo com a origem e a utilização de touros, dentre outros fatores, estão expostos na literatura (QUEIROZ et al., 2000; CARNEIRO, et al., 2007).

Entretanto a literatura relata poucos estudos identificando a estrutura populacional de rebanhos que comercializam reprodutores no estado do Acre. Portanto, fornecer informações genéticas e populacionais dos bovinos Nelore disseminadores de genética no Estado torna-se de extrema importância para auxiliar o produtor no processo de melhoramento genético de seus animais. Diante disso, objetivou-se analisar a estrutura populacional do rebanhos de animais da raça Nelore comercializados em leilões no Acre entre os anos de 2015 a 2019.

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi desenvolvido a partir de dados populacionais de bovinos da raça Nelore, oriundos de diversos criatórios que comercializaram touros em leilões localizados na cidade de Rio Branco no Acre. O banco de dados utilizado para este estudo foi fornecido pela Embrapa Gado de Corte e contém informações de 1.614 animais, coletadas entre os anos de 2015 e 2019, provindos das regiões de Sena Madureira, Capixaba, Brasília, Plácido de Castro, Rio Branco e Boca do Acre no Amazonas. Deste banco de dados, foram obtidos o número de registro, a data de nascimento, o sexo, o número registro do pai, o número de registro da mãe e a região de origem dos animais.

A análise dos dados da estrutura genética da população da raça Nelore avaliada, foi realizada por meio do programa ENDOG v.4.8, de acordo com a metodologia descrita por Gutiérrez e Goyache (2005), e foram calculados os seguintes parâmetros:

A probabilidade de origem dos genes na população, como o número efetivo de ancestrais, número efetivo de fundadores e número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética, propostos por Boichard, Maignel e Verrier (1997), além do



coeficiente de endogamia (F). Sobre o número efetivo de fundadores (f_e), é demonstrada a quantidade de indivíduos com contribuição semelhante, que fornecem a mesma variabilidade genética encontrada na população em estudo, calculado através da equação 1.

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2} \quad (1)$$

Em que, f_e = número efetivo de fundadores e $\sum_{k=1}^f q_k^2$ = probabilidade do alelo ser originado do fundador k.

O número de animais ancestrais (f_a) que configura a quantidade mínima de animais fundadores ou não, necessários para explicar a variabilidade genética da população, sendo estimado através da equação 2.

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^f q_j^2} \quad (2)$$

De modo que, f_a = número efetivo de ancestrais e $\sum_{j=1}^f q_j^2$ = contribuição marginal de um ancestral j (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética de ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente.

E, também, foi estimado o tamanho efetivo da população utilizando o modelo proposto por Wright (1931), onde pressupõe que o (N_e) é a redução da variância genética nas gerações futuras, imputando que a mesma foi melhor estimada anteriormente (BOICHARD et al., 1997). Esse parâmetro representa a endogamia média da progênie e de seus pais respectivamente, como demonstrado na equação 3.

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad (3)$$

Em que, N_e = tamanho efetivo da população e ΔF = taxa de endogamia.

Por último, estatísticas F de Wright que predizem a variabilidade genética da população. Foi estimada pelos coeficientes F_{st} (correlação entre os genes da subpopulação em relação aos genes da população total), F_{is} (correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes de sua subpopulação) e F_{it} (correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes da população total), calculados pelas fórmulas 4.

$$F_{st} = \frac{\bar{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} = \frac{\bar{D}}{1 - \bar{f}} \quad F_{is} = \frac{F - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad F_{it} = \frac{F - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad (4)$$

Onde F são os coeficientes de endogamia da população, $\bar{F}$ o parentesco médio dentro da população e $\bar{f}$ parentesco médio de subpopulação. O parâmetro $\bar{D}$ provém do cálculo da distância mínima de Nei (NEI, 1978).



RESULTADOS E DISCUSSÃO

No cenário do melhoramento genético, uma das opções para descrever a variabilidade e seu avanço é a análise de informações contidas na genealogia (BOICHARD et al., 1997). Vozzi et al., (2006) sugerem que os parâmetros embasados na probabilidade de origem do gene, como o número efetivo de fundadores e ancestrais, são fundamentais para representar a estrutura genética da população da raça, mesmo diante de um reduzido número de gerações. Isso posto, na tabela 1 estão contidos os parâmetros populacionais estimados no presente estudo.

Tabela 1. Parâmetros populacionais de rebanhos Nelore que comercializaram touros em leilões no Acre entre 2015 a 2019.

Parâmetros populacionais	N
Tamanho da População	1614
Tamanho efetivo da população	1406
Número efetivo de animais fundadores	221
Número efetivo de animais ancestrais	109
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade	20
Consanguinidade média (%)	2,9

Fonte: elaborado pela autora.

O tamanho efetivo da população ($N_e = 1406$) representa a parte geneticamente ativa na população, pois é uma medida de diversidade genética. Para tanto, o N_e foi estimado através do cálculo proposto Falconer e Mackay (1996), que considera o número de progenitores conhecidos. Meuwissen e Luo (1992) constataram que o tamanho efetivo entre 31 e 250, previne déficit nos valores adaptativos dos indivíduos como resultado da depressão endogâmica. Dito isto, é notório que os números obtidos estão em conformidade com os recomendados pela literatura, com intuito de controlar a endogamia e manter a variabilidade genética nos rebanhos (NICHOLAS, 1980; GODDARD; SMITH, 1990; MEUWISSEN; WOOLLIANS, 1994; WOOLLIANS, 2015).

O número efetivo de animais fundadores ($f_e = 221$) foi superior ao número efetivo de ancestrais ($f_a = 109$), propondo que houve contribuição de animais distintos dos fundadores na composição genética do rebanho. Segundo Rezende et al. (2017), o objetivo é que o número de animais fundadores seja igual ou aproximado ao número efetivo de ancestrais, sendo a diferença menor possível. Nesse sentido, a variabilidade genética subordina-se a qualidade e a quantidade de reprodutores estão contribuindo geneticamente na população. Diante disso, verificar os animais fundadores que mais contribuíram com a variabilidade genética dos rebanhos faz-se importante.

No caso da população estudada, dos dez fundadores com maior importância, dois se apresentaram entre os ancestrais com maior contribuição (FJC2522 e FJC2469). O reprodutor com maior participação foi o RACN406 com 102 filhos e participação de 7,2% dentro da população. Assim, verifica-se que poucos animais participaram da formação genética, os dez animais apontados na tabela 2 são responsáveis por aproximadamente, 35% da constituição genética da população.



Tabela 2. Animais fundadores, sexo, ano de nascimento, contribuição genética e quantidade de filhos nos rebanhos que comercializaram touros em leilões entre 2015 e 2019.

Fundadores	Sexo	Ano de nascimento	Contribuição (%)	Nº Filhos
RACN406	M	25/08/2008	7,2	102
FJC2522	M	23/11/2002	5,0	74
CSCC2502	M	12/09/2004	4,1	58
ACO810	M	03/05/2007	3,7	53
LBMND4685	M	26/09/2009	3,2	45
CSCN9022	M	18/08/2006	3,0	43
FJC3526	M	01/09/2008	2,9	41
FJC2671	M	29/11/2003	2,6	36
FJC2469	M	19/09/2002	2,4	34
Total			34,61	486

Fonte: elaborado pela autora.

Dessa forma, estimou-se a razão entre *fe/fa* onde se obteve 2,0, esse parâmetro demonstra a dimensão da deriva genética, isto é, quanto menor seu número maior esse processo. Na raça Tabapuã, Vercesi Filho et al. (2002) apresentam a razão de 0,54. Faria et al. (2004), em estudo na raça Sindi, obtiveram valores decrescentes de 0,81 a 0,43, indicando acréscimo da deriva genética no período de quatro anos. Além disso, o cálculo indicou o uso de um grupo pequeno de animais na formação genética, caracterizando o efeito fundador, ou seja, quando um número reduzido de indivíduos forma uma nova população, resultando em queda da variabilidade genética.

Para mais, a conservação da variabilidade genética é essencial para aumentar o progresso seletivo a curto e longo prazo, bem como para fins de preservação (FARIA et al., 2002). Nesse cenário a variabilidade genética também está atrelada a qualidade e a quantidade de animais ancestrais que estão contribuindo geneticamente na população. Desse modo, a tabela 3 apresenta os dez reprodutores ancestrais mais influentes na amostra estudada.

Tabela 3. Animais ancestrais, sexo, ano de nascimento, contribuição genética e quantidade de filhos nos rebanhos que comercializaram touros em leilões entre 2015 e 2019.

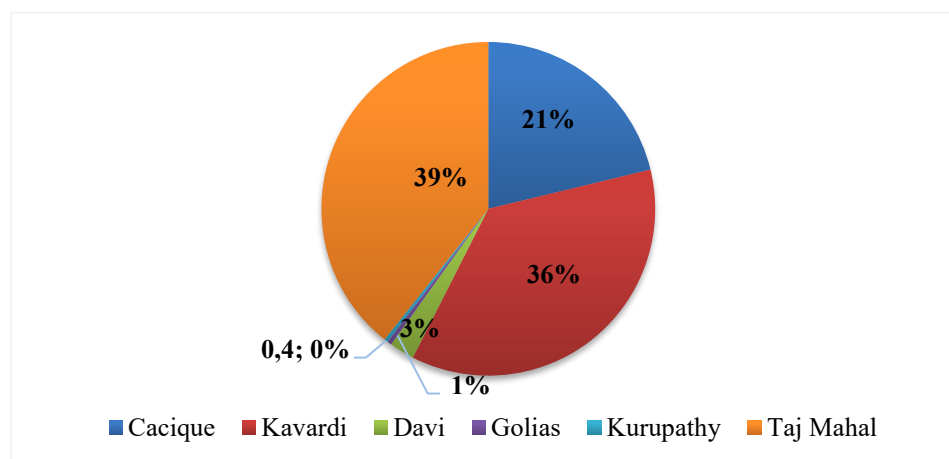
Ancestrais	Sexo	Ano de nascimento	Contribuição (%)	Nº Filhos
FJC2522	M	23/11/2002	9,0	127
G1919	M	21/07/1989	6,8	95
G9000	M	24/07/1995	6,3	89
FJC2469	M	19/09/2002	4,9	69
G9550	M	22/07/1992	4,9	69
CSCC2054	M	18/01/2001	3,8	54
SEEN1633	M	10/12/1999	3,4	49
LBMND1484	M	01/10/2006	2,8	40
CSCN7346	M	30/04/2002	2,8	39
L4810	M	19/10/1995	2,3	32
Total			47,0	663

Fonte: elaborado pela autora.



Dentre os 109 animais ancestrais, 20 foram responsáveis por 50% da variabilidade genética da população e dois também são animais fundadores (FJC2522 e FJC2469). Resultados superiores foram encontrados na região Nordeste para raças Gir Mocha e Indubrasil com 39 e 225 ancestrais, nessa ordem (FARIA *et al.*, 2002; CARNEIRO *et al.*, 2009). O estudo aponta o uso de poucos animais na constituição do rebanho como mostra a figura 1. Entretanto, esses rebanhos possuem linhagens distintas, demonstrando que há variabilidade genética, porém recomenda-se a inserção de animais com ascendências distintas para que não ocorra redução na qualidade genética devido o uso de linhagens semelhantes.

Figura 1. Distribuição da linhagem dos progenitores de touros comercializados em leilões entre 2015 a 2019.



Fonte: elaborado pela autora.

De acordo com Ferraz e Eler (2010) o rebanho Nelore no Brasil foi constituído a partir de poucos genearcas, sendo a maioria importados da Índia a partir da década de 1960. A literatura destaca grandes genearcas da raça Nelore, como por exemplo o Kavardi, Taj Mahal, Golias, Rastã, Godhavari, Akamasu e Padhu, que fazem parte da base formadora das principais linhagens Nelore até a atualidade (CRPBZ, 2015).

Nesse ínterim, verifica-se que os rebanhos estudados são formados, basicamente, por 6 linhagens de genearcas que participaram da base genética inicial da raça Nelore (Cacique, Kavardi, Davi, Golias, Kurupathy e Taj Mahal) com três se destacando, devido ao grande número de descendentes dentro dos plantéis a Taj Mahal (39%) e a Kavardi (36%) e Kurupathy com 21%, respectivamente (Figura 1). Todavia, ao se utilizar esses animais e seus descendentes, pode haver crescimento na endogamia dos bovinos, exigindo atenção e ações corretivas dos pecuaristas, para que os indivíduos não percam a boa rusticidade, fertilidade e produtividade.

No que tange a endogamia, na população apresentada, observa-se que o coeficiente médio de endogamia (F) foi de 2,9%, valor considerado baixo. Segundo Franck (1997) valores de F são considerados altos quando ultrapassam 6,25%, o qual poderia comprometer o desempenho dos animais. Dotta *et al.*, (2019) apresentaram valor de F acima do recomendado, com 8,32%. Já Rezende *et al.*, (2017) obteve coeficiente de endogamia de 0,73%. Queiroz *et al.* (2000) sugerem que o baixo nível de endogamia pode ser imputado a várias causas, como por exemplo: animais fundadores com genealogia não

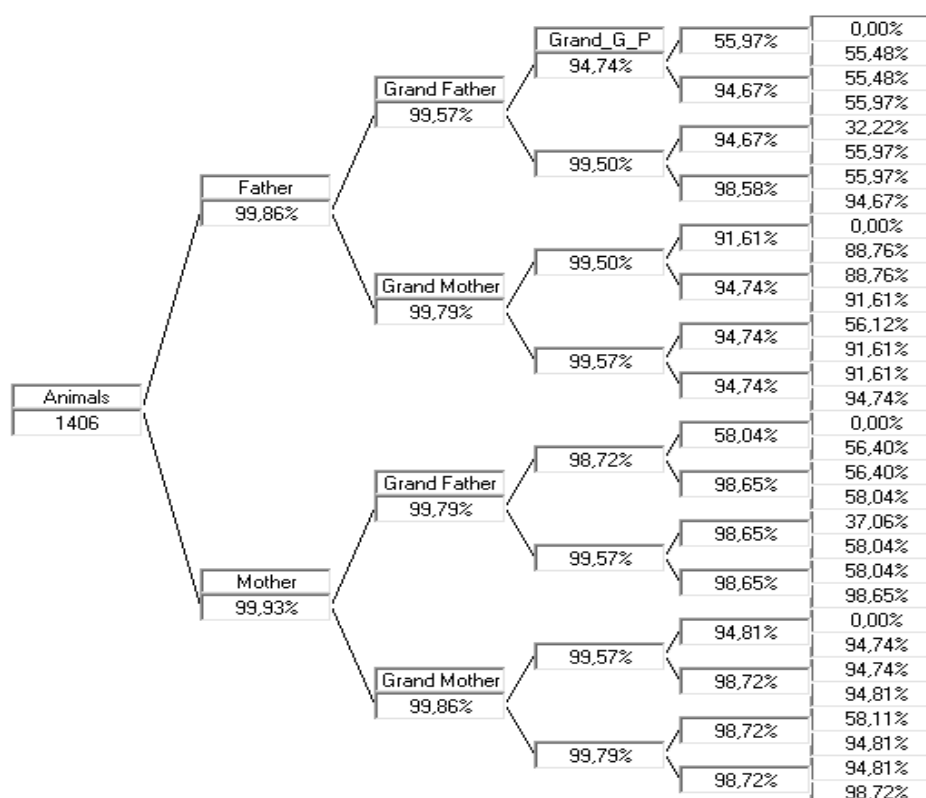
conhecida, precaução de acasalamentos entre animais com parentesco, o baixo parentesco dos indivíduos e o número de gerações consideradas na pesquisa.

Contudo, enfatiza-se que a estimativa do coeficiente de endogamia do animal depende também da identidade dos progenitores até longínqua geração. Desse modo, quanto maior for o conhecimento sobre os ancestrais dos bovinos que constituem a população, mais acurada será a pressuposição do coeficiente de endogamia (F). Além disso, o registro de pedigree dos reprodutores é um documento que identifica o animal, sua procedência e garante o progresso genético dos rebanhos.

Dessa maneira, essas informações são extremamente importantes como garantia de pureza racial, controle reprodutivo e procedência de outros fatores, tais como as características de importância econômica que devem ser incluídas na avaliação genética. Segundo Pezzini (2010) a integralidade do pedigree é uma ferramenta essencial para a avaliação da estrutura genética de uma população, haja vista que todos os parâmetros pressupostos são resultados dessa estrutura e quanto mais completo for o pedigree mais acuradas serão as estimativas.

Isso posto, o presente estudo identificou 99% dos genitores até a terceira geração e 89% até a quinta geração de touros comercializados em leilões no período de 2015 a 2019, como apresentado na figura 2.

Figura 2. Pedigree dos animais comercializados em leilões no Acre entre 2015 a 2019 até a 5ª geração.



Fonte: elaborado pela autora.

Dotta et al., (2019) ao estudarem a estrutura populacional de rebanhos Nelore na Amazônia a partir de informações cedidas pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), encontraram baixa integralidade de pedigree a medida em que se

avançavam as gerações, havendo perdas consideráveis de informações de genealogia a partir da terceira geração.

Rodrigues (2009) ao pesquisarem sobre populações de ovinos obteve informações de ancestrais até a terceira geração, bem como obteve queda na estimativa de pedigree entre a quarta e quinta geração, demonstrando a dificuldade em identificar dados genealógicos até as gerações mais distantes em diversas raças e espécies de animais.

Destarte, conhecer a genealogia do indivíduo até geração mais distante oportuniza o acompanhamento contínuo da qualidade genética, bem como pode controlar a endogamia nos plantéis evitando o aumento da consanguinidade.

Outros critérios podem servir como indicativo da endogamia, entre eles podemos citar as estatísticas F de Wright estimado através de três parâmetros, Fit, Fis e Fst que analisam a estrutura genética e dividem a população em várias subpopulações, que serão diferenciadas de acordo com fatores geográficos ou de rebanhos (NAVARRO, 2008).

Conforme Cruz et al. (2011), o Fit designa o coeficiente médio de endogamia da população e mensura o desvio das frequências genotípicas da população em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Esses desvios se originam de acasalamentos não aleatórios na amostra. O Fis mostra o desvio da casualidade ligados aos acasalamentos recentes, se $Fis > 0$, significa que a endogamia real extrapola o nível presumido sob cruzamentos ao acaso. Isso comprova que as cruzas estão ocorrendo entre indivíduos mais consanguíneos que a média, logo, a população estará fragmentada em subpopulações.

O Fst, por sua vez, determina o coeficiente médio de endogamia previsto caso os reprodutores de cada período fossem cruzados ao acaso, isto é, ele quantifica o nível de divergência entre populações. Assim, quanto mais aproximado de zero maior a semelhança entre as frequências alélicas nas subpopulações (OLIVEIRA et al., 2011). De acordo com Carneiro et al. (2010) a diferenciação entre as subpopulações medidas por Fst é considerada moderada com valores de 0,05 a 0,15, alta de 0,15 a 0,25 e acima de 0,25 muito alta.

Tabela 4 - Estatísticas F de Wright dos rebanhos que comercializaram touros em leilões no Acre no período de 2015 a 2019.

Parâmetros	2015	2016	2017	2018	2019	Total
Fis	-1.000.000	-1.000.000	-1.000.000	-1.000.000	-1.000.000	-1.000.000
Fst	0,489633	0,499857	0,500917	0,497858	0,497782	0,498614
Fit	-0,020735	-0,000286	0,001835	-0,004284	-0,004436	-0,002772

Fonte: elaborado pela autora.

Logo, como exposto na tabela 4, observa-se que os Fis foram negativos e próximos a zero, sugerindo que a variabilidade do rebanho é alta, pois tais valores mostram abundância de indivíduos heterozigotos. Além disso, apontou a predominância de cruzas entre as subpopulações e a prevalência de acasalamentos entre linhagens paternas em quantidades pequenas, que colaborou com a diminuição da endogamia. Esses resultados foram semelhantes aos encontrados por Malhado et al., (2008), que estimaram -0,0063.

Os índices Fst calculados classificaram-se como muito altos para todos os anos de avaliação, demonstrando que existe distinção entre as linhagens paternas com a constituição de subpopulações, uma vez que uma fração da diversidade genética na população foi denominada pela contribuição de poucos animais em alguns anos. Os altos valores de Fst indicam a elevada estruturação da população, provindo do fato de que nem todas as fazendas avaliadas usam reprodutores externos ou inseminação artificial, mas



comercializam reprodutores. Esses valores foram similares ao de Karasawa et al. (2012) e acima dos relatados por Malhado et al. (2008).

Os indicadores Fit foram negativos, com exceção apenas da população que originou touros para venda em 2017. Oliveira et al. (2006) mencionaram que valores de Fit negativos mostram grande quantidade de heterozigotos. Constata-se então que, nos rebanhos estudados, não houve redução da heterozigosidade ao longo das gerações, principalmente, em plantéis com maior quantidade de indivíduos. Os resultados encontrados nesse estudo estão com corroborando com aqueles encontrados por Tino (2016) e Faria et al. (2010).

Portanto, mesmo que o coeficiente de endogamia e o grau de parentesco sejam baixos entre os rebanhos, as estimativas demonstram que existe a necessidade de acompanhar os acasalamentos entre bovinos da raça Nelore nos plantéis disseminadores de genética, com intuito de impedir união entre animais aparentados, bem como ajustar um valor máximo para o coeficiente de endogamia esperado na população.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este estudo revelou uma base genética robusta, caracterizada por alta integralidade de pedigree (99% até a terceira geração e 89% até a quinta), predominância de heterozigosidade e baixa consanguinidade.

A população, majoritariamente formada por três linhagens de touros precursores da raça Nelore no Brasil, apresenta elevada variabilidade genética, indicando uma rica diversidade de alelos essencial para a adaptação e seleção de características produtivas. A predominância de indivíduos heterozigotos fortalece a resiliência genética, reduzindo riscos de doenças recessivas e promovendo vigor híbrido.

A baixa consanguinidade reflete práticas de manejo que evitam cruzamentos entre animais próximos, assegurando a saúde e a produtividade do rebanho. Esses atributos, aliados a parâmetros como o número efetivo de fundadores superior ao de ancestrais, fornecem aos produtores do Acre uma base sólida para estratégias de seleção mais eficazes.

Contudo, o monitoramento contínuo é crucial para preservar a diversidade genética e prevenir a erosão genética, garantindo o progresso genético sustentável. Assim, a adoção de cruzamentos planejados e o controle rigoroso da endogamia são fundamentais para maximizar a competitividade e a sustentabilidade da pecuária Nelore no Acre.

REFERÊNCIAS

BARROS, E. A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí**. Recife: Departamento de Zootecnia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2009. 63p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Departamento de Zootecnia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, 2009.

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. O valor do uso de probabilidades de origem do gene para medir a variabilidade genética em uma população. **Genetics Selection Evolution** 1997; 29: 5-23.



BOLIGON, A.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; RORATO, P.R.N.R. Associações genéticas entre pesos e características reprodutivas em rebanhos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 2008;37:(4): 596-601.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F.; CARNEIRO, A.P.S.; CUNHA, E.E. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 2007;36:(2): 369-375.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; et al. A raça Indubrasil no nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2327-2334, 2009.

CARNEIRO, H.; LOUVANDINI, H.; PAIVA, S.R.; MACEDO, F.; MERNIES, B.; McMANUS, C. Morphological characterization of sheep breeds in Brazil, Uruguay and Colombia. **Small Ruminant Research**, v.94, p.58-65, 2010.

CENTRO DE REFERÊNCIA DA PECUÁRIA BRASILEIRA (CRPBZ - ZEBU) Zebuicultura 2015. Disponível em: <http://www.zebu.org.br/Home/Secao/9331> Acesso: 10 de maio de 2025.

CORREA, M.B.B; DIONELLO, N.J.L.; CARDOSO, F.F. Genotype environment interaction effect on beef cattle genetic evaluation. **Revista Brasileira de Agrociência**. 2007;13:(2):153-159.

CRUZ, C.D.; FERREIRA, F.M.; PESSONI, L.A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620p.

DAVID, J.A.O.; AGUIAR, L.L; MAINARDI, V.F. **Aplicações da citogenética em ciência animal**. Deminicis BB, Martins CB (Eds) Caufes. 1ª Tópicos Especiais em Ciência Animal III. Alegre, Espírito Santo, Brasil, 222–228, 2014.

DOTTA, J. C.; et al. Estrutura populacional e depressão endogâmica em características de crescimento de bovinos da raça Nelore criados no bioma Amazônia. **Livest. Res. Rural Develop**, v. 31, 2019.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**, 4th ed. (London, Prentice Hall, 1996).

FARIA, F.J.C.; et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, n. 5, pág. 501-509, 2002.

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

FRANCK, R. Inbreeding steals profits. **Dairy Herd Management**. p.46-50, 1997.



GEDELMAN, H.; PIEPER, U. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heredability in cattle. **Journal of Animal Science**, v.63, n.6, p.1759-1768, 1986.

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

GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; CERVANTES, I. ENDOG v4.8. **Um programa de computador para monitorar a variabilidade genética de populações usando informações de pedigree**. Guia do usuário. Universidad Complutense de Madrid España; 2010.

KARASAWA M. M. G., R. VENCOVSKY, C. M.; et al. Comparisson of microsatellites and isozymes in genetic diversity studies of *Oryza glabripatula* (Poaceae) populations. *Revista de Biología Tropical* 60:1463-1478, (2012).

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

MEUWISSEN, T.I.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**.:24:(1):305-313, 1992.

MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLLIAMS, J. A. Maximizing genetic response in breeding schemes of dairy cattle with constraints on variance of response. **journal of Dairy Science**, v. 77, n. 7, p. 1905-1916, 1994.

NAVARRO, I. C. **Estructura genética del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo**. Madri: Universidad Complutense de Madrid, 2008. 181p. Tese (Doutorado em Produção Animal) Universidad Complutense de Madrid, 2008.

NICHOLAS, F.W. Size of population required for artificial selection. **Genetical Research**, v.35, p.85-105, 1980.

NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v. 89, n.3, p.583–590, 1978. . 20 Ago. 2025.

OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B.; OLIVEIRA, E.C.M.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.6, p.639-647, 2011.

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



REZENDE, M. P. G.; et al. Estrutura populacional do rebanho nelore criado no Semiárido do Nordeste brasileiro. **Ciência Animal Brasileira**, v. 18, 2017.

RODRIGUES, D. da S. **Estrutura populacional de um rebanho Morada Nova variedade branca no Estado do Ceará**. Fortaleza: Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, 2009. 45p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, 2009.

TINO, C. R. de S. **Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros**. 2016. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Biologia, Universidade Estadual Paulista, Dracena, 2016.

VAN VLECK, L. D. Index selection for direct and maternal genetic components of economic traits. **Biometrics**, v.26, n.3, p.477-483, 1970.

VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C.U.; BEZERRA, L.A.F.; LOBO, R.B. Structure and genrtic in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p. 482-485, 2006.

WOOLLIAMS, J. A. et al. Genetic contributions and their optimization. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 132, n. 2, p. 89-99, 2015.

