



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

MELHORAMENTO GENÉTICO COMO ESTRATÉGIA PARA APRIMORAR A QUALIDADE E PRODUTIVIDADE DE REBANHOS BOVINOS

Priscila Ferreira Wolter¹

Resumo: O melhoramento genético é essencial para aprimorar a qualidade e produtividade de rebanhos bovinos de corte, otimizando características produtivas e reprodutivas de interesse econômico. Com base em princípios genéticos, desde os estudos de Mendel até técnicas modernas, utiliza a variabilidade genética para selecionar genótipos superiores, empregando ferramentas como Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) e modelos lineares mistos (BLUP). A seleção, principal instrumento do melhoramento, depende de informações precisas de pedigree, desempenho individual e DEPs, que estimam valores genéticos, considerando fatores ambientais e genéticos. A adoção de touros de alto mérito genético, classificados por percentis, eleva a fertilidade, crescimento, resistência a doenças e qualidade de carcaça, aumentando a lucratividade. No entanto, a endogamia, decorrente de acasalamentos entre parentes, pode reduzir a heterozigosidade e causar depressão endogâmica, prejudicando o desempenho. O tamanho efetivo da população (N_e) é crucial para manter a variabilidade genética e evitar perdas produtivas. A integração de biotecnologias, como marcadores moleculares, e o monitoramento contínuo da endogamia são estratégias fundamentais para garantir a sustentabilidade e competitividade da pecuária de corte, atendendo às exigências do mercado por meio de rebanhos mais produtivos e adaptados.

Palavras-chave: Melhoramento genético. Pecuária de corte. Seleção genética. Endogamia. 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

A pecuária de corte é uma atividade econômica de grande relevância global, especialmente no Brasil, onde se destaca como pilar da agroindústria, contribuindo significativamente para o PIB e o mercado de exportação. A complexidade dessa atividade reside na interação entre características produtivas, como ganho de peso e qualidade de carcaça, e reprodutivas, como fertilidade e precocidade sexual, que determinam a rentabilidade e a sustentabilidade dos sistemas de produção (Pereira, 2004). Nesse contexto, o melhoramento genético emerge como uma ferramenta estratégica para otimizar a qualidade dos rebanhos bovinos, promovendo a seleção de animais com genótipos superiores que atendam às crescentes exigências de mercado por eficiência e qualidade.

Os fundamentos do melhoramento genético remontam aos estudos de Gregor Mendel no século XIX, que estabeleceram as bases da hereditariedade. Desde então, a área evoluiu com a incorporação de metodologias estatísticas avançadas, como os modelos lineares mistos e o Best Linear Unbiased Predictor (BLUP), que permitem estimar valores genéticos com maior precisão por meio das Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs) (Lobo, 2021). Essas ferramentas possibilitam a seleção de características de interesse econômico, como peso à desmama, resistência a doenças e acabamento de carcaça, maximizando o desempenho dos rebanhos. No Brasil, a raça Nelore predomina na pecuária de corte devido à sua rusticidade e adaptação ao clima tropical, mas o uso de raças alternativas, como a Senepol, tem ganhado espaço em cruzamentos que exploram a heterose e a complementariedade, resultando em maior produtividade e qualidade da carne (Da Silva et al., 2018).

Além disso, a introdução de características inovadoras, como “dias para um peso específico”, tem se mostrado promissora em programas de melhoramento genético, especialmente para a raça Nelore, permitindo a seleção de animais com maior precocidade e eficiência de ganho de peso (Santana et al., 2017). Contudo, desafios como a gestão da endogamia e a manutenção da variabilidade genética são cruciais para evitar a depressão endogâmica, que pode comprometer a fertilidade e a adaptação dos animais. A integração de biotecnologias, como marcadores moleculares e genômica, amplia a precisão da seleção, enquanto o monitoramento do tamanho efetivo da população (N_e) é essencial para preservar a diversidade genética. Assim, o melhoramento genético, aliado a práticas de manejo sustentáveis e à capacitação de produtores, é fundamental para consolidar a pecuária de corte como uma atividade competitiva, eficiente e ambientalmente responsável, atendendo às demandas de um mercado global cada vez mais exigente.

METODOLOGIA

Esta pesquisa foi conduzida por meio de uma revisão bibliográfica sistemática, com o objetivo de sintetizar e analisar o conhecimento existente sobre o melhoramento genético em bovinos de corte, focando em estratégias para aprimorar a qualidade e produtividade dos rebanhos. O estudo seguiu um protocolo estruturado, baseado em diretrizes de revisões sistemáticas, para garantir a robustez e a confiabilidade das informações coletadas.

A revisão foi orientada pela questão: "Quais são as principais estratégias de melhoramento genético aplicadas à pecuária de corte e seus impactos na qualidade e produtividade dos rebanhos bovinos?", considerando aspectos como seleção genética, uso de Diferenças Esperadas na Progenie (DEPs), endogamia, tamanho efetivo da população



e aplicação de biotecnologias. A busca foi realizada em bases de dados científicas, como Scielo, PubMed, Google Scholar e repositórios institucionais (Embrapa, CAPES Periódicos), utilizando palavras-chave como "melhoramento genético", "pecuária de corte", "bovinos Nelore", "DEPs", "endogamia" e "variabilidade genética". Foram incluídos artigos publicados entre 2000 e 2025, em português e inglês, priorizando estudos revisados por pares, teses, dissertações e relatórios técnicos.

Os estudos selecionados abordaram estratégias de seleção genética, impactos econômicos e produtivos do melhoramento genético, efeitos da endogamia e da variabilidade genética, além do uso de ferramentas como BLUP e marcadores moleculares, sendo excluídos trabalhos fora do escopo da pecuária de corte ou sem rigor metodológico. Os artigos foram organizados em um banco de dados, categorizando informações sobre metodologias, resultados e limitações.

A análise qualitativa sintetizou avanços, desafios e lacunas no melhoramento genético, com ênfase em características como peso à desmama, fertilidade e qualidade de carcaça, utilizando a triangulação de fontes para validar os achados. Os dados foram consolidados em uma revisão narrativa, destacando a evolução das técnicas de melhoramento genético, os benefícios da seleção de touros de alto mérito e os desafios relacionados à endogamia e à preservação da diversidade genética, fundamentada em diversos autores para contextualizar os resultados no cenário da pecuária brasileira.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Melhoramento genético de bovinos de corte

A pecuária de corte é uma atividade complexa, pois diversas características produtivas e reprodutivas interferem no rendimento do sistema de produção. Assim, o processo de aprimoramento para a melhoria da qualidade dos animais envolve mensuração e avaliação de muitas características distintas (SILVA et al., 2007).

Sabe-se que as características produtivas e reprodutivas, geralmente de interesse econômico, são influenciadas pela genética do animal e pelo ambiente no qual está inserido. Nessa lógica, torna-se impossível estabelecer com exatidão o quanto a genética poderia afetar essas características de produção. Desse modo, o melhoramento genético acaba por ser uma ferramenta importante, uma vez que auxilia na predição de valores genéticos das características econômicas, tal como ajuda a elevar o desempenho e a lucratividade dos rebanhos, a partir de princípios genéticos (ROSA et al., 2016).

O melhoramento genético teve início com os estudos sobre a transmissão dos caracteres hereditários de Gregor Mendel (1822-1884), mas em bovinos se originou em meados de 1790, em estudos ingleses que obtiveram informações sobre a genealogia das raças dos animais da época. Anos após esses feitos, diversos cientistas refinaram os programas de melhoramento para ajudar na identificação, seleção e propagação dos genótipos superiores (PEREIRA, 2012). Tornou-se uma ferramenta respeitável e passou a contribuir para elevar a produtividade da bovinocultura.

A partir dos anos de 1980, a maior parte dos programas de melhoramento genético de animais para corte iniciaram a avaliação dos indivíduos com base na metodologia de modelos mistos, isto para estimar os valores genéticos embasados na Diferença Esperada na Progenie (DEP). Passaram, então, a utilizar todas as informações fenotípicas e de genealogia, escolhendo animais com características relativas ao crescimento, estrutura corporal, resistência a doenças e reprodução (HENDERSON, 1984; BRAZ, 2016).

Nesse âmbito, entende-se que essa técnica tem como fundamento as modificações na constituição genética das populações, com base em procedimentos que utilizam a



variabilidade biológica dos indivíduos (ALENCAR, 2004). Para além disso, colabora com o progresso econômico dos sistemas de produção, sobretudo, na produção de bovinos por via da seleção ou pelos cruzamentos entre as raças (MANICARDI, 2011).

Vale destacar que os cruzamentos oportunizam acasalar indivíduos de diferentes raças buscando a heterose e a complementariedade, de modo que as principais ferramentas utilizadas são a seleção e o cruzamento (ELER, 2014). A associação adequada entre elas define o melhoramento genético.

O principal instrumento do melhoramento genético é a seleção, que consiste na escolha dos animais que serão genitores da próxima geração. O êxito da seleção sujeita-se na certeza da escolha dos melhores animais, que, de forma direta, está associada a qualidade das informações utilizadas para escolher os indivíduos. Vale frisar que não é possível observar diretamente o genótipo do animal, pois as características de interesse econômico são poligênicas, assim, a seleção deve sustentar-se em todos os dados disponíveis, como a genealogia e o desempenho do indivíduo, de suas proles e de seus parentes (CARDOSO, 2009).

Ademais, para que a seleção ocorra é imprescindível que haja variabilidade genética, que é consequência da quantidade de *locus* e alelos que participam da expressão de certas características em uma população de uma mesma espécie. Destaca-se que a variabilidade decorre de alterações genéticas, o que modifica a estrutura inicial do DNA. As alterações são ou não expressas de acordo com alguns fatores como: a dominância ou recessividade, a natureza dos pares de alelos, do quanto os genes interagem em outros *locus* e do quanto essa característica é influenciada pelo ambiente (OKIGBO, 1992). Ressalta-se que, dentre as várias alterações genéticas existentes, a única que produz diferenças entre os indivíduos é a mutação.

Diante disso, é importante observar que o processo de seleção não dá origem a um novo material genético, pois as transformações fixadas por meio de processos seletivos nas frequências alélicas, são estáveis. Os ganhos genéticos obtidos através da seleção de indivíduos com alto mérito genético são efetivos e cumulativos, tornando essa ferramenta imensamente importante para o melhoramento genético animal.

Logo, a seleção tem como objetivo elevar a frequência de genes favoráveis, de modo que contribuam, positivamente, com as características de interesse econômico e tornem o rebanho mais produtivo. Segundo Nobre (1989), a decisão na hora de escolher um reprodutor deve estar associada ao patrimônio genético das matrizes do rebanho, ou seja, para a maximização dos ganhos genéticos são necessários que ambos sejam animais de alta qualidade genética.

A escolha por qualquer alternativa de seleção deve ter, obrigatoriamente, o conhecimento prévio das características de interesse econômico, das diversas raças bovinas disponíveis, do meio ambiente onde os bovinos são criados e o mercado consumidor. Nestes termos, após a análise simultânea desses fatores é possível selecionar o animal economicamente mais rentável. De todo modo, a seleção e a reprodução assistida dos animais de genética superior e os sistemas de acasalamento são instrumentos que devem ser utilizados de forma constante (ROSA *et al.*, 2013).

Um fator importante sobre a seleção é ponderar a média dos animais escolhidos e compará-las com a média do rebanho. Outro ponto interessante é a correlação genética, pois é de suma importância conhecê-la devido ao efeito da pleiotropia. Então, dentro de um rebanho, ao planejar a seleção deve-se atentar aos efeitos das associações genéticas entre as características escolhidas, uma vez que ao melhorar a performance de uma é possível que se diminua o desempenho de outra, de maneira a influenciar o resultado da seleção de forma negativa (SILVA, 2016).



Fontes de informações da seleção

O processo seletivo pode ser conduzido através de diversos tipos de informações. Entre elas, as mais utilizadas são as de pedigree, do desempenho do próprio animal, da utilização de DEPs e da seleção assistida por marcadores moleculares, sendo esta a mais atual. A seleção a partir de informações de pedigree utiliza registros de desempenho, em características com alta herdabilidade, principalmente, dos genitores. Sua aplicação apoia-se na possibilidade de prever o valor genético de um animal através do valor genético de seu parentesco (CARNEIRO JUNIOR, 2009).

Essas informações auxiliam na avaliação de animais jovens que ainda não foram pais, bem como na avaliação de características mensuradas tardiamente no animal, ou ainda na seleção de características que se expressam em fêmeas, como a habilidade materna. No entanto, os dados coletados através da seleção por pedigree são pouco confiáveis e devem ser utilizados em associação com a produção individual do animal (PICCOLI et al., 2014).

A utilização do desempenho individual do animal para estimar o seu valor genético e de seus progenitores tem a possibilidade de ser usado em características de média e alta herdabilidade, como características ponderais em diferentes idades. Para que esse tipo de avaliação funcione se faz necessário que sejam obtidos registros de desempenho, em grupos de animais de idades semelhantes e criados nas mesmas condições para comparação em seus grupos de contemporâneos (CARDOSO, 2009).

Uma outra forma de seleção é através da diferença esperada na progênie (DEPs) para descrever o valor genético dos animais. A DEP é calculada por meio de um modelo matemático que considera todas as informações disponíveis, abrangendo o desempenho do próprio animal, de seus parentes e de sua progênie, tudo para determinar o mérito genético do indivíduo. A DEP é a predição média do valor genético do animal, ou seja, o valor genético mais aproximado do valor genético real do animal (TORRES JÚNIOR et al., 2013).

Utilizar as DEPs possibilita a comparação direta de todos os indivíduos dentro de uma avaliação, assim como de animais de grupos e ambientes diferentes, elevando a abrangência da seleção (PEREIRA et al. 2012). Geralmente, quando a avaliação genética é dentro do rebanho, a base genética é a média do rebanho. Nos catálogos de reprodutores, a base, habitualmente, é a média da raça ou do ano de nascimento. Desse jeito, os bovinos acima da média possuem valores de DEPs positivas e os abaixo negativas (BOURDON, 2000).

Avaliação genética

A avaliação genética é o início do processo de seleção e tem por objetivo a identificação dos melhores genótipos no rebanho. As características quantitativas (de interesse econômico) de um reprodutor ou matriz são poligênicas e formadas pelo genótipo (genética), do ambiente e da interação entre eles. O genótipo é constituído por uma amostra aleatória de genes do pai e da mãe, em que os gametas de um mesmo animal produzirão materiais genéticos distintos (PEREIRA et al., 2004). O modelo estatístico primário para uma característica quantitativa pode ser representado pela equação 1:

$$P = \mu + G + E \quad (1)$$



Em que **P** equivale ao valor fenotípico ou desempenho de um animal para a característica, μ é a média da população para determinada característica, **G** é o valor genotípico do animal para a característica e **E** são os efeitos ambientais.

Desse modo, o valor genético do animal não é identificado facilmente devido aos efeitos do ambiente. Nessa acepção, as avaliações genéticas diminuem ao máximo as variações ambientais, proporcionando a obtenção de um número mais aproximado do valor genético verdadeiro, que é importante devido sua hereditariedade (ROSA et al., 2004).

O reconhecimento do valor genético do indivíduo oportuniza a mudança na genética do rebanho pelo produtor, de acordo com suas necessidades e as exigências do mercado consumidor. Assim, o trabalho do pesquisador é coletar o máximo de informações para que, a partir da aplicação de metodologias estatísticas pertinentes, seja possível eliminar os efeitos das variações ambientais, tais como ano de nascimento, sexo, rebanho, sazonalidade, dentre outras (CARNEIRO JÚNIOR, 2009).

No início, os programas de seleção eram feitos dentro do rebanho. Porém, a percepção dos criadores e pesquisadores quanto à necessidade da realização de avaliações genéticas entre rebanhos levou à criação dos programas hoje existentes. Diante disso, a partir de 2002, houve grande esforço dos cientistas para disponibilizar um sumário unificado, com informações de diversos programas de avaliação genética da raça Nelore. Atualmente existem vários sumários disponíveis, contendo avaliação genética de diferentes raças pelo país (SILVA et al., 2013).

Nesse sentido, as avaliações genéticas entre rebanhos começaram a evoluir com a utilização das metodologias estatísticas, que possibilitaram avaliar uma grande quantidade de informações sobre os animais em rebanhos distintos (ALENCAR, 2004). Para estimar a contribuição genética do desempenho de características de interesse econômico, ou seja, o valor genético dos animais, utiliza-se modelos estatísticos caracterizados como modelos lineares mistos e a metodologia de máxima verossimilhança restrita (REML) (HENDERSON, 1953).

Esses modelos inferem tanto nos efeitos fixos (ambiente), quanto nos efeitos aleatórios (genética), de modo que são mensurados a partir das informações coletadas sobre o desempenho do animal, de seus pais e do parentesco. Ademais, são considerados os tipos de manejo e as características da população por meio de seus parâmetros genéticos, todos ajustados ao modelo proposto e analisados concomitantemente (BOURDON, 2000).

A principal metodologia utilizada para a solução dos modelos lineares mistos é o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*). É um avaliador que diminui a variância do erro de predição, através da resolução de um sistema de equações lineares, obtida por softwares computacionais (MRODE; THOMPSON, 2014). Frisa-se que é impossível saber o verdadeiro valor genético do animal, entretanto, devido ao uso dessa tecnologia é possível estimar esse valor.

Dessa maneira, a referida metodologia permite a comparação direta dos valores genéticos de todos os indivíduos incluídos na avaliação e que seja feita em grande escala, considerando informações de animais em lugares distintos (VOLPATO; HIGA, 2015). Nas análises, a metodologia considera o peso à desmama como característica padrão e as demais características são ponderadas em conjunto com esse peso, viabilizando a precisão das avaliações mediante as correlações genéticas, principalmente para as características limitadas ao sexo e nas pré-selecionadas, como o peso ao sobreano (CARDOSO, 2009).



Na atualidade, o modelo estatístico mais utilizado no processo de avaliação genética é o modelo animal. Ele considera todos os dados disponíveis sobre o animal e é descrito conforme expressão 2:

$$Y = X\beta + Za + e \quad (2)$$

Onde, **Y** é o vetor de observações, **X** e **Z** são as matrizes de incidência que relacionam os pesos observados aos níveis dos efeitos fixos e aleatórios individualmente; **β** e **a** são os vetores que serão preditos (**β** efeitos fixos e **a** efeitos aleatórios) e, por último, **e** é o vetor de erros aleatórios relativos a cada observação, os quais não foram identificados.

Nesse modelo, o resultado da avaliação genética representa o valor genético predito de cada animal, bem como maior precisão decorrente de um modelo apropriado dos efeitos aleatórios e da inserção da matriz de parentesco. O modelo animal permite a formação de DEPs para a totalidade dos animais, a partir de todas as informações disponíveis. Além disso, possibilita a comparação de animais nascidos em diferentes épocas (ROSA et al., 2004; CARNEIRO JÚNIOR, 2009).

Para que uma avaliação genética seja bem-sucedida faz-se necessário a obtenção de um conjunto de dados de excelência, uma vez que qualquer erro nas informações altera a predição dos valores genéticos. As avaliações, normalmente, são realizadas por pesquisadores através de programas de melhoramento genético, de modo a serem disponibilizadas ao produtor por meio de DEPs e na prática dos acasalamentos dirigidos. Os programas de melhoramento genético de bovinos têm como objetivo responder às exigências do pecuarista em relação a genética de seu rebanho, tal qual constituir ações que auxiliem no aumento da produção e rentabilidade.

Endogamia

A endogamia pode ser definida como o acasalamento entre indivíduos com grau de parentesco maior que a média da população a qual pertencem (LUSH, 1945). Dois seres são aparentados quando possuem ancestrais comuns. Partindo desse pressuposto, o grau de endogamia decorrerá da relação de parentesco entre os antepassados. De acordo com Oliveira (2009), o coeficiente de endogamia de um ser dimensiona a possibilidade de dois genes no mesmo loco cromossômico serem idênticos por descendência, ou seja, que estes sejam cópias do mesmo gene herdadas de uma geração antecessora.

Falconer e Mackay (1996) retratam os efeitos da endogamia sobre a estrutura genética das populações, no qual observaram decréscimos na quantidade de indivíduos heterozigotos, aumento da quantidade de genes recessivos de efeito deletério, redistribuições da variabilidade genética, além de influir, de forma negativa, o desempenho médio populacional para características quantitativas. Em outras palavras, a endogamia ocasiona a elevação da homozigose e a produção de indivíduos mais semelhantes, ocorrendo a redução da variação genética na capacidade de transmissão dos genes de reprodutores.

À vista disso, a princípio, em raças zebuínas foram utilizadas de forma mais intensa, progênes de determinados touros. Desse modo, produtores de elite usaram a endogamia para uniformização racial e inserção de características específicas a algumas linhagens de touros conhecidos (SCHENKEL; LaGOIA; RIBOLDI, 2002). Entretanto, foram detectados alguns efeitos fenotípicos nesses animais, tais como doenças genéticas



devido a homozigose recessiva de efeito deletério e a depressão pela endogamia (OLIVEIRA, 2009).

A depressão pela endogamia foi relatada, primeiramente, por Dickerson em 1963, é caracterizada pela redução do desempenho fenotípico de animais oriundos de acasalamentos endogâmicos (MC PARLAND et al., 2008). Nicholas (1999) afirma que devido a depressão endogâmica, o desempenho de características reprodutivas e de adaptabilidade decrescem cerca de 1% em relação a sua média na população para cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia.

Em bovinos de corte, as consequências da endogamia sobre as características de interesse econômico são, geralmente, prejudiciais (MC PARLAND et al., 2007; MC PARLAND et al., 2008). Keller e Brinks (1978) afirmam que os efeitos deletérios da endogamia são mais expressivos em ambientes estressantes para o animal. Corroborando com esta afirmação, Burrow (1998) relata que em ambientes hostis o sistema imunológico não reage de forma eficaz em razão da endogamia. Nesse caso, seu efeito se eleva através da diminuição da resistência à condição de estresse, que prejudica o processo reprodutivo, de crescimento e qualidade de carne e carcaça.

No Brasil, foram realizados diversos estudos sobre os efeitos da endogamia em várias características de bovinos de corte nas raças Tabapuã (PENNA, 1990), Caracu (AMARAL et al., 1991; MERCADANTE et al., 1997), Gir (QUEIROZ et al., 1993), Hereford (FERREIRA; VAN VLECK, 1998), Simental (MARQUES et al., 1998) que demonstraram efeito antagônico significativo da endogamia sobre as características de relevância econômica nessas raças.

Nesse sentido, a endogamia tem sido estimada nos trabalhos importantes em gado de corte, utilizando-se, fundamentalmente, dois delineamentos experimentais. O primeiro, usa técnicas de regressão, onde o coeficiente de endogamia (F) do animal e/ ou da mãe é calculado como covariável em modelos que incluem demais efeitos genéticos e ambientais. No segundo, existe a comparação de genealogias endogâmicas com não-endogâmicas. A alteração destas técnicas resulta na modelagem da endogamia com um efeito fixo, que utiliza os valores da endogamia distribuídos em classes discretas (QUEIROZ et al., 2000).

Em resumo, existem duas linhas de estudos envolvendo a endogamia na literatura, estas com nomenclaturas diferentes para cada tipo. A primeira linha usa o termo taxa de endogamia para se referir à expressão do desempenho dos coeficientes de endogamia individuais, tanto maternos quanto paternos por anos de avaliações. Já a segunda linha, utiliza-se do termo efeito da endogamia para externar o vínculo funcional entre as características de importância econômica e os coeficientes de endogamia (BALIEIRO, 2008).

Para Balieiro (2008) é habitual a constatação da influência significativa da endogamia em bovinos, nas características de crescimento, ponderais pelo peso do animal em idades distintas, tal como, o efeito significativo e desfavorável da endogamia materna sobre características como peso ao nascer e peso à desmama de sua progênie.

Shimbo et al. (2000) utilizando a técnica de regressão, na raça Nelore, declararam que o coeficiente de endogamia médio (F) de 3300 animais endogâmicos foi de 3,81% e o coeficiente de endogamia materno médio (F_{mat}) foi de 2,67% de 617 matrizes endogâmicas, demonstrando resultados de baixa magnitude. Contudo, ainda neste trabalho, foi evidenciado que para o aumento de 1% de endogamia existia uma redução de 0,3kg nos animais endogâmicos para a característica peso à desmama, 1,12kg no peso ao sobreano, 0,73kg no ganho de peso da desmama ao sobreano e 0,055cm na circunferência escrotal.



Schenkel, LaGioia e Riboldi (2002) relatam consequências negativas da endogamia individual e materna sobre o ganho de peso em raças Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore e Tabapuã. Os autores afirmam que para cada 10% de acréscimo na endogamia individual há redução do ganho médio diário nos pesos aos 205 e aos 550 dias em relação à média, respectivamente, de 1,7% e 2,1%. Ainda nesses estudos, outro aspecto em destaque foi o coeficiente de endogamia ter sido maior em machos do que em fêmeas.

Nesse cenário, para auxiliar nas pesquisas sobre endogamia, Gutierrez e Goyache (2003) apresentaram um novo parâmetro, o coeficiente de parentesco médio, também conhecido como AR, que é caracterizado como a probabilidade de um alelo da população, selecionado arbitrariamente em toda a genealogia de um determinado indivíduo. Assim, o AR representa o indivíduo em toda a linhagem, sem ter em conta o conhecimento de sua própria.

De acordo com os autores supraditos, existem diversas vantagens em usar esse parâmetro, entre elas estão: sua utilização como alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia, estimar a endogamia a longo prazo em uma população, calcular o tamanho efetivo da população fundadora, entre outras. Além disso, os custos computacionais para determinar os coeficientes de AR são similares ao cálculo do numerador da matriz de parentesco. Em contrapartida, para que a estimativa de coeficiente de parentesco médio seja bem-sucedida, é crucial que as informações de linhagens estejam corretas, uma vez que a análise depende diretamente do pedigree em sua completude.

Tamanho efetivo da população e Fundadores ancestrais

O tamanho efetivo da população (N_e) é um conceito crucial no melhoramento genético de bovinos, definido como o número de indivíduos em uma população ideal que mantém a mesma taxa de mudança genética, estimada pela taxa de endogamia (ΔF) (Wright, 1931; Gutierrez et al., 2003). O N_e é inversamente proporcional à variância do tamanho de família e à taxa de endogamia, influenciando diretamente a variabilidade genética (Faria et al., 2001; Oliveira, 2009; Amaral, 2012). Populações com poucos reprodutores, especialmente em sistemas fechados, apresentam maior endogamia, reduzindo a diversidade genética e comprometendo características de adaptação e reprodução (Cunha et al., 2003; Cunha et al., 2006).

O uso intensivo de poucos touros aumenta a variância do tamanho de família, elevando a endogamia e limitando ganhos genéticos (Vercesi-Filho et al., 2002). Segundo Caballero (1994), o N_e é essencial para prever a deriva genética e a endogamia populacional, impactando a seleção a curto prazo (depressão endogâmica) e a longo prazo (limite de seleção) (Toro & Pérez-Enciso, 1990). Autores como Nicholas (1980) sugerem um N_e mínimo de 50 animais por geração para limitar a endogamia a 1% ao ano, enquanto Goddard e Smith (1990) propõem 40, e Meuwissen e Woollians (1994) indicam entre 31 e 250 para preservar adaptabilidade. Carneiro et al. (2006) destacam que populações com N_e elevado e proporção equilibrada de machos e fêmeas minimizam perdas genéticas, evitando riscos de extinção de grupos genéticos (Amaral, 2012).

A análise da estrutura populacional via pedigree é fundamental para programas de seleção eficientes, reduzindo a endogamia por meio de acasalamentos controlados (Queiroz et al., 2000; Carneiro et al., 2007; Malhado et al., 2009). A variabilidade genética é avaliada pelo número efetivo de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a), que medem a contribuição genética de indivíduos com progenitores desconhecidos (fundadores) ou conhecidos (ancestrais) (Boichard, Maignel & Varrier, 1997). O f_e representa a



quantidade de fundadores com contribuição genética equivalente à população atual, enquanto o *fa* indica o número mínimo de indivíduos que explicam a diversidade genética total (Boichard, Maignel & Varrier, 1997). Segundo Albuquerque (2010), a diferença entre *fe* e *fa* reflete perdas de variabilidade devido ao uso desequilibrado de reprodutores, sendo ideal que sejam próximos para maximizar a diversidade genética. Estratégias como evitar acasalamentos entre parentes e monitorar o *Ne* são essenciais para manter a sustentabilidade genética, garantindo produtividade e adaptabilidade em sistemas de pecuária de corte (Rezende et al., 2017).

Importância dos touros melhoradores

Os reprodutores são os principais responsáveis pela melhoria genética de um rebanho. A seleção apropriada de um touro influencia nos índices produtivos e reprodutivos, bem como no melhoramento genético de um plantel. Esses animais devem ser escolhidos de acordo com os objetivos do produtor e conforme o sistema de produção adotado (MARCONDES; GARCIA, 2019).

Hodiernamente, existem várias ferramentas que são úteis no processo seletivo de touros. Dentre elas podemos citar diferentes programas de melhoramento genético que são elaborados por pesquisadores de todo o Brasil, como a Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), Embrapa/ Geneplus, Delta GEN, Aliança, Programa Qualitas, entre outros.

Para que o pecuarista tenha acesso aos resultados desses programas de melhoramento genético são lançados no mercado diversos sumários de touros. As características ponderadas em cada sumário interferem na produtividade da fazenda, como, por exemplo, ganho de peso, habilidade materna, precocidade sexual, acabamento e qualidade de carcaça. Contudo, ter acesso a essas informações não é suficiente, haja vista que é necessário compreendê-las e utilizá-las de forma adequada. No geral, os sumários disponibilizam características produtivas, reprodutivas, de carcaça e maternas na forma de DEPs. Desse modo, é primordial o conhecimento de cada rebanho e as características que são necessárias para seu progresso, por meio da genética.

As DEPs indicam a performance da progênie de um determinado reprodutor. São instrumentos eficientes de comparação, uma vez que são fundamentadas em valores relativos. Sua estimativa é realizada comparando o desempenho de um reprodutor com a base genética da população avaliada e considera uma série de fatores para separar o valor genético dos efeitos ambientais (de QUEIROZ et al., 2018).

Frisa-se que é importante, também, o uso de várias características concomitantemente, ou seja, o estabelecimento de índices de seleção. A constituição de um índice tem por objetivo agrupar, em uma única medida classificatória, a parte genética das características de um animal, estipuladas para seleção, de acordo com seus níveis de importância. Para cada sumário é calculado um percentil geral, que norteia sobre o posicionamento, classe, número de rebanhos e de filhos avaliados do animal (ROSA et al., 2013).

Nesse sentido, o uso correto das DEPs direciona o produtor a decisões que terão impacto na lucratividade da fazenda. De acordo com Rosa et al. (2016) considera-se a aquisição de touros geneticamente superiores como investimento, pois estes apresentam alta capacidade de retorno econômico, sendo crucial para a melhoria da renda e produtividade das propriedades de gado de corte.

Diante disso, a qualificação do pecuarista é importante nesse segmento, uma vez que ele deve buscar informações periodicamente sobre a importância do uso de



reprodutores. Escolhas incorretas no uso da genética impactarão, negativamente, durante anos na produção do rebanho e na lucratividade da propriedade. Portanto, a seleção de touros deve ser criteriosa e considerar o sistema de produção e as metas a serem atingidas.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O melhoramento genético é essencial para a pecuária de corte, promovendo a seleção de animais com características produtivas e reprodutivas superiores, como peso à desmama e qualidade de carcaça, por meio de ferramentas como DEPs e BLUP, que otimizam a predição de valores genéticos. A escolha de touros de alto mérito e cruzamentos que exploram a heterose aumentam a produtividade e lucratividade, mas exigem dados confiáveis e capacitação dos pecuaristas. Entretanto, desafios como a endogamia, que pode causar depressão endogâmica, e a redução da variabilidade genética requerem monitoramento do tamanho efetivo da população (N_e) e uso de biotecnologias, como marcadores moleculares, para manter a diversidade genética. Outrossim, o melhoramento genético, aliado a práticas de manejo, é crucial para sistemas produtivos sustentáveis e competitivos.

REFERÊNCIAS

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

ALENCAR, M. M. Perspectivas para o melhoramento genético de bovinos de corte no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE MELHORAMENTO ANIMAL, 41., 2004, Campo Grande. *Anais...* Campo Grande: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2004. p. 358-367.

AMARAL, M. O.; QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Efeito da endogamia sobre o peso ao nascer e à desmama de bezerros da raça Caracu. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 28., 1991, João Pessoa. *Anais...* Viçosa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1991. p. 540.

AMARAL, R. dos S. *Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em Nelore, mocho do nordeste do Brasil*. 2012. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, 2012.

BALIEIRO, C. C. Aspectos genéticos e fenotípicos de características produtivas, temperamento e repelência em bovinos da raça Nelore. 2008. 89 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2008.

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

BOURDON, M. R. *Understanding animal breeding*. 2. ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2000.



BRAZ, C. U. Detecção de QTL para maciez da carne em bovinos da raça Nelore. 2016. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2016.

BURROW, H. M. The effects of inbreeding on productive and adaptive traits and temperament of tropical beef cattle. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 55, p. 227-243, 1998.

CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity*, v. 73, p. 657-679, 1994.

CARDOSO, F. F. *Ferramentas e estratégias para o melhoramento genético de bovinos de corte*. Bagé: Embrapa Pecuária Sul, 2009. (Documentos, 83).

CARNEIRO JÚNIOR, J. M. Melhoramento genético animal. In: EMBRAPA ACRE. Rio Branco, 2009. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/173036/1/22908.pdf>. Acesso em: 19 out. 2025.

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

CUNHA, E. E. et al. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 32, n. 6, p. 1297-1303, 2003.

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

DA SILVA, A. L. et al. A raça Senepol como alternativa para o melhoramento genético em bovinos de corte. *Revista Eletrônica Anima Terra*, v. 6, p. 27-52, 2018.

ELER, J. P. *Teorias e métodos em melhoramento genético animal: I Bases do melhoramento genético animal*. Pirassununga: [s.n.], 2014.

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

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

FERREIRA, G. B.; VAN VLECK, D. V. Influência da consanguinidade e do efeito materno na estimativa de parâmetros genéticos em características produtivas. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECHNIA, 35., 1998, Botucatu. *Anais...* Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p. 535-537.

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.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C. et al. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, v. 35, p. 43-63, 2003.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, Berlim, v. 122, p. 378-386, 2005.

HENDERSON, C. R. *Applications of linear models in animal breeding*. Guelph: University of Guelph, 1984.

KELLER, D. G.; BRINKS, J. S. Inbreeding by environment interactions for weaning weight in Hereford cattle. *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 46, p. 48-53, 1978.

LOBO, N. P. *Melhoramento genético em bovino de corte*. [S.l.]: [s.n.], 2021.

LUSH, J. L. *Animal breeding plans*. Ames: Iowa State College, 1945.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D. M. M. R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordeste. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 44, n. 7, p. 713-718, 2009.

MANICARDI, F. R. Estimativas de parâmetros genéticos e estudo comparativo de índices de seleção fenotípico e genético em provas de ganho de peso na raça Nelore. 2011. 69 f. Dissertação (Mestrado em Qualidade e Produtividade Animal) – Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2011.

MARQUES, L. F. A. et al. Efeitos da endogamia nos pesos pré-desmama da raça Simental no Brasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 35., 1998, Botucatu. *Anais...* Botucatu: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1998. p. 491-492.

MC PARLAND, S. et al. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 85, p. 322-331, 2007.

MC PARLAND, S. et al. Inbreeding effects on postweaning production traits, conformation, and calving. *Journal of Animal Science*, Champaign, v. 86, p. 3338-3347, 2008.

MERCADANTE, M. E. Z. et al. Níveis de endogamia de animais da raça Caracu da Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34., 1997, Juiz de Fora. *Anais...* Juiz de Fora: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1997. p. 214-217.

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

MRODE, R. A.; THOMPSON, R. *Modelos lineares de valores de reprodução animal*. Wallingford: CABI, 2014.



NICHOLAS, F. W. *Introdução a genética veterinária*. Porto Alegre: Artes Médicas Sul, 1999.

NOBRE, P. R. C. *Avaliação de reprodutores em bovino de corte*. Campo Grande: Embrapa-CNPGC, 1989. (Documentos, 42).

OKIGBO, B. N. Conservation and use of plant germplasm in African traditional agriculture and land use systems. In: PUTTER, A. (Ed.). *Safeguarding the genetic basis of Africa's traditional crops*. Nairobi: CTA/IBPGR/KARI/UNEP, 1992. p. 15-38.

OLIVEIRA, P. S. *Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber*. 2009. 96 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2009.

PENNA, V. M. et al. Evolução da endogamia em um rebanho Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 28., 1991, João Pessoa. *Anais...* João Pessoa: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 1991. p. 548.

PEREIRA, J. C. C. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2004.

PEREIRA, J. C. C. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. 6. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2012.

PICCOLI, M.; BRACCINI, J.; CARDOSO, F.; SARGOLZAEI, M.; LARMER, S. G.; SCHENKEL, F. Accuracy of genome-wide imputation in Braford and Hereford beef cattle. *BMC Genetics*, London, v. 15, n. 157, 2014.

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.

QUEIROZ, S. A.; LÔBO, R. B.; MARTINEZ, M. L. Efeitos da endogamia sobre algumas características de importância econômica na raça Gir. *Revista Sociedade Brasileira de Zootecnia*, v. 22, n. 5, p. 773-786, 1993.

REZENDE, M. P. G.; CONDE, E. A. S. L.; BORGES, A. C.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, R.; MALHADO, C. H. M. Estrutura populacional do rebanho Nelore criado no semiárido do nordeste brasileiro. *Ciência Animal Brasileira*, v. 18, e-38048, 2017.

ROSA, A. do N.; MARTINS, E. N.; MENEZES, G. R. de O.; da SILVA, L. O. C. *Melhoramento genético aplicado em gado de corte*. Brasília: Embrapa Gado de Corte, 2013.

ROSA, A. do N.; NOBRE, P. R. C.; SILVA, L. O. C. *Modelo touro e modelo animal e um pouco da história das avaliações genéticas na Embrapa Gado de Corte Programa Geneplus*. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2004.



ROSA, A. do N.; TORRES JÚNIOR, R.; COSTA, F. Potencial de retorno econômico pelo uso de touros melhoradores em monta natural. In: EMBRAPA GADO DE CORTE. Campo Grande, 2016.

SANTANA, B. F. et al. Viabilidade do uso de características “dias para um peso específico” em programas de melhoramento genético de bovinos da raça Nelore. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v. 18, p. 260-268, 2017.

SCHENKEL, F. S.; LAGIOIA, D. R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande. *Anais...* Campo Grande: SBMA/Embrapa, 2002.

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: SBMA, 2000. p. 388-390.

SILVA, A. S.; COSTA E SILVA, E. V.; NOGUEIRA, E.; ZÚCCARI, C. E. S. N. Avaliação do custo/benefício da inseminação artificial convencional e em tempo fixo de fêmeas bovinas pluríparas de corte. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v. 31, n. 4, p. 443-455, 2007.

SILVA, L. O. C. d.; NOBRE, P. R. C.; TORRES JÚNIOR, R. A. d. A.; GONDO, A.; MENEZES, G. R. d. O. Uso dos sumários de touros de avaliação genética nos processos de seleção e acasalamento. In: *Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus – Embrapa*. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2013. p. 166-167.

TORO, M.; PÉREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. *Genetics Selection Evolution*, v. 22, p. 93-107, 1990.

TORRES JÚNIOR, R. A. de A. et al. Melhoramento animal na era das DEPs. In: EMBRAPA GADO DE CORTE. Campo Grande, 2013.

VERCESI-FILHO, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E. et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 54, p. 609-617, 2002.

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

