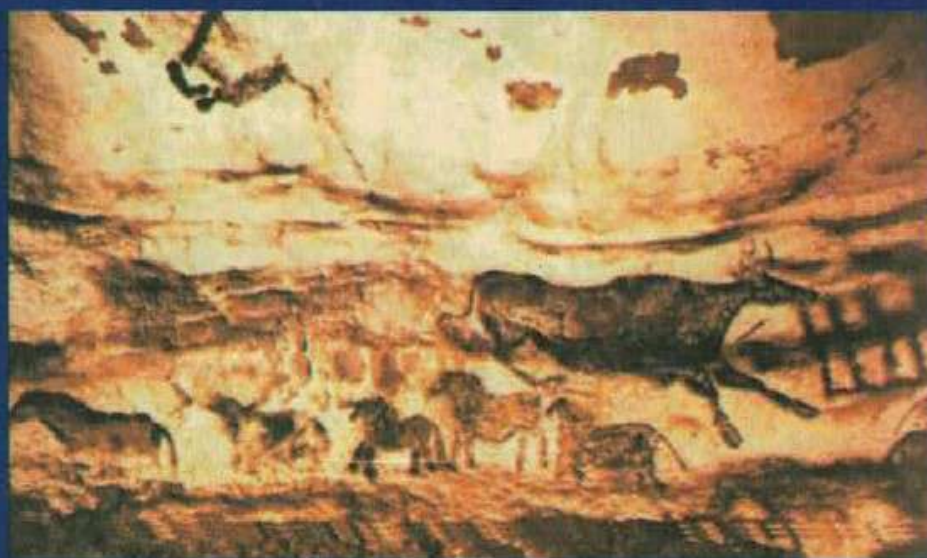




Ministério da Agricultura,
Pecuária e Abastecimento

Melhoramento **genético** de bovinos de leite



Editores:

José Valente

Marcus Cordeiro Durães

Mário Luiz Martinez

Nilson Milagres Teixeira

Embrapa

República Federativa do Brasil

Fernando Henrique Cardoso
Presidente

Ministério da Agricultura e do Abastecimento

Marcus Vinícius Pratini de Moraes
Ministro

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Conselho de Administração

Márcio Fortes de Almeida
Presidente

Alberto Duque Portugal
Vice-Presidente

Dietrich Gerhard Quast

José Honório Accarini

Sérgio Fausto

Urbano Campos Ribeiral

Membros

Diretoria-Executiva da Embrapa

Alberto Duque Portugal
Diretor-Presidente

Dante Daniel Giacomelli Scolari

Bonifácio Hideyuki Nakasu

José Roberto Rodrigues Peres

Diretores

Embrapa Gado de Leite

Duarte Vilela
Chefe-Geral

Mário Luiz Martínez

Chefe Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento

Matheus Bressan

Chefe Adjunto de Comunicação e Negócios

Victor Ferreira de Souza

Chefe Adjunto de Administração



*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Leite
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

ISBN 85-85748-29-X

Dezembro, 2001

MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINOS DE LEITE

Editores:

José Valente

Marcus Cordeiro Durães

Mário Luiz Martinez

Nilson Milagres Teixeira

Edição comemorativa



Embrapa Gado de Leite
Juiz de Fora – MG

Exemplares desta publicação podem ser solicitados a:

Embrapa Gado de Leite

Área de Negócios Tecnológicos - ANT

Rua Eugênio do Nascimento, 610 - Dom Bosco

36038-330 Juiz de Fora, MG

Telefone: (32)3249-4700

Fax: (32)3249-4751

e-mail: sac@cnpagl.embrapa.br

home page: <http://www.cnpagl.embrapa.br>

Tiragem: 1.250 exemplares

COMITÊ LOCAL DE PUBLICAÇÕES

Mário Luiz Martinez (Presidente)

Margarida Maria Ambrósio (Secretária)

Carlos Eugênio Martins

Jackson Silva e Oliveira

John Furlong

José Valente

Luiz Carlos Takao Yamaguchi

Margarida Mesquita de Carvalho

Maria Aparecida V. Paiva e Brito

Maria de Fátima Ávila Pires

Marlice Teixeira Ribeiro

Wanderlei Ferreira de Sá

ARTE, COMPOSIÇÃO E DIAGRAMAÇÃO

Templo Gráfica e Editora Ltda.

CAPA

Isabela Picorone de Oliveira (estagiária)

REVISÕES

Lingüística

Newton Luís de Almeida

Bibliográfica

Margarida Maria Ambrósio

VALENTE, J.; DURÃES, M.C.; MARTINEZ, M.L.; TEIXEIRA, N.M. (Ed.). Melhoramento genético de bovinos de leite. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 2001. 256p.

Inclui bibliografia.

ISBN 85-85748-29-X

1. Bovinos - Leite - Genética - Estatística. 2. Bovinos - Seleção - Raças - Tipos - Cruzamentos. 3. Bovinos - Fatores não-genéticos - Produção - Leite. 4. Bovinos - Características - Conformação - Avaliação genética - Interação genótipo/ambiente. I. Título. II. Valente, José, ed. III. Durães, Marcus Cordeiro, ed. IV. Martinez, Mário Luiz, ed. V. Teixeira, Nilson Milagres, ed.

CDD. 636.2142

Apresentação

A evolução da produção de leite no Brasil, nos últimos 25 anos, se caracteriza pela expansão de fronteiras e pelo ganho na produtividade.

A melhoria da produtividade depende de uma complexa interação de fatores biológicos, tecnológicos, econômicos e gerenciais. Os trabalhos de pesquisa têm demonstrado que a produtividade pode melhorar significativamente com a adoção de tecnologias apropriadas e a utilização de animais de maior potencial genético para produção do que os predominantemente utilizados.

Avanços no conhecimento e aplicação de teoria genética, de métodos estatísticos, sucesso dos programas de teste de progênie e maior capacidade de processamento dos computadores para avaliações genéticas têm sido responsáveis por altas taxas de progresso genético do gado de leite.

Este livro é fruto do esforço da equipe de melhoramento animal da Embrapa Gado de Leite, que, durante 25 anos de pesquisa, desenvolveu trabalhos em parceria com instituições públicas e privadas, associações de criadores e produtores individuais, na busca de tecnologias que pudessem contribuir para o progresso genético do rebanho leiteiro nacional.

Melhoramento genético de bovinos de leite se destina a produtores, estudantes e profissionais de zootecnia, agronomia e veterinária que lidam com a pecuária leiteira.

Duarte Vilela
Chefe-geral

Prefácio

Os princípios do melhoramento genético não mudaram no decorrer do tempo. Entretanto, as informações sobre esses princípios e os seus métodos de apresentação e utilização mudam com os novos resultados de pesquisa e experiências adquiridas.

No Capítulo 1, encontram-se alguns conceitos básicos de genética e estatística. Em anos recentes, tem havido uma grande evolução dos conhecimentos de genética, e provavelmente tecnologia ao nível molecular ou celular venha a originar novos instrumentos auxiliares para o melhoramento dos animais. O melhorista de gado de leite tem, entretanto, que considerar que a unidade de trabalho é a vaca de leite, que é um "pacote" de características qualitativas e quantitativas desejáveis e, às vezes, indesejáveis, muitas das quais não podem ser mensuradas ou mesmo percebidas. Algumas são importantes economicamente, outras não. Algumas são transmitidas para a geração seguinte, em graus variáveis, outras não. Algumas são grandemente afetadas pelo meio ambiente, outras não. Algumas características andam juntas, enquanto outras parecem ser antagônicas uma com a outra. O dilema do melhorista é como avaliar adequadamente o "pacote total", bem como o seu futuro em programas de melhoramento.

Os Capítulos 2 e 3, relacionados com seleção, são incluídos com o objetivo de fornecer princípios básicos do melhoramento de características quantitativas, e como podem ser aplicados em melhoramento de gado de leite.

Programas de melhoramento que contemplem animais de raças européias, zebuínas e mestiços são necessários, considerando-se a diversidade das condições de ambiente brasileiras. Raças, tipos e sistemas de cruzamento foram contemplados nos Capítulos 4 e 5.

A identificação de vacas elites e touros superiores é fundamental para o progresso genético em gado de leite, qualquer que sejam os objetivos da seleção. É necessário que se considerem todos os fatores de meio ambiente que influenciam o desempenho de animais, ajustando-se as produções para uma base comum de comparação ou considerando-se os efeitos no modelo de avaliação. Informação sobre os principais fatores não-genéticos que afetam a produção de leite encontra-se no Capítulo 6. Outras características, além da produção, devem ser consideradas, principalmente aquelas de tipo relacionadas com a longevidade dos animais, que têm sido apontadas como muito importantes nos programas atuais de seleção. Uma visão geral sobre tipo ou conformação encontra-se no Capítulo 7. Procedimentos de avaliação genética de vacas e touros são tratados no Capítulo 8, e análise de pedigree e escolha de sêmen, no Capítulo 10.

Outro assunto que mereceu um capítulo (Cap. 9) é a interação genótipo/ ambiente, que assume importância quando existem diferenças entre os ambientes de seleção e produção. Programas de melhoramento para o desempenho dos animais em diferentes ambientes não devem ignorar a possibilidade dessa interação.

Os trabalhos de ovulação múltipla e transferência de embriões (MOET) tornaram possíveis, nos últimos anos, maior progresso genético pelo uso mais intenso de vacas de maior potencial genético. Com tal tecnologia, touros jovens podem ser selecionados com base no desempenho de irmãos podendo contribuir para a redução no intervalo de geração. Estratégias de sua utilização são descritas no Capítulo 11.

A genética molecular é um importante auxílio para a genética quantitativa com grande potencial de utilização. As tecnologias desenvolvidas têm permitido a obtenção de mapas genéticos e a identificação de marcadores para genes que controlam locos de

características quantitativas (QTL). Aspectos de genética molecular são assuntos discutidos nos Capítulos 12 e 13.

Os editores agradecem a cooperação dos autores, colaboradores deste livro, que constitui uma tentativa para fornecer uma visão geral do melhoramento de bovinos de leite. Agradecem também à Embrapa, por tornar possível a sua publicação e à equipe de editoração, especialmente à Angela e ao Newton.

Os Editores

Sumário

CAPÍTULO 1

Genética e estatística: princípios

Ary Ferreira de Freitas

9-32

CAPÍTULO 2

Seleção: métodos e auxílios

José Valente, Rui da Silva Verneque e Marcus Cordeiro Durães

33-56

CAPÍTULO 3

Seleção: resposta correlacionada

José Valente, Marcus Cordeiro Durães e Mário Luiz Martinez

57-70

CAPÍTULO 4

Raças e tipos

Nilson Milagres Teixeira

71-87

CAPÍTULO 5

Cruzamentos

Roberto Luiz Teodoro, Mário Luiz Martinez, Maria de Fátima Ávila Pires e

Rui da Silva Verneque

89-104

CAPÍTULO 6

Fatores não-genéticos que afetam a produção de leite

Nilson Milagres Teixeira

105-111

CAPÍTULO 7

Características de tipo

Marcus Cordeiro Durães

113-128

CAPÍTULO 8

Avaliação genética de vacas e touros

Rui da Silva Verneque e José Valente

129-150

CAPÍTULO 9

Interação genótipo/ambiente

Cláudio Nápolis Costa

151-179

CAPÍTULO 10

Análise de *pedigree* e escolha de sêmen

Marcus Cordeiro Durães e Ary Ferreira de Freitas

181-196

CAPÍTULO 11

"MOET": estratégias de utilização

Marcus Cordeiro Durães, Mário Luiz Martinez e José Valente

197-213

CAPÍTULO 12

Marcadores moleculares: fundamentos e aplicações

Marco Antonio Machado e Mário Luiz Martinez

215-230

CAPÍTULO 13

Identificação de locos de características quantitativas (QTL)

Mário Luiz Martinez e Marco Antonio Machado

231-255

Genética e estatística: princípios

Ary Ferreira de Freitas¹

1. Revisão de conceitos de genética

Em 1864 o monge Johann Gregor Mendel observou que os descendentes de certas plantas tinham características físicas similares às características físicas das plantas ancestrais. Durante anos examinou como determinadas características, como a altura da planta, a cor das flores, cor e formato das sementes de ervilha, são transmitidas de geração a geração. A ervilha foi escolhida porque possui um ciclo reprodutivo rápido. Mendel concluiu com seus estudos que certas partículas ou fatores (genes) foram transmitidos dos pais para os filhos e assim por diante, formando uma conexão de uma geração com a próxima. Ele sugeriu que essas partículas eram responsáveis diretamente pelas características físicas e que cada indivíduo tinha dois fatores (alelos) para cada característica. Mendel suspeitou que a herança de um filho depende da contribuição de ambos os pais.

A Figura 1 ilustra o experimento de Mendel com ervilhas, cujos resultados constituíram a base da Genética. Um indivíduo homozigoto para os alelos **SS** que origina sementes lisas de ervilha é acasalado com outro homozigoto para os alelos **ss** para sementes enrugadas. Cada indivíduo produz gametas de um tipo somente: **S** ou **s**, que originam somente filhos com o genótipo **Ss**, que traduz no fenótipo sementes lisas. Quando a planta F1 (lisa) é polinizada com pólen dela mesma, surgem dois tipos de ovos: **S** ou **s** e os mesmos dois tipos de gametas masculinos. A combinação ao acaso desses gametas formam quatro tipos de plantas F2. Três dos quatro genótipos possíveis determinaram fenótipos de sementes lisas e o quarto, semente enrugada, na proporção de 3:1.

A essência do mendelismo, portanto, é que a herança se transmite por partículas (genes) e que estes genes ocorrem normalmente em pares (alelos), localizados em um locus no cromossomo, um em cada cromossomo. Cromossomos são organelas do interior do núcleo da célula que se condensam por ocasião da divisão celular, apresentando forma de bastonetes como ilustrado na Figura 2. O cromossomo é formado por uma estrutura com hélice dupla denominada DNA (ácido desoxirribonucléico), que é uma molécula longa composta pela junção de grande número de nucleotídeos ou bases orgânicas, e que contém a informação genética codificada (Figura 3). É na molécula do DNA que estão contidos os genes, responsáveis pelo comando da atividade celular e pelas características hereditárias. Cada molécula de DNA contém vários genes dispostos linearmente ao longo da mesma e cada gene, quando em atividade comandarão a síntese de proteínas e, com isso, todas atividades vitais.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – ary@cnpq.embrapa.br

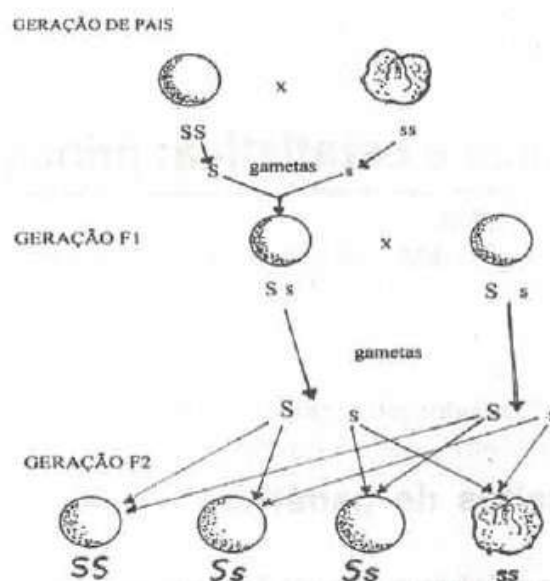


Figura 1. Esquema do experimento de Mendel com ervilhas.



Figura 2. Fotografia de cromossomos através de microscópio.

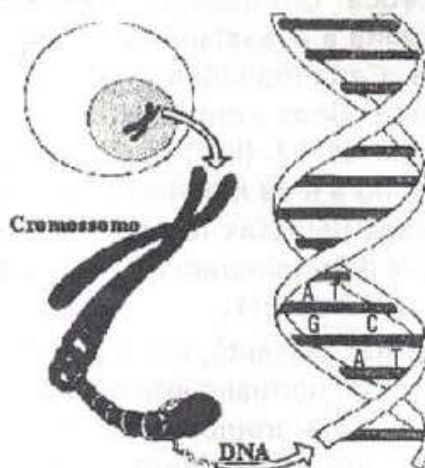


Figura 3. Estrutura do DNA em hélice dupla com as bases orgânicas:
A = Adenina, T = Timina, G = Guanina e C = Citosina.

Na reprodução, um indivíduo transmite a cada filho um ou outro, mas não ambos os alelos de cada par de genes que ele possui. Assim, esse pai dá a cada filho somente a metade da sua própria herança. Este fato ocorre ao acaso e por isso permite que um pai transmita heranças diferentes a filhos diferentes. Ao se formarem os gametas masculinos (espermatozóides) e os gametas femininos (óvulos), pela divisão celular, ocorre a separação dos cromossomos, permanecendo cada metade em um gameta (haploide). Ao ocorrer a união dos dois gametas (masculino e

feminino), por ocasião da fecundação, serão recompostos os pares de cromossomos no filho (indivíduo diplóide), um de origem paterna e outro de origem materna. Na Figura 4 estão apresentados os esquemas de divisão celular (mitose e meiose) que explicam como ocorre a multiplicação das células e a formação dos gametas.

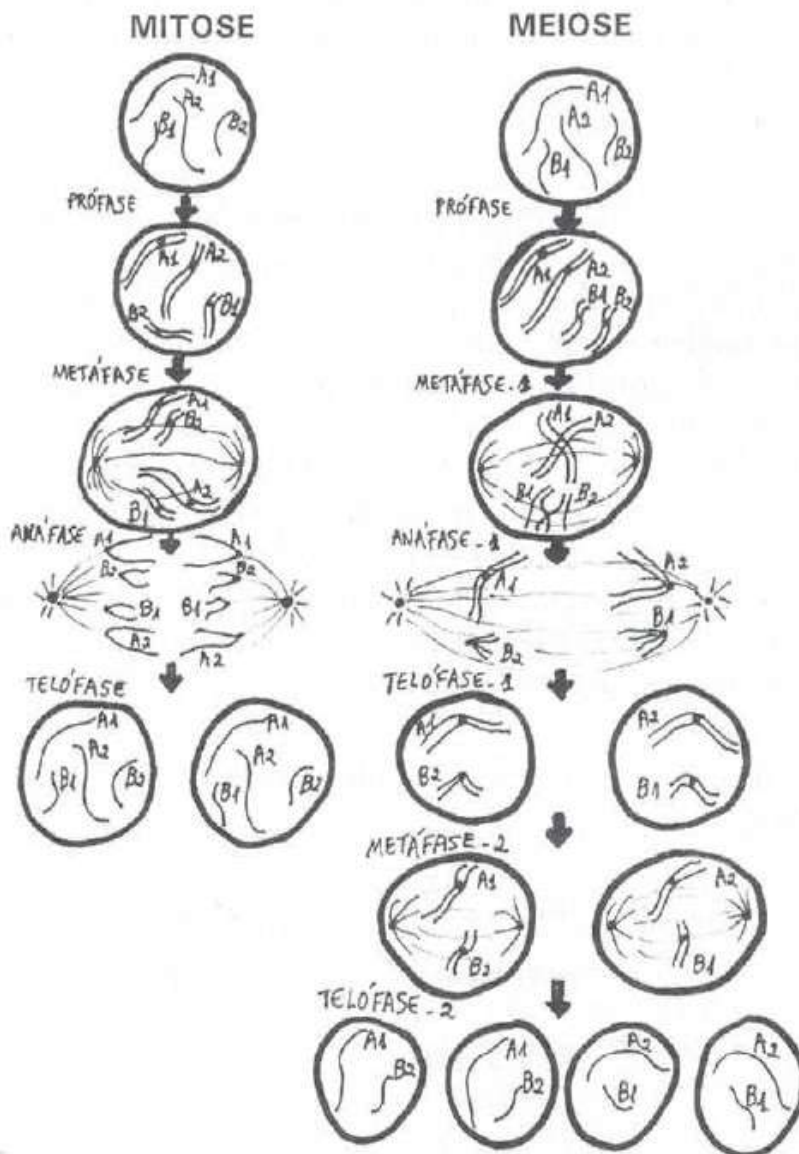


Figura 4. Divisão celular – mitose e meiose – e formação de gametas.

Mitose é o processo pelo qual as células se dividem produzindo, cada uma, duas células idênticas à original. Esse processo possibilita a reposição de células mortas no organismo ou o aumento do número de células quando o ser vivo está crescendo. Outro processo de divisão celular é a meiose, que produz duas células com metade dos cromossomos da célula-mãe, denominadas gametas.

As divisões celulares realizam-se em quatro fases denominadas prófase, metáfase, anáfase e telófase.

Prófase – No núcleo da célula os cromossomos condensam-se e passam a ser mais curtos e grossos. A membrana nuclear rompe-se e os cromossomos espalham-se pelo centro da célula, ficam presos no conjunto de fibras (fuso cromático), cujas extremidades estão ligadas aos centríolos, que se encaminham para pólos opostos na célula.

Metáfase – O conjunto de fibras do fuso cromático forma uma ponte entre os dois centríolos, que estão nas extremidades da célula, enquanto as cromátides permanecem no meio da célula.

Anáfase – Os centrômeros dos cromossomos rompem-se, os pares de cromossomos separam-se em lotes idênticos e são puxados para os pólos opostos da célula na direção dos centríolos para constituir o núcleo das novas células.

Telófase – A célula se divide em duas novas células.

O processo de divisão no qual células diplóides (que contêm número de cromossomos = $2n$) dão origem a quatro células haplóides, com somente um lote de cromossomos (n), é denominado meiose. A meiose possibilita a formação dos gametas ou células sexuais. Ocorre a redução do número de cromossomos porque, além das quatro fases descritas anteriormente, formando-se duas células, a meiose apresenta de novo as quatro fases (prófase-2, metáfase-2, anáfase-2 e telófase-2), produzindo quatro células com n cromossomos, como se pode ver na Figura 4.

Nas células humanas diplóides existem 46 cromossomos. Pela meiose formam-se os gametas que possuem 23 cromossomos.

Cada ser vivo tem um número de cromossomo definido e específico, o que proporciona a diferença entre as espécies. Na Tabela 1 estão os números de cromossomos de algumas espécies de seres vivos.

Tabela 1. Número de cromossomos encontrados em diferentes espécies de animais e vegetais.

Nome comum	Nome científico	Diplóide	Haplóide
Homem	<i>Homo sapiens</i>	46	23
Animais:			
Macaco	<i>Macaca mulatta</i>	42	21
Bovino	<i>Bos taurus</i>	60	30
Equino	<i>Equus caballus</i>	64	32
Suíno	<i>Sus scrofa</i>	40	20
Caprino	<i>Capra hircus</i>	60	30
Coelho	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	44	22
Cachorro	<i>Canis familiaris</i>	78	39
Galinha	<i>Gallus domesticus</i>	78	38
Mosquito	<i>Culex pipiens</i>	6	3
Rã	<i>Rana pipiens</i>	26	13
Plantas:			
Fungo	<i>Aspergillus nidulans</i>		4 ou 8
Alga verde	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>		8
Arroz	<i>Oryza sativa</i>	24	
Milho	<i>Zea mays</i>	20	
Tomate	<i>Lycopersicon esculentum</i>	24	
Fumo	<i>Nicotiana tabacum</i>	48	

Na divisão celular ocorre a replicação do DNA, que é o processo de autoduplicação do material genético, mantendo assim o padrão de herança ao longo das gerações. A cópia do cromossomo, representada na Figura 5, pode não ser perfeita, em alguns casos, ocorrendo troca de material genético entre os cromossomos, com possível quebra e perda de pedaços do DNA no cromossomo, alterando a sequência do código genético.

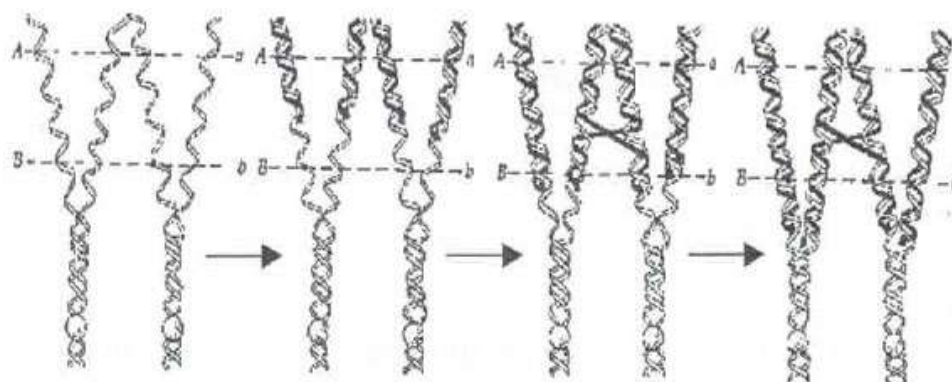


Figura 5. Duplicação dos cromossomos (DNA) por ocasião da divisão celular.

Chama-se **Genótipo** todo o conjunto de genes que um indivíduo possui e a expressão desses genes é chamada de **Fenótipo**, como tipo, produção, adaptabilidade ao ambiente em que o animal vive, entre outros.

A expressão do fenótipo também está envolvida com o ambiente em que o indivíduo está vivendo. Podemos dizer que $P = G + E$, onde P é o fenótipo, G o genótipo, ou parte genética e E as influências do ambiente na expressão dos fenótipos.

Em se tratando de gado de leite, a herança que se transmite de pai para filha e para neta mais importante é a herança da característica produção de leite. Ela é transmitida de geração a geração. Pode-se medir a proporção de origem genética e a proporção da influência do ambiente. É o chamado coeficiente de herdabilidade (h^2), que para a produção de leite é, aproximadamente, 0,25 ou 25%. Isto significa que apenas 25% das variações individuais que ocorrem na produção de leite são de origem genética, o restante são variações devido ao ambiente.

1.1 Frequência gênica

Chamamos de população um conjunto de indivíduos que vive em um mesmo ambiente e que possuem uma determinada composição genética. O primeiro passo para se identificar os genótipos que constituem uma população é estimar as frequências dos genes que estão presentes na mesma. A frequência de um determinado gene é estimada comparativamente à frequência de seu alelo. Supondo-se um locus A com dois alelos A_1 e A_2 , os genótipos possíveis são A_1A_1 , A_1A_2 e A_2A_2 . Em uma população hipotética existem 30 indivíduos de cor azul (A_1A_1), 30 indivíduos de cor amarela (A_2A_2) e 40 de cor verde (A_1A_2). Essas cores representam os fenótipos da população.

Um indivíduo azul (A_1A_1) possui dois genes A_1 , portanto 30 indivíduos azuis têm 60 genes A_1 . O verde (A_1A_2) tem 1 gene A_1 , assim os quarentas indivíduos verdes da população têm 40 genes A_1 . O total de genes A_1 será $60 + 40 = 100$ genes A_1 . Da mesma forma 30 indivíduos amarelos (A_2A_2) possuem $30 \times 2 = 60$ genes A_2 e os verdes têm 40 genes A_2 também. Dessa forma o número de alelos A_2 é $60 + 40 = 100$.

O número total de alelos nessa população será de 200 ($A_1 + A_2 = 100 + 100$), ambos com a frequência de 0,5 ($A_1 = 100/200$; $A_2 = 100/200$).

1.2 Mudanças na frequência gênica

As forças que podem alterar a frequência gênica são: seleção, mutação e migração.

1.2.1 Seleção

Seleção é a escolha de determinado grupo de indivíduos da população para reproduzirem. É evidente que esses indivíduos têm chance de aumentarem a taxa de seus genes nas gerações seguintes e assim a frequência gênica conseqüentemente será alterada.

Considerando a população do exemplo anterior na qual existiam 30 indivíduos azuis (A_1A_1), 30 amarelos (A_2A_2) e 40 verdes (A_1A_2). Vamos selecionar apenas o grupo de indivíduos azuis para a reprodução. Então:

$$\begin{array}{c} A_1A_1 \times A_1A_1 \\ \downarrow \\ A_1A_1 \end{array}$$

Admitamos agora, que o número de azuis dobrou na população para 60. Assim temos:

$$60 A_1A_1 + 40 A_1A_2 + 30 A_2A_2$$

$$\text{Alelo } A_1 = 60 + 60 + 40 = 160 A_1$$

$$\text{Alelo } A_2 = 40 + 30 + 30 = 100 A_2$$

$$\text{Soma total de alelos: } 160 A_1 + 100 A_2 = 260 \text{ alelos}$$

$$\text{Frequência de } A_1 \text{ após a seleção} = 160/260 = 0,61$$

$$\text{Frequência de } A_2 \text{ após a seleção} = 100/260 = 0,39$$

A frequência gênica da população que era 0,5 para cada alelo A_1 e A_2 , tornou-se, após a seleção que determinou que somente os indivíduos A_1A_1 fossem reproduzidos, 0,61 para o alelo A_1 e 0,39 para o alelo A_2 .

1.2.2 Mutação

Mutação é uma mudança ao acaso no material genético de um indivíduo, causada por algum agente externo e que se transmite à descendência, podendo provocar modificações fenotípicas nos organismos portadores da mutação.

Podem provocar mutações as radiações ionizantes, como o raio X, raios ultravioletas, partículas provenientes de aceleradores atômicos, entre outras. Elementos químicos também podem produzir mutações, como algum tipo de antibiótico (azaserina, mitocinina e etc.), e outros agentes, como ácido nitroso e acridina.

A mutação pode ocorrer na hora em que é realizada a cópia ou duplicação do DNA. A sequência dos genes no cromossomo forma o código genético, que sendo alterado dá origem a mutações. Por exemplo, os efeitos radioativos podem causar troca, inversão ou mesmo perda de pedaços do cromossomo e assim mudar código genético na formação dos gametas que formarão a próxima geração. A Figura 6 exemplifica uma inversão cromossômica produzindo um cromossomo normal (B) e um cromossomo mutante (A).

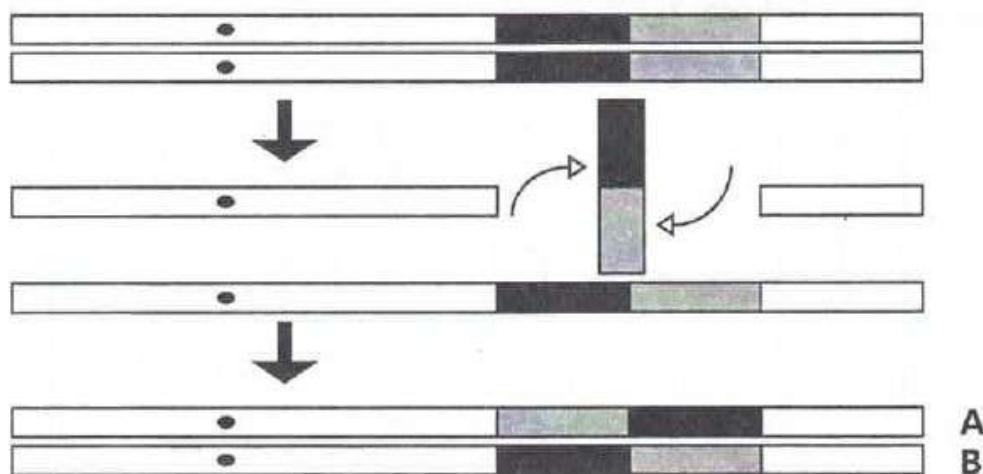


Figura 6. Esquema de inversão cromossômica ocorrida durante o processo de duplicação do DNA.

Geralmente, a taxa de ocorrência de mutações naturais é bastante baixa e não há dúvidas de que nem taxas de mutações altas podem ser responsáveis pela manutenção de freqüências altas de gene mutante na população, mas são uma predisposição para que isto ocorra, desde que haja condições favoráveis ao gene mutante.

1.2.3 Migração

Migração é o deslocamento de indivíduo ou grupo de indivíduos de uma população para outra. A freqüência gênica pode ser mudada na população que recebe a migração, desde que o grupo imigrante seja grande e possua freqüências gênicas diferentes da população que recebeu os imigrantes.

Considerando uma população com 30 indivíduos azuis (A1A1), 30 amarelos (A2A2) e 40 verdes (A1A2), com freqüência dos genes 0,5 para o alelo A1 e 0,5 para o A2. Supondo-se que houve migração de 60 indivíduos amarelos (A2A2) e 20 verdes (A1A2) para essa população. A população passa a ter 30 indivíduos azuis (A1A1), 30 + 60 amarelos (A2A2) e 40 + 20 verdes (A1A2). A nova população que recebeu a migração será composta de 30 indivíduos A1A1 + 90 A2A2 + 60 A1A2. A soma de cada alelo, o total de alelos e as respectivas freqüências serão: Alelo A1 = 60 + 60 = 120, Alelo A2 = 180 + 60 = 240, a soma A1 + A2 = 120 + 240 = 360 genes. A freqüência do A1 = $120/360 = 0,33$ e a freqüência do A2 = $240/360 = 0,67$.

2. Revisão de estatística

2.1 Média e variância

Em genética de populações, trabalha-se com grupos de indivíduos, não com indivíduos isolados. Assim, ao estudarmos o peso corporal de bovinos, por exemplo, a pesagem de um único animal não nos informa praticamente nada sobre a população ou rebanho. Porém, se pesarmos todos os animais do rebanho aos 12 meses de idade e agruparmos os diferentes pesos individuais em classes, podemos obter o histograma da Figura 7A, em que vemos um conjunto de retângulos cujas bases representam o intervalo das respectivas classes de pesos e a altura dos retângulos indicam o número de indivíduos que podem ser enquadrados em uma determinada classe de peso.

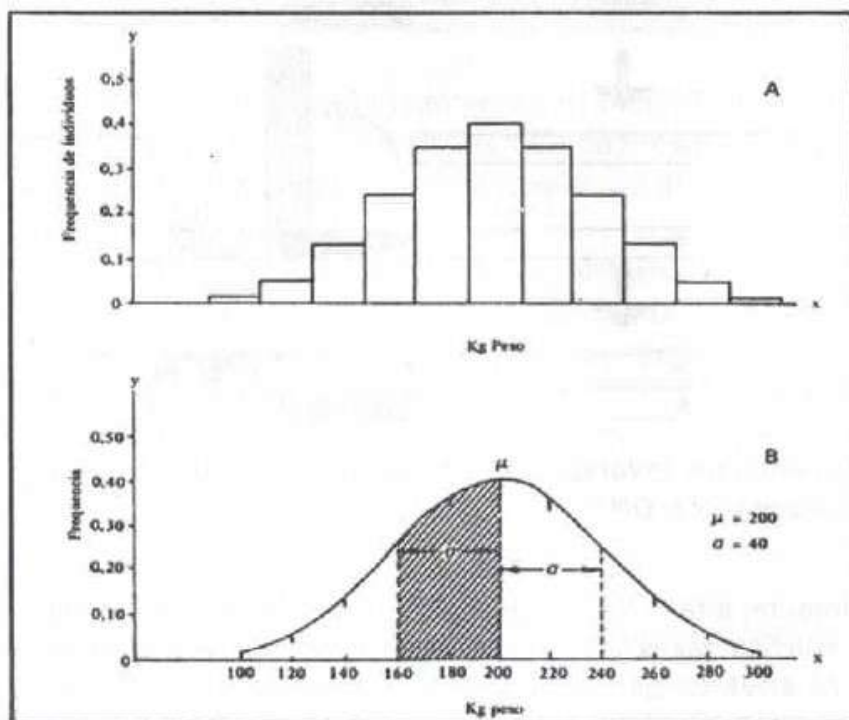


Figura 7. Distribuição de freqüências do peso aos 12 meses de bovinos.

Os pesos dos animais nesse rebanho hipotético variaram de 100 kg a 300 kg aos 12 meses de idade. A média foi 200 kg. Na realidade essa característica peso obedece a uma distribuição normal (Figura 7B), em que existe a média (μ) e o desvio padrão (σ). O valor de μ indica o ponto central da curva, no qual ocorre a maior concentração de indivíduos e o valor de σ mede o grau de variabilidade na população, ou a dispersão de valores em torno da média. σ^2 é chamada de variância, que é o quadrado do desvio padrão. A fórmula matemática para estimar a variância é:

$$\sigma^2_p = (\sum_i P_i^2 - (\sum_i P_i)^2 / N) / N - 1$$

onde N é o número de pesagens e P_i o peso obtido do animal.

Nota-se que a maioria dos indivíduos da população ou rebanho estão nas classes de peso entre 160 kg a 240 kg ($\mu \pm \sigma$) e aqueles animais que pesaram 100 kg ou 300 kg são casos considerados extremos na população e são a minoria dos animais.

Como pode-se ver no exemplo, a média e a variância são ferramentas importantes para se conhecer a população, porque fornecem a maior concentração dos valores medidos ou pesados de uma determinada característica e a amplitude de variação desses valores na população.

Se não houvesse variação genética em uma população, ou seja, todos os indivíduos possuísem o mesmo valor fenotípico, não seria possível selecionar e nem obter ganhos genéticos na característica mensurada nessa população.

2.2 Outros conceitos estatísticos importantes para um estudo de genética de população

2.2.1 Coeficiente de variação (CV)

O CV fornece a variação na população independentemente dos valores ou unidades das características.

$$CV = (\sigma / \mu) \times 100 = (\%)$$

2.2.2 Co-variância (Cov)

A co-variância mede o quanto que duas características, ou variáveis, variam juntas. Essa associação pode ser positiva, quando as mudanças são direcionadas para um mesmo sentido ou negativa, se os sentidos forem contrários.

Para duas características X e Y a co-variância, denominada σ_{xy} , é estimada do seguinte modo:

$$\sigma_{xy} = (\sum_i X_i Y_i - ((\sum_i X_i) (\sum_i Y_i) / N)) / N - 1$$

Como exemplo, considere as observações de peso ao nascer (B) e de peso à desmama (D) em bezerros de corte, contidas na Tabela 2.

Tabela 2. Pesagem de animais de corte ao nascer (B) e à desmama (D).

Animal	Peso ao nascer – (kg)	Peso à desmama – (kg)
1	27	196
2	32	228
3	31	223
4	28	196
5	30	201
6	34	240
7	27	210
8	30	183
9	28	194
10	29	187

As médias e variâncias de cada característica e a co-variância entre elas podem ser obtidas pelos cálculos das somas, somas de quadrados e soma de produtos:

Somas: $\sum_i B_i = 297 \text{ kg}$ *296*
 $\sum_i D_i = 2.056 \text{ kg}$ *2058*

Somas de quadrados: $\sum_i B_i^2 = 19.402 \text{ kg}$ *3808*
 $\sum_i D_i^2 = 932.166 \text{ kg}$

Soma de produtos: $\sum_i B_i D_i = 134.292 \text{ kg}$

Médias e variâncias para o peso ao nascer (B):

$\mu_B = (\sum_i B_i) / N = 297 / 10 = 29,7 \text{ kg}$

$\sigma_B^2 = (\sum_i B_i^2 - (\sum_i B_i)^2 / N) / (N-1) = [19.402 - ((297)^2 / 10)] / 9 = 10,46 \text{ kg}$

Médias e variâncias para o peso à desmama (D):

$\mu_D = (\sum_i D_i) / N = 2.056 / 10 = 205,6 \text{ kg}$ *205,8*

$\sigma_D^2 = (\sum_i D_i^2 - (\sum_i D_i)^2 / N) / (N-1) = [932.166 - ((2.056)^2 / 10)] / 9 = 748,98 \text{ kg}$

Para obter a estimativa da co-variância entre os dois pesos realiza-se os seguintes cálculos:

$$\sigma_{BD} = [\sum_i B_i D_i - ((\sum_i B_i) (\sum_i D_i) / N)] / (N-1) =$$

$$[134.292 - ((297)(2.056) / 10)] / 9 = 68,82 \text{ kg}$$

2.2.3 Regressão (b)

É o termo estatístico que expressa o quanto se pode esperar na mudança dos valores de uma variável por mudança unitária em outra variável. Pode-se dizer que o coeficiente de regressão de Y em relação a X é a co-variância entre X e Y dividida pela variância de X; portanto, a expressão matemática será:

$$b_{Y.X} = \sigma_{YX} / \sigma_X^2$$

Usando-se as informações do exemplo anterior: $\sigma_{BD} = 68,82 \text{ kg}$, $\sigma_B^2 = 10,46 \text{ kg}$ e $\sigma_D^2 = 748,98 \text{ kg}$, calcula-se a regressão do peso à desmama em relação ao peso ao nascer:

$$b_{D.B} = \sigma_{DB} / \sigma_B^2 = 68,82 / 10,46 = 6,58 \text{ kg}$$

Isto indica que, para cada unidade a mais no peso ao nascer, incrementa 6,58 kg no peso à desmama.

2.2.4 Correlação (r)

A correlação mede o grau de associação entre duas características ou a associação de uma característica com ela mesma em épocas diferentes. Por exemplo: existe correlação entre o peso ao nascer e o peso a outras idades do animal, ou entre a produção de leite e a produção de gordura da vaca em uma lactação.

Como a co-variância, a correlação também pode ser negativa, quando houver sentidos contrários nas mudanças dos valores em duas variáveis ou mais.

O coeficiente de correlação é:

$$r_{xy} = \sigma_{xy} / (\sigma_x \sigma_y)$$

assim, a correlação é a divisão da co-variância entre as características pelo produto dos desvios padrão de cada uma delas. No exemplo anterior a correlação entre o peso ao nascer e peso à desmama será $r_{DB} = \sigma_{DB} / (\sigma_D \sigma_B)$. Como $\sigma_{DB} = 68,82$, $\sigma_D = \sqrt{\sigma_D^2} = \sqrt{748,98} = 27,37$ e $\sigma_B = \sqrt{\sigma_B^2} = \sqrt{10,46} = 3,23$, então $r_{DB} = 68,82 / (27,37 \times 3,23) = 68,82 / 88,40 = 0,778$. Esse valor para a correlação indica que as duas características apresentam alta correlação (77,8%).

3. Características qualitativas e quantitativas

3.1 Características qualitativas

Quando os fenótipos na população não são descritos por valores numéricos, mas apenas são constatadas as suas presenças, diz-se que são características qualitativas. Normalmente, poucos pares de genes são responsáveis pela expressão dessas características. Por exemplo, a cor de pelagem no gado Angus está em função de apenas um par de genes. As características qualitativas são pouco influenciadas pelos fatores de ambiente (herdabilidade alta) e as suas variações fenotípicas são descontínuas. Outro exemplo que pode ser citado é sobre ervilhas de casca lisa ou enrugada.

3.2 Características quantitativas

As variações fenotípicas dos caracteres quantitativos entre os indivíduos da população são descritos por valores numéricos, admitindo contagem ou medição. Um exemplo é o número de leitões nascidos por leitegada ou a quantidade de leite produzido por uma vaca durante um dia ou por lactação.

As características de herança quantitativa são determinadas por muitos pares de genes e que geralmente não estabelecem diferenças bem nítidas entre os fenótipos. Forma-se um verdadeiro gradiente entre os fenótipos, por isso, são chamadas variáveis contínuas. Essas características são geralmente muito influenciadas pelo ambiente, apresentando herdabilidades baixas.

3.2.1 Ação gênica

3.2.1.1 Ação gênica aditiva

Cada par de gene possui ação própria e independente dos outros que se encontram presentes no genótipo do indivíduo. O efeito total do genótipo será a soma dos efeitos de cada par de gene e a simples substituição de um gene pelo seu alelo afeta o resultado total das ações gênicas. Exemplo: suponha que cada gene

apresente um efeito de 1 g de ganho de peso e o respectivo alelo, apenas 0,5 g. Um organismo que tenha os genes A B C D apresentará o fenótipo correspondente a $1\text{ g} + 1\text{ g} + 1\text{ g} + 1\text{ g} = 4\text{ g}$. Outro genótipo que possua os genes A B C d (tem o alelo d em vez do alelo D) originará o fenótipo $1\text{ g} + 1\text{ g} + 1\text{ g} + 0,5\text{ g} = 3,5\text{ g}$. E assim por diante, como um A b c d será $1\text{ g} + 0,5\text{ g} + 0,5\text{ g} + 0,5\text{ g} = 2,5\text{ g}$.

Outro exemplo: suponha um rebanho em que a produção de leite tenha um valor fenotípico de 2.000 kg nas vacas de genótipo aabb e que cada gene, A ou B, adiciona 100 kg de leite ao fenótipo e que os efeitos de ambiente não afetam a expressão dessa característica (é apenas uma simplificação, para melhor entendimento da ação aditiva dos genes, porque na realidade o ambiente sempre influencia a produção de leite de uma vaca).

Ocorrendo o acasalamento entre AABB e aabb, teremos:

$$\begin{array}{rcc}
 & \text{AABB} & \times & \text{aabb} \\
 & 2.400\text{ kg} & \Downarrow & 2.000\text{ kg} \\
 \text{(F1)} & & & \text{AaBb} \\
 & & & 2.200\text{ kg}
 \end{array}$$

Se os indivíduos heterozigotos AaBb se acasalarem entre si, seriam obtidos os animais F2 (geração F2), que conhecemos também como bimestiços. Aqueles AABB e aabb podem ser chamados de homozigotos, que na Zootecnia, às vezes, chamamos de raça pura. Os animais F1 (AaBb), heterozigotos, podem ser denominados de mestiços ou cruzados.

A geração F2 será composta da seguinte maneira:

AaBb x AaBb	
↓	
(Número de genótipos possíveis)	(valor fenotípico)
1 AABB	2.400 kg
2 AABb	2.300 kg
1 AAbb	2.200 kg
2 AaBB	2.300 kg
4 AaBb	2.200 kg
2 Aabb	2.100 kg
1 aaBB	2.200 kg
2 aaBb	2.100 kg
1 aabb	2.000 kg
	Média = 2.200 kg

A descendência de qualquer indivíduo tem média em função do valor fenotípico dos pais. O acasalamento de indivíduos superiores fenotipicamente produz descendência também superior. Isto indica que a seleção dos melhores fenótipos é eficiente em termos de melhoramento genético dos rebanhos leiteiros. O fenótipo da produção de leite é avaliado por meio do controle leiteiro. Pesa-se mensalmente,

duas vezes ao dia, o volume de leite produzido pela vaca durante um período de 24 horas e anotam-se os valores mensurados em fichas apropriadas ou em arquivo de computador. Utilizando essas anotações mensais, calcula-se o volume de leite produzido pela vaca durante a lactação (em dez meses, por exemplo).

A variação na geração F2 é maior do que na F1 e na geração paterna. No exemplo mostrado anteriormente, a produção de leite no F2 variou de 2.000 kg a 2.400 kg. O ambiente promove também variações no desempenho das vacas e ações gênicas não-aditivas atuam em determinadas características.

3.2.1.2 Ação gênica não-aditiva

Nesse tipo de herança, os genes não agem independentemente do número e da ação dos outros genes existentes no genótipo do indivíduo. Existe a interação de um gene com o outro e também deles com o ambiente.

Dominância

A dominância é uma ação não-aditiva porque o alelo **A** dominante mascara o efeito do alelo recessivo **a**. Como exemplo, vamos admitir que o efeito de **AA** é o mesmo que **Aa** e que seja 8, e que **BB** = **Bb** = 4. Suponhamos ainda que o efeito do **aa** = 4 e **bb** = 2. Alguns dos genótipos possíveis são:

AABB que terá o valor fenotípico	$8 + 4 = 12$
AABb	$8 + 4 = 12$
AAbb	$8 + 2 = 10$
aabb	$4 + 2 = 6$

Quando há dominância, não se distingue fenotipicamente o heterozigoto, como é o caso da pelagem do gado Holandês. Nesse caso dizemos que a dominância é completa:

AA e **Aa** = cor preta e branca da pelagem da raça e
aa = cor vermelha e branca.

O gado vermelho e branco é recessivo para a característica cor de pelagem e, conseqüentemente, é pouco freqüente na população. Vale a pena ressaltar que se trata apenas da cor de pelagem, que é determinada por um par de genes e não a produção de leite, que envolve muitos pares de genes para sua expressão.

Sobredominância

É uma forma de dominância em que o efeito do heterozigoto (**Aa**) é superior a qualquer dos dois homozigotos (**AA** e **aa**), conforme mostra o esquema a seguir:



Epistasia

A epistasia ocorre quando existem interações entre os genes. Os efeitos do gene A na presença do gene B ou na presença do gene C são diferentes. Como exemplo, suponha dois fenótipos diferentes:

$$CcBbaa = 6$$

$$Ccbbaa = 5$$

A substituição do gene a pelo seu alelo A produz a seguinte alteração nos genótipos e fenótipos anteriores:

$$CcBbAa = 10$$

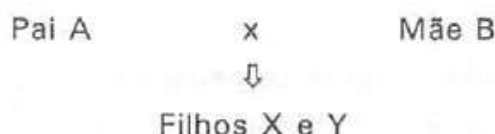
$$ccbbAa = 3$$

No primeiro genótipo a substituição do gene a por A resultou em um valor fenotípico igual a 10, ou seja, $A = 4$ e no segundo, a mesma substituição teve valor fenotípico igual a 3, ou $A = -2$. Em ambos os casos a mesma substituição (a por A) teve valores fenotípicos diferentes, devido à interação entre genes não-alélicos.

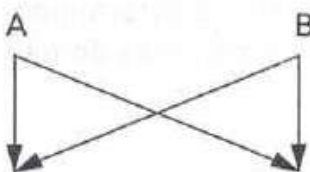
4. Parentesco e *pedigree*

Dizemos que dois indivíduos são parentes quando possuem em sua genealogia pelo menos um ancestral comum. Esse fato faz que eles tenham genes em comum, originados do referido ancestral.

Vamos supor dois irmãos completos (X e Y), ou seja, filhos do mesmo pai e da mesma mãe (A e B):



o parentesco entre X e Y, simbolizado pela letra R_{XY} , pode ser representado como:



cada seta representa metade da herança que o indivíduo recebe de um dos pais. As passagens $A \rightarrow X = 1/2$ (pai) e $B \rightarrow X = 1/2$ (mãe), significam a chance de um filho receber os genes comuns de um dos pais. O coeficiente de parentesco R_{xy} pode ser estimado da seguinte maneira:

$$R_{XY} = 1/2 \times 1/2 + 1/2 \times 1/2 = 1/4 + 1/4 = 2/4 = 0,5 = 50\%$$

Nesse caso, X e Y têm 50% dos seus genes idênticos pelo fato de ambos serem filhos dos mesmos pais. Esse cálculo feito para obter o parentesco pode ser sintetizado pela fórmula:

$$R_{XY} = \sum (1/2)^{n+n'}$$

em que R_{XY} é o parentesco entre os indivíduos X e Y, n é o número de gerações entre o ascendente comum e um animal X e n' é o número de gerações entre o ascendente comum e o animal Y. Σ representa o somatório.

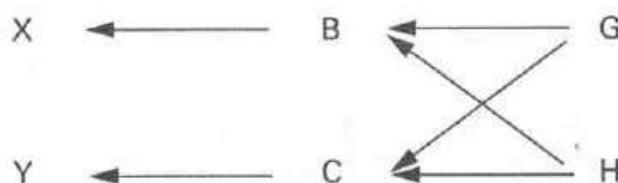
Chamamos *pedigree* ao conjunto de informações da ascendência de um indivíduo. Quanto maior for o número de informações no *pedigree*, melhor a avaliação do indivíduo. Geralmente as associações de criadores de determinada raça mantêm os arquivos genealógicos. A raça Holandesa no Brasil é sem dúvida a raça leiteira que mais possui registros genealógicos, porque tem acumulado dados há mais tempo e os rebanhos são mais numerosos.

Muitos registros de pedigree têm apenas os nomes dos pais, avós, bisavós etc. O ideal é que registros de produção dos ancestrais estejam também contidos nos *pedigrees*, para que possam ser mais úteis.

Admitamos os seguintes *pedigrees* dos indivíduos X e Y:



X e Y possuem os ancestrais comuns G e H. Para melhor compreensão do parentesco existente entre os dois, vamos utilizar o esquema de setas a seguir:



As passagens entre X e Y, pelos ancestrais comuns G e H são:



$$\text{número de gerações} = 4 \quad (1/2)^4 = 0,0625$$



$$\text{número de gerações} = 4 \quad (1/2)^4 = 0,0625$$

$$\text{o somatório } (\Sigma) \text{ será} = 0,0625 + 0,0625 = 0,125 = 12,5\% = R_{xy}.$$

5. Endogamia ou consangüinidade

Chama-se endogamia o método de acasalamento entre indivíduos parentes ou semelhantes, que na Zootecnia tratamos como consangüinidade. Quando os pais de um animal possuem um ou mais ancestrais comuns, diz-se que ele é consangüíneo.

O acasalamento de indivíduos geneticamente semelhantes aumenta a chance de que diferentes loci tornem-se homozigotos. Considerando um par de genes apenas, quando são acasalados indivíduos Aa entre si, ocorrem as seguintes proporções genotípicas: 1 AA : 2 Aa : 1 aa, porém, se os acasalamentos forem de indivíduos consangüíneos, haverá redução dos heterozigotos geração a geração, enquanto os dois homozigotos tendem a crescer em números.

Admitamos uma população de 1.600 indivíduos submetida a acasalamentos endogâmicos por gerações sucessivas. As alterações nas proporções de indivíduos heterozigotos e homozigotos estão na Tabela 3.

Tabela 3. Gerações sucessivas de acasalamentos endogâmicos.

Geração	Genótipos	% homozigotos
0	1600Aa	0
1	400AA 800Aa 400aa	50
2	400AA + 200AA 400Aa 200aa + 400aa	75
3	600AA + 100AA 200Aa 100aa + 600aa	87,5
4	700AA + 50AA 100Aa 50aa + 700aa	93,8
5	750AA + 25AA 50Aa 25aa + 750aa	96,9

O valor do F será portanto:

$$F_A = R_{BC}/2 = 0,25/2 = 0,125 \text{ ou } 12,5\%$$

5.2 Efeitos da consangüinidade

Os acasalamentos consangüíneos promovem a homozigose tanto dos genes dominantes como dos recessivos, portanto de genes desejáveis e de indesejáveis. Os efeitos da endogamia podem ser bons ou ruins.

Os principais efeitos danosos que a endogamia provoca estão relacionados com a redução do valor adaptativo de uma espécie, que juntamente com a redução de fertilidade, também provocada pela endogamia, podem inviabilizar a sobrevivência da espécie.

Na produção de leite o efeito da consangüinidade não é muito grande e pode ser controlado com a introdução de um reprodutor não aparentado com as vacas do rebanho. Para exemplificar esse pequeno efeito, considere que para cada incremento de 1% na endogamia (F) ocorre a redução de 25,5 kg, em média, na produção de leite em um rebanho. A endogamia afeta mais as características de baixa herdabilidade (por exemplo, $h^2 = 0,10$). Geralmente as características relacionadas com a reprodução dos animais são de baixas herdabilidades.

5.3 Aplicações da endogamia

5.3.1 Aumento da prepotência

Prepotência é a capacidade de o animal imprimir nos filhos as suas características, independentemente dos indivíduos com os quais ele foi acasalado. Depende principalmente da dominância gênica e da homozigose. O máximo de prepotência é alcançado quando existem muitos pares de genes em homozigose dominante, o que torna os filhos mais parecidos fenotipicamente entre si e a um de seus pais.

5.3.2 Formação de linhagens endogâmicas

Com acasalamentos consangüíneos e seleção em uma população, podem-se formar duas subpopulações contrastantes a partir de uma população heterogênea. A variação genética em cada uma dessas subpopulações desaparecerá, as características serão fixadas em cada uma delas e as linhagens serão fenotipicamente distintas.

O principal uso dessas linhagens endogâmicas homozigóticas contrastantes é o cruzamento entre elas para aproveitamento do vigor híbrido ou heterose.

5.3.3 Detecção de genes recessivos

A consangüinidade faz com que os genes deletérios recessivos, que estavam acobertados pelo alelo dominante, fiquem em homozigose (aa) e com isso podem surgir os defeitos genéticos, que a dominância não permitiu que fossem expressos fenotipicamente na população.

A raça Gir no Brasil é considerada uma população não muito numerosa. Os rebanhos são pequenos e pelo fato de os criadores não usarem touros de outro rebanho no dele, os animais tendem a ser consangüíneos, o que facilita o aparecimento de muitos defeitos genéticos, como o problema de encurtamento dos tendões, que faz com que o bezerro tenha as patas contraídas.

5.3.4 Seleção para tipo

O criador que deseja ter um rebanho mais uniforme, com relação ao tipo ou conformação dos animais, realiza acasalamentos dirigidos procurando obter filhos com os aspectos mais vantajosos de cada pai e, muitas vezes, o criador realiza acasalamentos com indivíduos aparentados e desse modo imprime certo grau de consangüinidade visando a correções de defeitos de conformação e uniformização do rebanho.

6. Exogamia ou cruzamento

Exogamia é o acasalamento entre indivíduos não parentes ou não semelhantes fenotipicamente. Na Zootecnia, exogamia é **cruzamento**. É o acasalamento entre animais de raças diferentes. O efeito fundamental do cruzamento é promover a heterozigose, ao contrário da endogamia. Um animal oriundo de um cruzamento é heterozigoto para a maioria de seus pares de genes.

Não se deve confundir o cruzamento com a hibridação. Esse é o acasalamento entre espécies diferentes, por exemplo, *Eguus caballus* (cavalo) com *Eguus asinus* (jumento), que produz o burro ou a mula, que são chamados animais híbridos (não-férteis).

Quando se realiza um cruzamento entre raças, o animal resultante é um mestiço ou cruzado, que possui parte dos genes de cada raça empregada. Com a realização de cruzamentos contínuos, irá se formando diferentes proporções de cada raça usada nos cruzamentos. Este é o conceito de **grau de sangue**, que muitos preferem chamar de composição genética do mestiço, o qual é a proporção de cada raça envolvida nos acasalamentos que deram origem ao mestiço.

Se acasarmos um touro Holandês (H) com uma vaca da raça Gir (G), por exemplo, o produto será $1/2 H : 1/2 G$ (metade da cada raça paterna). Se prosseguirmos com os acasalamentos nas próximas gerações com outro touro Holandês usado na vaca meio-sangue teremos:

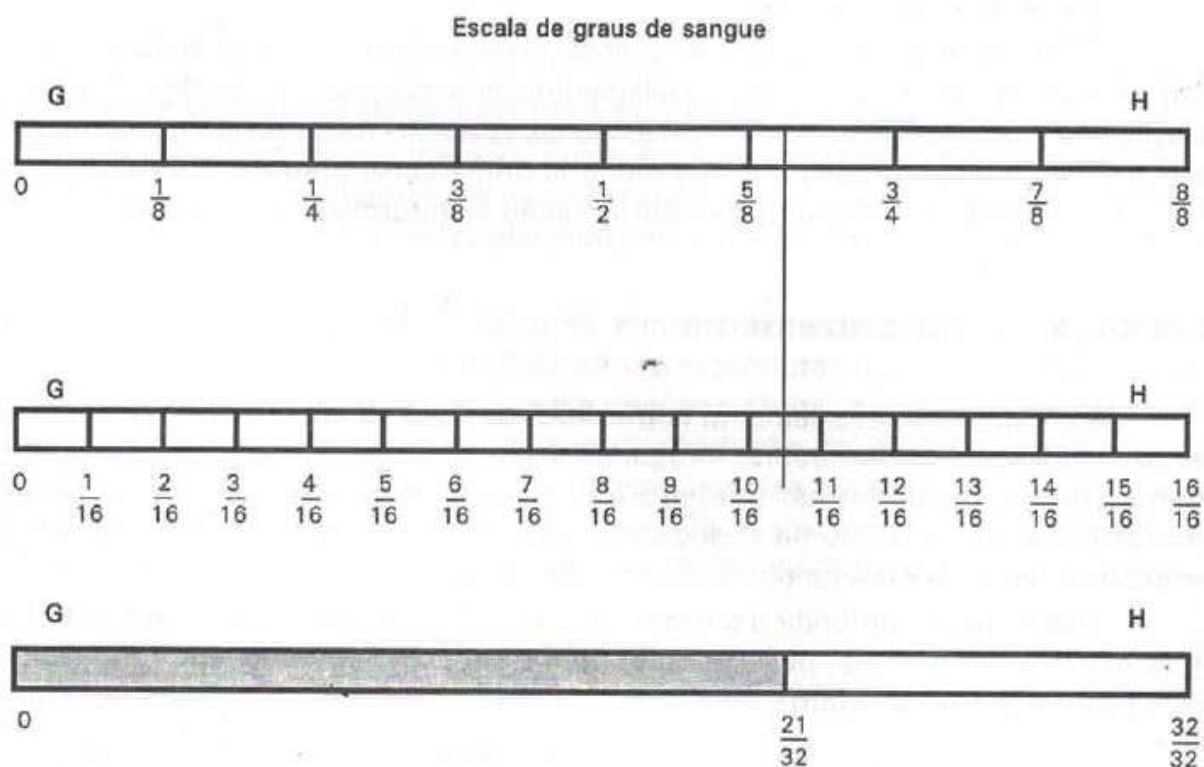
$$\begin{array}{ccc}
 H & \times & 1/2 H : 1/2 G \\
 & \Downarrow & \\
 \text{(metade do pai)} & & \text{(metade da mãe)} \\
 \\
 1/2 H & + & \frac{1/2 H : 1/2 G}{2}
 \end{array}$$

O produto desse acasalamento terá a seguinte composição genética:

$$1/2 H + 1/4 H : 1/4 G$$

ou seja, será um animal $3/4$ H : $1/4$ G, que conterà em sua composição genética 75% de genes da raça Holandesa e 25% de genes da raça Gir.

No diagrama a seguir podemos observar todo o gradiente de grau de sangue possível de ocorrer, quando realizamos o cruzamento de maneira contínua, a cada geração:



- Para cada geração o denominador vai sendo dobrado, 8, 16, 32, 64 etc., porque o pai passa para o filho metade de sua herança. Um animal $21/32$ H: $11/32$ G, representado na barra de cor cinza do diagrama, nada mais é do que um animal de composição genética pouco acima de $5/8$.

6.1 Heterose

Denomina-se heterose a expressão fenotípica mais intensa do cruzado (mestiço) em relação à média dos progenitores. É o chamado vigor híbrido. Considera-se heterose, também, se o mestiço for superior a uma das raças paternas.

6.2 Causas da heterose

O vigor híbrido origina-se principalmente devido à heterozigose envolvendo ação gênica não-aditiva (dominância, sobredominância e epistasia).

6.2.1 Dominância

A explicação da heterose como consequência da dominância é que o vigor híbrido observado nos mestiços é o resultado da restauração de genes dominantes

a em locus das linhagens parentais, onde os recessivos prejudiciais passaram para o estado homozigótico e que no mestiço ficam heterozigotos.

$$\begin{array}{ccc}
 \text{Linha A} & \times & \text{Linha B} \\
 \text{AAbb} & \Downarrow & \text{aaBB} \\
 \text{F1} = & \text{AaBb} &
 \end{array}$$

Nesse caso os efeitos dos recessivos a e b ficarão reprimidos. Os genótipos AAbb, aaBB, Aabb e aaBb são responsáveis pelo ganho de peso diário dos animais e apresentam valor fenotípico de 800 g, enquanto os AABB e AaBb ganham 1.000 g diários e os aabb apenas 600 g. Assim, o acasalamento de AAbb com aaBB resultará em:

$$\begin{array}{ccc}
 \text{Aabb} & \times & \text{aaBB} \\
 (800 \text{ g}) & \Downarrow & (800 \text{ g}) \\
 \text{F1} = & \text{AaBb} & \\
 & (1.000 \text{ g}) &
 \end{array}$$

Os produtos (geração F1) terão médias de ganho de peso diário superior à média dos pais.

6.2.2 Sobredominância

Como vimos anteriormente, um locus é sobredominante, quando o heterozigoto tem maior valor adaptativo que o de ambos os dominantes. Para exemplificar, considere que dois pares de genes A1 e B1 e seus alelos A2 e B2 sejam responsáveis pelo ganho de peso de um indivíduo. Os homozigotos para ambos os locus em questão ganham 200 g por dia, os heterozigotos para um par de genes ganham 220 g e aqueles com ambos os pares em heterozigose apresentam ganhos de 240 g.

O acasalamento esquematizado a seguir, entre dois homozigotos, dará origem aos F1s que são heterozigotos nos dois pares de genes:

$$\begin{array}{ccc}
 \text{A1A1B1B1} & \times & \text{A2A2B2B2} \\
 (200 \text{ g}) & \Downarrow & (200 \text{ g}) \\
 \text{F1} = & \text{A1A2B1B2} & \\
 & (240 \text{ g}) &
 \end{array}$$

Assim a média dos F1s (240 g) excede aos valores de ambos os pais, que são 200 g.

6.2.3 Epistasia

A epistasia, que ocorre devido à interação entre os efeitos de pares de genes não-alélicos, pode ser ilustrada com o exemplo a seguir: suponha que os genótipos que possuem dois ou mais genes A e B ganhem 200 g de peso, enquanto

aqueles que não possuem juntos os genes A e B ganham apenas 160 g. Acasalando-se indivíduos AABB com aabb, resultará:

$$\begin{array}{ccc}
 \text{AABB} & \times & \text{aabb} \\
 (200 \text{ g}) & \Downarrow & (160 \text{ g}) \\
 \text{F1} = & \text{AaBb} & \\
 & (200 \text{ g}) &
 \end{array}$$

A média dos pais é $(200 + 160)/2 = 180 \text{ g}$, portanto o heterozigoto apresenta valor fenotípico superior à média de seus pais (200 g).

As ações gênicas aditivas não dão origem à heterose. Isto pode ser observado no exemplo a seguir, em que o indivíduo homozigoto recessivo A2A2B2B2 ganha 200 g de peso por dia (valor fenotípico) e os efeitos dos genes A1 e B1 (dominantes) produzem ganhos diários de 10 g adicionais cada um deles. Se realizarmos o acasalamento:

$$\begin{array}{ccc}
 \text{A1A1B1B1} & \times & \text{A2A2B2B2} \\
 (240 \text{ g}) & \Downarrow & (200 \text{ g}) \\
 \text{F1} = & \text{A1A2B1B2} & \\
 & (220 \text{ g}) &
 \end{array}$$

A média dos pais $(240 + 200)/2 = 220 \text{ g}$ é igual ao valor fenotípico do mestiço, portanto não ocorrendo o fenômeno da heterose nesse caso.

6.3 Estimativa da heterose

Para estimar a heterose (H), avaliamos a superioridade média da prole cruzada em relação aos pais:

$$H = \frac{M_{F1} - M_P}{M_P} \times 100$$

Exemplo: foram obtidas vacas mestiças (1/2 HG) que produziram em média 2.900 kg de leite. Elas eram produtos dos acasalamentos entre touros da raça Holandesa, cuja média de produção no rebanho original foi 4.000 kg, com vacas da raça Gir oriundas de rebanhos com média de leite de 1.500 kg.

A média dos pais nesses acasalamentos foi:

$$MP = (4.000 + 1.500)/2 = 2.750 \text{ kg}$$

A heterose estimada foi portanto:

$$H = (2.900 - 2.750)/2.750 = 0,05454$$

$$H = 0,05454 \times 100 = 5,45\%$$

Essa, portanto, é a superioridade dos mestiços em relação à média de seus pais.

6.4 Permanência da heterose

Chamamos a heterose no F1 de heterose total, porque na próxima geração é esperado ocorrer uma queda da heterose inicial, devido à redução do valor fenotípico médio da geração F2 em relação ao F1. Essa redução depende da seleção praticada nessa população, da presença ou não de endogamia nos acasalamentos e do número de indivíduos presentes na população.

Se a população for grande e os acasalamentos forem ao acaso, espera-se uma queda de 50% da heterose do F1 para o F2 e nas gerações seguintes (F3, F4, etc.) tendem a manter valores fenotípicos médios próximos do F2.

A seleção a favor dos indivíduos mais heterozigóticos induz a uma redução menor da heterose a cada geração, com os acasalamentos consanguíneos tendendo a aumentar esta queda de heterose.

Quando a população é grande e as herdabilidades das características são baixas, não ocorre muita redução do vigor híbrido da geração F1 para a F2. Além disso, deve-se considerar que o valor fenotípico médio da população depende muito de fatores ambientais.

O esquema a seguir ilustra a perda de heterose no F2:

Pai A	x	B Mãe	
	↓		
	F1	Mestiço	Heterose Total
Pai F1	x	F1 Mãe	
	↓		
	F2	Bimestiço	50% da Heterose

$$H_{F2} = \frac{1}{2} \times H_{F1}$$

7. Bibliografia consultada

- BORGAT, R. Crianza y mejora del ganado. México: Herrero, 1962. 458 p.
- EISEN, E.J. Concepts in quantitative genetics and breeding. Raleigh: North Carolina State University, 1987. 228 p.
- GIANNONI, M.A.; GIANNONI, M.L. Genética e melhoramento de rebanhos nos trópicos. São Paulo: Nobel, 1983. 463 p.
- GIANNONI, M.A.; GIANNONI, M.L., PIZA, O.T. Genética e melhoramento de rebanhos nos trópicos: questões e exercícios. Campinas: Agro. Livro, 1986. 517 p.
- LUSH, J.L. Melhoramento genético dos animais domésticos. Rio de Janeiro: Sedegra, 1945. 570 p.
- PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético aplicado aos animais domésticos. Belo Horizonte: UFMG, 1983. 430 p.

- PETIT, C.; PRÉVOST, G. **Genética e evolução**. São Paulo: Edgar Blucher, 1973. 328 p. (Série Introdução à Biologia, 4).
- SILVA, R.G. **Métodos de genética quantitativa aplicados ao melhoramento animal**. São Bernado do Campo: Gráfica e Editora FCA, 1982. 162 p.
- STRICKBERGER, M.W. **Genetic**. New York: Macmillan, 1968. 868 p.
- VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetic for the animal science**. New York: W.H. Freeman, 1987. 391 p.
- WOLFE, S.L. **Biology of the cell**. Belmont: Wadsworth Publish., 1972. 545 p.

Seleção: métodos e auxílios

José Valente¹Rui da Silva Verneque¹Marcus Cordeiro Durães¹

1. Introdução

Em melhoramento genético animal seleção pode ser definida como sendo um processo contínuo, de longo prazo, em que os indivíduos de diferentes genótipos são escolhidos para produzirem descendentes, ou simplesmente, a escolha de indivíduos para a reprodução. Seu efeito primário é aumentar a frequência gênica favorável, reduzindo, em consequência, a frequência dos genes de efeitos desfavoráveis. A eficiência da seleção numa população depende principalmente da existência de variação genética entre os indivíduos, da frequência gênica na característica de interesse e da intensidade de seleção.

Numa população, a seleção ou a escolha de animais pode ocorrer de duas formas: *natural* e *artificial*. A *seleção natural* proposta por Darwin implicava sobrevivência dos indivíduos portadores de genótipos melhor adaptados. Desta forma os animais portadores de vantagens ou aqueles mais aptos vão deixando maior descendência na população. Entretanto, diversos fatores determinam a proporção de indivíduos que irão se reproduzir com maior ou menor frequência. Como por exemplo, podem ser citadas as diferentes taxas de mortalidade, reprodução e fertilidade dos indivíduos na população. Um exemplo típico de *seleção natural* é o que ocorre no homem, na variação da cor da pele em diferentes condições ambientes.

A *seleção artificial* é aquela que é praticada pelo homem, o qual determina quais animais serão usados para produzir a próxima geração. Por ser orientada, a *seleção artificial* pode proporcionar um maior progresso genético à população, por unidade de tempo, comparada à *seleção natural*. Dois critérios podem ser utilizados quando se selecionam animais em um rebanho: os de melhores fenótipos (seleção fenotípica) ou pelos genótipos (seleção genotípica). Quando a escolha é pelo fenótipo, deve-se considerar a morfologia do animal, ou seja, suas características de exterior, tais como conformação ou tipo, pelagem, características de úbere etc., ou medem-se as produções ou avaliam-se os desempenhos dos indivíduos, que, em síntese, são as manifestações de atividades fisiológicas, como por exemplo a produção de leite, de gordura, de proteína, taxas de crescimento, pesos e ganhos de pesos a

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – jvalente@cnpqgl.embrapa.br; rsverneq@cnpqgl.embrapa.br; dcm075@cnpqgl.embrapa.br

várias idades etc. Quando se deseja selecionar os animais de melhores genótipos para características quantitativas (econômicas), processos indiretos têm sido utilizados, mas que apenas estimam os genótipos. Com o desenvolvimento da genética molecular, marcadores genéticos podem ser utilizados na identificação de genes de interesse como instrumentos úteis à seleção.

2. Resposta à seleção

O resultado da seleção deve ser a mudança na média da população. A resposta à seleção portanto, é a diferença entre o valor fenotípico médio dos descendentes dos pais selecionados e a média da geração paterna antes da seleção (Figura 1).

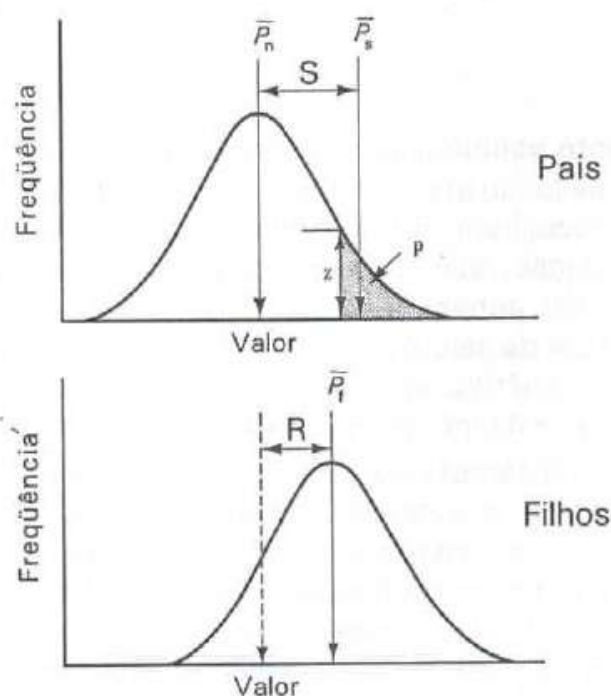


Figura 1. Efeito da seleção sobre uma população.

A resposta à seleção é medida pelo ganho genético (ΔG) que, por sua vez, é uma função do diferencial de seleção (S) e da herdabilidade da característica (h^2). Portanto,

$$\Delta G = S \times h^2$$

O diferencial de seleção mede a diferença entre os indivíduos selecionados para pais da próxima geração ($\bar{P}_s$) e a média de toda população ($\bar{P}_n$).

Pode-se então rescrever que:

$$\Delta G = (\bar{P}_s - \bar{P}_n) \times h^2$$

Considerando que a característica na população segue uma distribuição normal, tem-se que o valor S depende da relação entre a proporção selecionada e a variação existente na população. A relação entre o diferencial de seleção ($S = \bar{P}_s - \bar{P}_n$) e o desvio-padrão fenotípico (σ_p) é denominado intensidade de seleção (i).

Portanto,

$$i = \frac{\bar{P}_s - \bar{P}_n}{\sigma_p} = \frac{S}{\sigma_p} \quad \therefore S = i \sigma_p \text{ e } \Delta G = h^2 \times i \sigma_p$$

Na Tabela 1 são apresentados os valores de i correspondentes a diferentes percentagens de indivíduos destinados à seleção.

Tabela 1. Intensidade de seleção (i) de acordo com a fração de indivíduos selecionados (%).

Fração	i	Fração	i	Fração	i	Fração	i
0,1	3,400	1,0	2,660	10	1,755	55	0,720
0,2	3,200	2,0	2,420	15	1,554	60	0,644
0,3	3,033	3,0	2,270	20	1,400	65	0,570
0,4	2,975	4,0	2,153	25	1,271	70	0,497
0,5	2,900	5,0	2,064	30	1,159	75	0,424
0,6	2,850	6,0	1,985	35	1,058	80	0,350
0,7	2,800	7,0	1,919	40	0,966	85	0,274
0,8	2,738	8,0	1,858	45	0,880	90	0,195
0,9	2,706	9,0	1,806	50	0,798	95	0,109

Fonte: Van Vleck et al. (1987).

Por exemplo, imaginemos um rebanho bovino onde a produção média de leite na primeira lactação seja de 5.500 kg e desvio-padrão de 1.100 kg. Selecionando-se 70% das melhores vacas, a intensidade de seleção (i) será de 0,497, conforme a Tabela 1. Portanto, o diferencial de seleção (S), que é $S = i \sigma_p$, será:

$$S = 0,497 \times 1.100 \text{ kg} = 546,7 \text{ kg}$$

$$\begin{array}{r} 1.100 \\ \times 0,497 \\ \hline 546,7 \end{array}$$

Considerando-se que a herdabilidade (h^2) da produção de leite neste rebanho seja de 0,25, o ganho genético na próxima geração (filhos) será estimado como:

$$\Delta G = h^2 \times S$$

$$\Delta G = 0,25 \times 546,7 \text{ kg}$$

$$\Delta G = 136,675 \text{ kg}$$

$$136,675 \times 0,25 = 34,17$$

Se o intervalo de geração (L) fosse de 3,0 anos, o ganho genético por ano, para fêmeas, seria ($\Delta G/L$) de 45,558 kg, o que estaria de acordo com os resultados da literatura consultada.

$$136,675 / 3 = 45,558 \text{ kg}$$

Em propriedades de gado de leite, em geral, o número de machos utilizados para reprodução é bem menor do que o de fêmeas. Desta forma, o diferencial de seleção do rebanho será estimado pela média do diferencial de seleção dos machos (S_m) e das fêmeas (S_f), isto é, $= \frac{1}{2} (S_m + S_f)$. Para este exemplo, como o diferencial de seleção calculado para as fêmeas foi de 546,7 kg e considerando que os machos foram escolhidos na razão de 1/25, ou seja, 4% da fração selecionada, o valor de i na Tabela 1 para machos será de 2,153.

Logo,

$$i_m = 2,153 \text{ e } S_m = 2,153 \times 1.100 \text{ kg} = 2.368,3 \text{ kg.}$$

Sendo $S_f = 546,7 \text{ kg}$,

$$\therefore S = \frac{1}{2} (S_m + S_f) = \frac{1}{2} (2.368,3 \text{ kg} + 546,7 \text{ kg}) = 1.457,5 \text{ kg.}$$

O ganho genético médio esperado para este rebanho será:

$$\Delta G = h^2 \times S = 0,25 \times 1.457,5 \text{ kg} = 364,375 \text{ kg.}$$

A velocidade com que os ganhos genéticos são obtidos, de geração a geração, é de importância fundamental para os programas de seleção. A este período transcorrido dá-se o nome de intervalo médio entre gerações (L), que é calculado pela idade média dos pais à época de nascimento de seus filhos. Tal como o diferencial de seleção, L também pode ser diferente para machos e fêmeas e calculado em separado e depois estimada a média de ambos, $L = \frac{1}{2} (L_f + L_m)$, conforme Pereira (1983).

Supondo que no rebanho em questão L_f seja de 3,0 anos e $L_m = 4,0$ anos, então, o intervalo médio entre gerações será:

$$L = \frac{1}{2} (3,0 + 4,0) = 3,5 \text{ anos.}$$

Deve-se lembrar que nos casos em que os machos participem de teste de progênie, o valor de L_m poderá ser muito maior (6 a 8 anos), ocasionando um aumento significativo em L .

Lembrando que o ganho genético estimado por geração, no exemplo dado, foi de 364,375 kg, o ganho genético anual será de:

$$\frac{\Delta G}{L} = \frac{364,375 \text{ kg}}{3,5} = 104,107 \text{ kg/ano}$$

Portanto, pode-se observar que são três os fatores que afetam o ganho genético anual: o diferencial de seleção, a herdabilidade da característica e o intervalo entre gerações. Outros fatores importantes, que podem afetar o diferencial de seleção e o progresso genético, são a variância genética e o número de características a

selecionar, de acordo com Bowman (1981), Pereira (1983), Giannoni e Giannoni (1983) e Van Vleck et al. (1987).

Nas espécies domésticas exploradas pelo homem, a alta taxa de mortalidade e a baixa eficiência reprodutiva são fatores que contribuem para um baixo índice de desempenho. E, em gado de leite, uma baixa taxa de reforma anual de fêmeas, traduzida pelo baixo percentual de descarte de vacas e reposição de novilhas de melhor potencial genético, proporciona um pequeno diferencial de seleção nos rebanhos que participam de programas de melhoramento e, conseqüentemente, menores ganhos genéticos.

3. Métodos e auxílios à seleção para uma característica

3.1 Seleção individual

A seleção individual ou massal é o método de seleção mais comum, em que a escolha dos reprodutores se dá de acordo com os valores fenotípicos individuais, ou seja, consiste em se medir, pesar, testar ou avaliar o desempenho dos indivíduos que potencialmente poderiam ser pais, e posteriormente, selecionam-se aqueles cujos valores atendem aos objetivos propostos. Mas sua eficiência depende das correlações entre os fenótipos e os genótipos dos indivíduos. No caso de características de alta herdabilidade, a eficiência seria alta, chegando a um máximo, se as herdabilidades fossem iguais a um. Neste caso, os animais selecionados com base nos valores fenotípicos seriam superiores geneticamente. No caso das características quantitativas (econômicas), os valores fenotípicos representam apenas uma parte dos valores genéticos aditivos, além dos efeitos de ambiente e as diversas interações que possam ocorrer. Assim, para que se tenha maior confiabilidade no valor estimado, é imprescindível controlar o máximo possível os efeitos ou variações de meio para que as variações entre os animais sejam, em sua maior parte, de origem genética aditiva. Portanto, neste tipo de avaliação, é importante que a comparação de desempenho dos animais seja realizada em ambiente uniforme, dando-se condições semelhantes de manejo e alimentação a todos os animais. Desta forma, o valor fenotípico (VF) será uma estimativa do valor genético individual, e recebe a denominação de teste de desempenho ou de produção. De acordo com Giannoni e Giannoni (1983), o VF neste caso pode ser calculado da seguinte forma:

$$VF = \frac{\text{Prod. média do indivíduo na característica} \times 100}{\text{Prod. média do grupo na característica}}$$

O valor genético previsto do indivíduo corresponde ao seu mérito genético em relação à média do grupo de origem e pode ser estimado conhecendo-se o valor fenotípico do animal, a média do grupo e a regressão do valor genético em relação ao valor fenotípico da característica em questão (Giannoni e Giannoni, 1983):

$$VG = \bar{G} + b (\bar{A} - \bar{G})$$

onde:

$\overline{VG}$ = valor genético previsto;

$\overline{G}$ = média do grupo ao qual o indivíduo pertence;

$\overline{A}$ = média do indivíduo em teste;

b = coeficiente de regressão do valor genético sobre o fenotípico.

A estimativa do VG pode variar de acordo com o valor da herdabilidade. Quando a herdabilidade é alta, os fenótipos constituem uma indicação segura do valor genético dos indivíduos. Quando esta for baixa, a eficiência da seleção individual será pequena, pois as expressões fenotípicas de características de baixas herdabilidades são causadas pela ação não-aditiva dos genes, ou seja, fortemente influenciadas por interações genéticas e ambientais. Portanto, os descendentes do grupo assim selecionados poderão apresentar valores fenotípicos não-esperados.

De acordo com Pereira (1983), medidas complementares ou auxiliares podem contribuir para aumentar a eficiência de seleção e as razões que justificam a utilização dessas medidas são:

1. Quando se exige maior segurança ou confiabilidade da informação, o que pode ser obtido por meio do uso de médias de observações repetidas. Exemplo: a produção de leite em várias lactações;
2. Quando uma seleção mais precoce pode ser obtida, resultando intervalos entre gerações mais curtos e, conseqüentemente, ganhos genéticos maiores. Exemplo: produções parciais na lactação;
3. Quando a seleção massal é impraticável, como é o caso das características limitadas pelo sexo (ex.: produção de leite) ou no caso de características que não podem ser medidas diretamente no animal (ex.: qualidade de carcaça).

O uso de médias de produções do mesmo animal, durante sua vida produtiva auxilia no aumento da precisão da avaliação e identificação dos melhores genótipos da população (Pereira, 1983). A avaliação e seleção de fêmeas dentro de um rebanho estão relacionadas com a maior ou menor capacidade de julgar os desempenhos dos animais naquele rebanho. Diferenças de ambiente temporárias contribuem para gerar variações no desempenho dos animais, dificultando a identificação dos melhores genótipos. Separar os efeitos ambientes temporários dos permanentes contribui para uma melhor identificação de fêmeas dentro de um rebanho.

Portanto, segundo Pereira (1983), o uso da média de n -observações repetidas constitui-se num dos modos mais eficientes de se controlar erros e confundimentos devidos aos efeitos temporários de ambiente. Com a média de n -produções, pode-se obter a Capacidade Provável de Produção (CPP) do animal que inclui os efeitos permanentes de meio e o valor genético do animal.

A CPP pode ser estimada pela seguinte fórmula:

$$CPP = \overline{M} + \frac{nr}{1 + (n-1)r} (\overline{A} - \overline{M})$$

onde:

CPP = capacidade provável de produção;

$\bar{M}$ = média de rebanho;

$\bar{A}$ = média do animal avaliado;

n = número de lactações do animal avaliado;

r = repetibilidade da característica.

A fração $nr / [1 + (n-1)r]$ mede a precisão de n -produções e expressa a confiança que se pode ter na média de produção do animal ou a sua habilidade de produção. Se $n = 1$, a expressão se torna igual ao valor da repetibilidade (r). Se $r = 1,0$ ou 100%, significa que a CPP é igual à média das produções anteriores. À medida que o número de observações (n) de um mesmo animal aumenta, a confiabilidade da média desse animal também aumenta, como indicador do seu valor genético.

Se na fórmula, empregada para estimar a CPP , a fração $nr / [1 + (n-1)r]$, que representa a precisão da média de n -produções, for substituída por $nh^2 / [1 + (n-1)r]$, tem-se a herdabilidade (h^2) das médias das produções, que representa a fração genética aditiva da característica. Dessa forma, a estimativa obtida constitui-se numa estimativa da Capacidade Provável de Transmissão (CPT) do animal.

Uma vez que as médias de um rebanho variam de ano para ano, ou de estação para estação, recomenda-se que as comparações sejam feitas dentro de cada ano ou estação. Além disso, outros fatores de variação podem afetar a produção de um animal, como, por exemplo, a idade ao parto, a raça ou o grau de sangue, etc., os quais devem ser considerados no modelo matemático ou utilizados fatores de ajustamento ao se avaliarem os animais. Este assunto é tratado num outro capítulo.

O valor fenotípico individual não é a única fonte de informação para o valor genético aditivo, já que existem outras fontes como a dos parentes. De qualquer forma, para algumas características, estes valores individuais representam a única fonte possível de informação, dado que o valor fenotípico individual não é susceptível de ser medido, como no caso do touro de raça leiteira que só poderá ser examinado do ponto de vista se sua conformação, porque a lactação é uma característica exclusiva da fêmea. Sob este aspecto, a seleção individual é um processo falho, porque a correlação entre a conformação do touro e a capacidade de produção de suas filhas é praticamente nula (Garcia e Milagres, 1969).

De acordo com Bowman (1981), a seleção individual é indicada para características de herdabilidade entre 0,25 e 1,0, e que podem ser facilmente medidas nos pais em potencial. Segundo o autor, por várias razões este tipo de seleção nem sempre é o mais apropriado, e, assim, outros métodos são usados, os quais utilizam o desempenho de indivíduos aparentados para auxiliar na avaliação dos pais em potencial. Os parentes normalmente utilizados são: a) Os ancestrais, tais como os pais e os avós (seleção pelo *pedigree*); b) Os colaterais, como os irmãos completos, meio-irmãos e os primos (seleção familiar); e c) Os descendentes ou as progênes (teste de progênie).

3.2 Seleção pelo *pedigree*

O *pedigree* de um animal é o registro da sua ascendência, e a seleção de gado de leite com base no *pedigree* é feita utilizando-se as informações ou produções de seus ascendentes (Pereira, 1983).

Os *pedigrees* de uma maneira geral apresentam apenas a relação de nomes de ancestrais e seus respectivos números de registro. É importante que se incluam nos *pedigrees* dados relativos às produções ou desempenho dos ascendentes e outras informações que permitam calcular os diferenciais de seleção tanto do indivíduo como os de seus ancestrais. Dessa forma, seria possível estimar, com certa segurança, o valor genético previsto (VG) de um indivíduo, a partir dos valores fenotípicos dos seus parentes.

As informações de *pedigree* são importantes e amplamente utilizadas. Segundo Giannoni e Giannoni (1983), elas podem ser úteis para os seguintes casos: 1) detecção de genes recessivos e de combinações e interações especiais entre genes; 2) auxiliar na escolha de animais jovens que ainda não apresentaram produções; 3) seleção de características de baixa herdabilidade; e 4) seleção de características que só se manifestam tardiamente na vida do animal, como longevidade, ou que se expressam somente em um dos sexos, como produção de leite, gordura etc.

Deve-se ressaltar que, na detecção de genes recessivos, a análise de *pedigree* possibilita uma seleção genética mais rápida e de custos mais baixos que o teste de progênie (TP) ou de acasalamentos consanguíneos. Porém, há também inconvenientes, como, por exemplo, se houver informações erradas nos *pedigrees*, famílias inteiras poderão ser descartadas. Outro exemplo típico é o caso de um touro que se tornou popular pelo simples fato de pertencer a uma linhagem famosa.

Na escolha de animais jovens, informações sobre produções do próprio indivíduo nem sempre estão disponíveis, e, nesse caso, a única forma de avaliá-los é pela análise de informações de seus ascendentes ou de parentes colaterais como irmãos ou irmãs.

No caso de características de baixa herdabilidade, as informações dos parentes podem aumentar a confiabilidade da seleção. Entretanto, as produções ou o desempenho do próprio animal são também importantes. Para características de alta herdabilidade, as informações do próprio indivíduo são mais seguras para a seleção que a utilização do valor fenotípico de seus ancestrais.

Contudo, de acordo com Pereira (1983), há limitações práticas na seleção pelo *pedigree*, devido a: 1) baixa precisão com que se estimam os genótipos dos ascendentes, em face da natureza da amostragem do processo hereditário, fazendo com que um mesmo ascendente transmita heranças diferentes a filhos diferentes; 2) Proximidade do parentesco – as contribuições das informações de ascendentes mais próximos são mais importantes, ao passo que as de ascendentes distantes são pequenas; 3) Possíveis influências de meio ambiente podem mascarar os resultados da avaliação, como o caso do tratamento preferencial; 4) os *pedigrees*, em geral, fornecem poucas informações sobre o desempenho produtivo ou reprodutivo dos ancestrais, contribuindo muito pouco como auxílio à seleção.

A eficiência da seleção pela genealogia é determinada pela correlação existente entre o genótipo do indivíduo em análise e a média fenotípica de seus parentes. Desta forma, o valor genético previsto (VG) é estimado pela regressão do genótipo do indivíduo sobre os valores fenotípicos de seus parentes, podendo as informações do próprio indivíduo ser incluídas ou não no cálculo. Na prática, porém, na maioria dos casos, existem somente informações dos ascendentes. As equações são constituídas pelos diferenciais de seleção do indivíduo e/ou de seus parentes

multiplicados por coeficientes de regressão. Assim, alguns exemplos podem ser dados, de acordo com Giannoni e Giannoni (1983):

a) Estimativa do VG com base em informações do pai ou da mãe:

$$VG = \bar{C}_i + b_2 (\bar{A}_m - \bar{C}_m) \text{ ou } VG = \bar{C}_i + b_2 (\bar{A}_p - \bar{C}_p)$$

Sendo:

$\bar{C}_i$ = média dos contemporâneos do indivíduo;

$\bar{A}_m$ e $\bar{A}_p$ = média da mãe e média do pai;

$\bar{C}_m$ e $\bar{C}_p$ = média dos contemporâneos da mãe e do pai;

O coeficiente de regressão (b_2), para uma determinada característica seria:

$b_2 = 0,5 h_m^2$ ou $h_p^2 (h_p^2 \text{ e } h_m^2)$ = herdabilidade da característica quando se considera o pai ou a mãe.

A superioridade de um animal (ex.: um tourinho) é expressa em termos de desvio da média de produção de seu rebanho. O VG indica o potencial genético esperado do animal.

b) Estimativa do VG com base em informações do próprio indivíduo e nas de um ancestral:

$$VG = \bar{C}_i + b_1 (\bar{A}_i - \bar{C}_i) + b_a (\bar{A}_a - \bar{C}_a)$$

onde:

b_1 e b_a = coeficientes de regressão para o indivíduo e o ancestral considerado, respectivamente;

$\bar{A}_i$ e $\bar{C}_i$ = médias do indivíduo e de seus contemporâneos, respectivamente;

$\bar{A}_a$ e $\bar{C}_a$ = médias do ancestral considerado e de seus contemporâneos, respectivamente.

Por exemplo, os coeficientes de regressão (b_1 e b_2) utilizados na equação de determinação do VG quando há informações do próprio indivíduo e de um de seus pais são fornecidos pelas seguintes equações:

$$b_1 = \frac{h_i^2 (4 - h_p^2)}{4 - h_i^2 h_p^2} \text{ e } b_2 = \frac{2 h_p^2 (1 - h_i^2)}{4 - h_i^2 h_p^2}$$

onde: h_i^2 e h_p^2 = herdabilidade da característica considerada no indivíduo e em um de seus pais, respectivamente.

3.3 Seleção pela família

A seleção familiar se baseia na seleção de famílias de melhor fenótipo médio, isto é, selecionam-se todos os indivíduos daquela melhor família. Trata-se, então, de predizer o genótipo de um indivíduo dado o fenótipo médio da família a que pertence.

A seleção familiar mais útil é a baseada em irmãos (irmãos completos, meio-irmãos), embora outros parentes, como primos também possam ser usados. A eficiência da seleção familiar depende do coeficiente de parentesco existente entre os membros da família e o indivíduo objeto de análise, das estimativas das herdabilidades para as características em questão, das correlações fenotípicas entre os membros da família e do número de indivíduos que constituem a família. Quando o animal é selecionado por meio da média familiar, a eficiência desse processo em relação à seleção praticada com base em informações do próprio indivíduo será fornecida pela seguinte fórmula, de acordo com Giannoni e Giannoni (1983):

$$ES = \frac{[1 + (n-1) R]}{\sqrt{n[1 + (n-1)t]}}$$

em que:

ES = eficiência da seleção familiar;

R = coeficiente de parentesco ou correlação genética entre os membros da família considerada;

t = coeficiente de correlação fenotípica entre os membros da família;

n = número de indivíduos que constituem a família.

- Comparada a seleção familiar, a seleção pelo desempenho individual é mais eficiente quando os valores de R forem baixos e os de t altos. Quando os valores de R são altos e os de t baixos, a seleção familiar se torna mais eficiente que a individual. Além disso, o número de membros na família afeta o cálculo da média familiar e a eficiência da seleção.

De acordo com Bowman (1981), quando a herdabilidade de um caráter se situa no intervalo entre 0 (zero) e aproximadamente 0,25, o fenótipo de um indivíduo passa a ser uma estimativa relativamente imprecisa do seu valor genético. Então, é mais eficiente, em termos de progresso genético por unidade de tempo, realizar a seleção com base no desempenho da família do que na do indivíduo.

A seleção poderá ser mais eficiente que aquela baseada apenas no valor fenotípico individual, quando informações do próprio indivíduo e a média de sua família são combinadas para efeito de seleção (seleção combinada) e pode ser obtida pela fórmula, de acordo com Giannoni e Giannoni (1983):

$$ES = \sqrt{\frac{1 + (R - t)^2}{(1 - t)}} \times \frac{(n - 1)}{1 + (n - 1)t}$$

onde:

ES = eficiência da seleção combinada, e R , t e n como descrito anteriormente.

Os métodos clássicos mais comuns de seleção de famílias, utilizados nos animais domésticos, são aqueles cujas famílias são formadas de irmãos completos e meios-irmãos. A eficiência da seleção neste caso é dada pela seguinte fórmula:

$$ES = Rh^2 \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)t}}$$

onde:

ES = eficiência da seleção familiar, e h^2 , R , t e n como descrito anteriormente.

A utilização desta fórmula, segundo Giannoni e Giannoni (1983), só pode ocorrer nos casos em que não haja consangüinidade entre os animais, e que as correlações ambientais entre os fenótipos dos irmãos sejam iguais a zero. Assim, nesta condição, $t = Rh^2$.

Nos bovinos, grandes famílias de meios-irmãos contemporâneos podem ser obtidas, ao passo que as famílias de irmãos completos contêm poucos indivíduos, os quais, em geral, não são contemporâneos. Conseqüentemente, a precisão da média da família de meios-irmãos é geralmente maior do que a de irmãos completos. A seleção para características de baixa herdabilidade, em geral, é feita pela escolha de grupos de meios-irmãos com base no seu desempenho médio, ponderando-a adequadamente caso os grupos incluam números diferentes de indivíduos.

Como vimos anteriormente, a eficiência da seleção familiar depende do número de meios-irmãos considerados e do valor da estimativa da herdabilidade. Será maior à medida que ambos crescem, conforme Tabela 2.

Porém, no caso de famílias constituídas de irmãos completos, a seleção se torna menos segura em conseqüência dos indivíduos sofrerem influências maternas durante o período que se estende da gestação à desmama. Por esta razão t não-corresponde a Rh^2 , mas sim a $Rh^2 + c^2$, onde: c^2 = contribuição materna (Giannoni e Giannoni, 1983). Outros detalhes sobre a eficiência da seleção de irmãos completos podem ser vistos em Lasley (1978).

3.4 Seleção pela progênie

O teste de progênie (TP) consiste na avaliação genética de animais pelo desempenho ou produção de suas proles ou progênies. O TP é essencial para um programa de melhoramento de gado de leite, uma vez que produção de leite é uma característica de baixa a moderada herdabilidade e não se expressa nos machos que apresentam a maior contribuição para o melhoramento do rebanho. O TP é indicado também para características que só podem ser medidas após a morte do animal, como qualidade de carcaça. É útil também para a detecção de genes recessivos de efeitos deletérios.

Tabela 2. Eficiência da seleção familiar com base no desempenho de meios-irmãos.

N.º de meios-irmãos	Herdabilidades						
	0,10	0,20	0,30	0,40	0,50	0,60	0,70
1	0,079	0,112	0,137	0,158	0,177	0,194	0,209
2	0,110	0,154	0,187	0,213	0,236	0,255	0,273
3	0,134	0,185	0,221	0,250	0,274	0,294	0,312
4	0,152	0,209	0,247	0,277	0,302	0,322	0,339
5	0,169	0,228	0,268	0,299	0,323	0,342	0,359
6	0,183	0,245	0,286	0,316	0,340	0,359	0,374
7	0,195	0,259	0,301	0,331	0,354	0,372	0,387
8	0,206	0,272	0,314	0,343	0,365	0,383	0,397
9	0,216	0,283	0,325	0,354	0,375	0,392	0,405
10	0,226	0,294	0,335	0,363	0,384	0,400	0,412
15	0,263	0,332	0,370	0,395	0,413	0,426	0,436
20	0,291	0,358	0,393	0,415	0,430	0,441	0,450
25	0,312	0,377	0,409	0,429	0,442	0,451	0,459
30	0,330	0,391	0,421	0,439	0,450	0,459	0,465
35	0,344	0,403	0,430	0,446	0,456	0,464	0,469
40	0,356	0,412	0,437	0,452	0,461	0,468	0,473
45	0,366	0,419	0,443	0,456	0,465	0,471	0,476
50	0,375	0,426	0,448	0,460	0,468	0,474	0,478
75	0,406	0,447	0,463	0,473	0,478	0,482	0,485
100	0,424	0,458	0,463	0,479	0,483	0,486	0,489

Fonte: Lasley (1978).

Diversos países, entre eles o Brasil, têm desenvolvido programas de seleção de gado de leite com base em testes de progênie. Esses programas são executados por empresas de naturezas variadas, como firmas particulares, cooperativas, empresas estatais etc., abrangendo grandes regiões ou todo um país e são desenvolvidos em fazendas particulares, aproveitando a inseminação artificial e o controle leiteiro. Embora o esquema seja simples, existe uma complicação prática, devido ao grande número de animais necessários para provar vários touros com um número suficiente de filhas. Estes programas necessitam ser executados por meio de um trabalho cooperativo de diferentes instituições, por serem complexos e de alto custo.

Somente programas com grande número de rebanhos permitem a utilização dos testes de progênie. É possível esperar progresso genético na produção de leite, uma vez que a herdabilidade está em torno de 25 a 30%. Tem-se calculado que o ganho genético na produção de leite, com rebanhos de mais de 2.000 vacas, pode atingir 1,7% em média por ano.

3.4.1 Objetivos de um teste de progênie

O objetivo geral de um TP é o de identificar, avaliar, selecionar e difundir os reprodutores de alto valor genético com vistas ao aumento da produção e produtividade dos rebanhos, inclusive podendo diminuir o grau de dependência da importação de material genético. Os objetivos específicos são:

- a - Identificar anualmente, pelo TP, reprodutores geneticamente superiores para a produção de leite;

- b - Selecionar, em função das avaliações genéticas de características econômicas importantes, os touros que deverão ser intensamente difundidos, principalmente, por meio de sêmen;
- c - Planejar acasalamentos seletivos, utilizando-se os melhores reprodutores disponíveis e as vacas consideradas elites a nível nacional;
- d - Submeter à avaliação pela progênie os touros jovens provenientes dos acasalamentos seletivos planejados.

3.4.2 Considerações gerais sobre o teste de progênie

No estabelecimento ou desenvolvimento de um programa de TP, diversos aspectos devem ser observados: a) número de touros jovens que devem participar do teste, anualmente, em função da necessidade ou capacidade de absorção de sêmen no mercado e custos; b) número de vacas ventres que estarão disponíveis, para produzir o número mínimo de filhas para o teste dos touros; c) planejar todo o esquema de distribuição de sêmen e coleta de dados para se obter os resultados desejados.

Além disso, deve ser feita a identificação e seleção prévia dos touros jovens que serão testados, mediante resultados de avaliações genéticas, sem deixar de atender o interesse da Central ou Associação envolvida. O planejamento de acasalamentos para gerar novos touros que irão participar de futuros testes, é muito importante para obtenção de ganhos genéticos.

Após a escolha dos touros que irão iniciar o teste, a cada ano, vem a coleta e a distribuição de um certo número de doses de sêmen para os rebanhos colaboradores, que irão produzir as filhas necessárias para o teste dos touros.

Depois da entrega do sêmen aos criadores colaboradores, inicia-se, então, o acompanhamento dos rebanhos até o encerramento da primeira lactação das filhas. Essa fase é muito importante, uma vez que o número de filhas por touro é que vai influenciar na precisão da prova. O não-acompanhamento pode acarretar uma perda muito grande de informações e de filhas e, conseqüentemente, vir a prejudicar ou até mesmo, inviabilizar a prova de um touro.

A coleta, o acompanhamento e o processamento de dados são um processo contínuo, que se inicia desde o momento da distribuição do sêmen indo até a obtenção completa dos resultados com estimação do valor genético de cada touro. Isso significa manter o controle das inseminações, diagnósticos de prenhez, nascimentos, mortes, prenhez das filhas e controle leiteiro.

Para o desenvolvimento de um programa de TP, são necessários recursos humanos, materiais e financeiros. Como, por exemplo, local para cria e recria de bezerros (futuros tourinhos), local para coleta, congelamento e armazenamento de sêmen, local e alimentação para manutenção de touros etc. Há necessidade também de veículos para distribuição de sêmen e acompanhamento das fazendas colaboradoras. Balanças para controle leiteiro, computadores com impressoras, material de consumo para colheita e impressão de dados. Necessita, especialmente, de uma equipe de vários especialistas para a conservação dos objetivos do programa. São necessários, pelo menos, um responsável técnico para o acompanhamento das atividades de campo, um melhorista para supervisão do andamento, controladores (de associações ou de cooperativas) ou técnicos agrícolas, digitadores e pessoal para a manutenção e acompanhamento dos touros jovens.

3.4.3 Precisão do teste de progênie

A precisão do TP mede a correlação do genótipo do pai com a média fenotípica de sua progênie, e pode ser calculada pela seguinte fórmula (Lasley, 1978):

$$\frac{h}{2} \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)t}}$$

onde:

h = raiz quadrada da herdabilidade da característica considerada;

n = número de progênies por touro;

t = $1/4 h^2$ quando a progênie é constituída de meio-irmãs.

Como exemplo, e para ilustrar como a Tabela 3 foi preenchida, vamos calcular a precisão da seleção para um touro, considerando que a herdabilidade da característica era 0,30 e que 20 filhas foram usadas no TP. A precisão então, será:

$$\frac{0,5477}{2} \sqrt{\frac{20}{1 + (20-1) \frac{0,30}{4}}} = 0,2739 \sqrt{\frac{20}{1 + (19) 0,075}} = 0,2739 \times 2,8718 = 0,787$$

No caso de se usar modelos mistos e modelo animal, considerando a matriz de parentesco completa, a precisão ou acurácia ou confiabilidade serão maiores.

Tabela 3. Precisão do teste de progênie de acordo com a herdabilidade e número de progênies por touro.

N.º de progênie	Herdabilidades/Precisão						
	0,10	0,20	0,30	0,40	0,50	0,60	0,70
1	0,158	0,224	0,316	0,354	0,387	0,418	0,447
10	0,452	0,587	0,669	0,726	0,767	0,799	0,824
20	0,582	0,716	0,787	0,831	0,861	0,883	0,900
30	0,659	0,782	0,842	0,877	0,900	0,917	0,930
40	0,712	0,823	0,874	0,904	0,923	0,936	0,946
50	0,749	0,851	0,896	0,921	0,937	0,948	0,956
75	0,811	0,893	0,927	0,945	0,956	0,964	0,970
100	0,848	0,917	0,944	0,958	0,967	0,973	0,977

Fonte: Lasley (1978).

4. Métodos de seleção para mais de uma característica

Seleção para característica simples ou única não é, geralmente, adequada para a maioria dos animais domésticos, uma vez que outras característica de importância econômica seriam ignoradas. Na verdade, seleção para apenas uma característica indica que outras características não têm valor econômico. A maioria

dos criadores ou melhoristas deveriam selecionar para mais de uma característica, dado que, em geral, várias características contribuem para o valor econômico total do animal (Van Vleck et al., 1987). Vale lembrar, porém, que a seleção para uma característica tem maior eficiência relativa que aquela realizada para várias.

Nos programas de melhoramento genético de rebanhos de gado de leite, quase sempre se procura elevar os valores fenotípicos médios de diferentes características relacionadas direta ou indiretamente com a produção ou o desempenho dos animais. Um dos grandes problemas, se não o maior, é que a escolha dos indivíduos de melhores valores genéticos é feita com base no valor fenotípico dos mesmos.

Quando o objetivo da seleção é para várias características simultaneamente, três situações podem se apresentar (Giannoni e Giannoni, 1983): as características são positiva ou negativamente correlacionadas, ou as características são independentes, não existindo correlação entre elas.

Quando duas características são positivamente correlacionadas, a escolha de bons animais para reprodutores para uma delas fará com que o valor fenotípico das progênes ou prole também melhore com relação a outra característica.

No caso de características negativamente correlacionadas, a seleção ou escolha de animais para reprodução por uma delas poderá ocasionar uma expressão menos intensa na outra característica, na próxima geração. Assim, é pouco provável a obtenção de ganhos ou avanços importantes em ambas características. Como exemplo típico, pode-se citar a quantidade de leite produzida e a porcentagem de gordura em gado de leite.

Se a correlação for zero, então a outra característica (dois) não mudará à medida que se melhore a característica corrente (um), exceto por variações ao acaso.

A seguir, uma breve descrição dos três métodos de seleção (Tandem, Níveis Independentes e Índice de Seleção) mais utilizados quando se trata de seleção para mais de uma característica ou características múltiplas.

4.1 Método de Tandem

O Método de Tandem ou unitário é aquele em que se seleciona uma característica de cada vez, isto é, as características são classificadas de acordo com a sua importância e trabalhadas por um número de gerações determinado. Quando a meta para uma determinada característica é alcançada, inicia-se a seleção para outra (a segunda mais importante), depois a terceira, e assim por diante, até que os objetivos estipulados para todas julgadas importantes sejam alcançados.

De acordo com Van Vleck et al. (1987), determinar o número de gerações para selecionar cada característica é um tanto difícil, embora uma alta frequência de animais com desempenho inaceitável para a outra característica seria um indicativo para cessar a seleção para uma característica e iniciar a seleção para a outra característica. A determinação da ordem de importância das características também não é simples. Se a seleção Tandem é praticada, as características deveriam ser consideradas na ordem de seus valores econômicos (Van Vleck et al., 1987). Segundo esses autores, a principal questão é qual deveria ser o critério a ser usado na determinação do valor econômico. Valores por unidade, para características com

diferentes unidades e desvios-padrão, não são comparáveis. Valores por desvio-padrão fenotípico podem ser considerados. O progresso devido à seleção, entretanto, é proporcional ao desvio-padrão genético. Assim, o valor por desvio-padrão genético parece ser um valor econômico mais apropriado para classificar características. Uma determinação mais precisa do valor econômico depende das correlações entre as características.

Como dito anteriormente, a seleção para uma característica é mais eficiente do que aquela feita para várias simultaneamente. Entretanto, o tempo que se gasta para melhorar o rebanho em todas as direções desejadas é muito maior. Assim, quando várias características precisam ser melhoradas, o método Tandem ou unitário é o menos eficiente, considerando o progresso genético por unidade de tempo e de esforço do criador (Giannoni e Giannoni, 1983). A Figura 2 ilustra a seleção pelo Método de Tandem, considerando-se apenas duas características e admitindo-se que não há correlação entre elas.

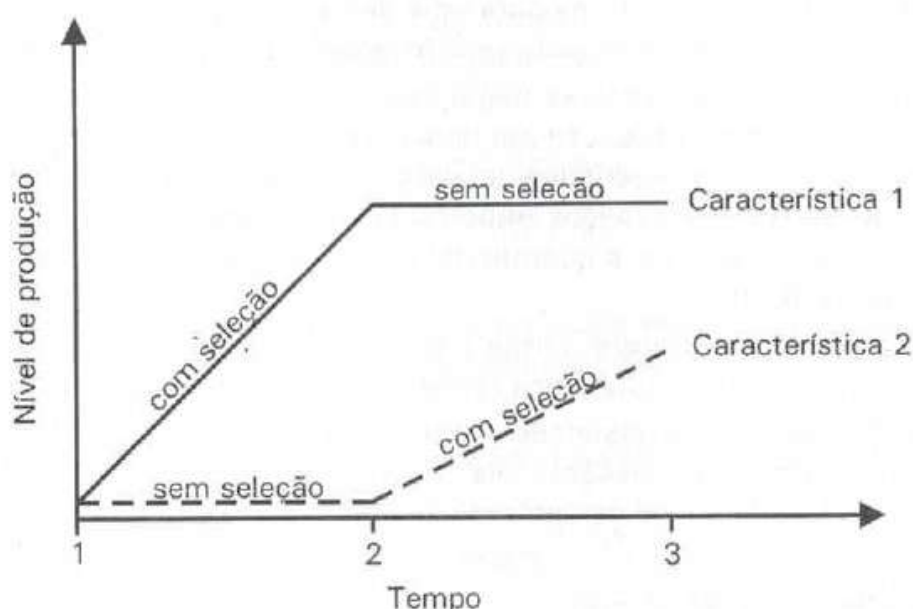


Figura 2. Método de Tandem.

4.2 Método dos Níveis Independentes de Seleção

Este método é também chamado de Níveis de Rejeição ou Eliminação. Neste método, os níveis de seleção são determinados para cada característica, separadamente, isto é, se estabelece um mínimo que o animal deve atingir, com a restrição de que a fração total selecionada seja "p". Os indivíduos são eliminados (rejeição) caso não atinjam as metas estabelecidas para todas as características que estão sendo trabalhadas ou selecionadas (Figura 3). Por este motivo, animais superiores em alguma característica poderão ser eliminados, uma vez que tenham apresentado valores inferiores em uma delas.

O método dos Níveis Independentes é relativamente simples, de acordo com Van Vleck et al. (1987). Para cada característica, uma certa fração dos animais será selecionada com base naquela característica apenas, isto é, para a característica 1,

a fração p_1 ; para a característica 2, a fração p_2 , ..., para a característica m , a fração p_m . Pelo fato de a seleção ser feita independentemente para cada característica, a fração total selecionada é o produto das frações selecionadas em cada característica: $p = p_1 p_2 \dots p_m$. Essa fração final, p , é predeterminada pelas regras estabelecidas no programa de melhoramento. Porém, a dificuldade é determinar o quanto de pressão de seleção deverá ser empregada em cada característica, ou seja, qual é a fração ótima a ser selecionada para cada uma, mesmo para o caso de características não-correlacionadas.

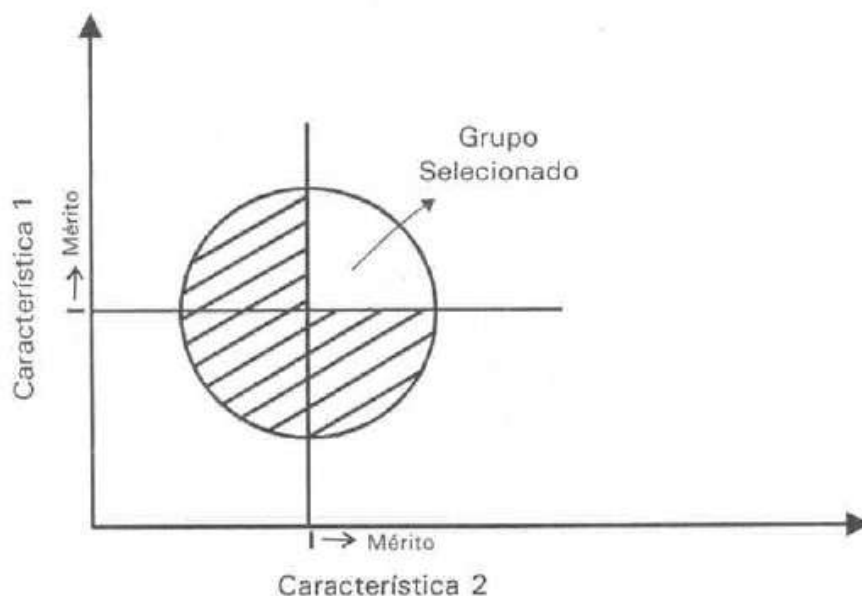


Figura 3. Método dos Níveis Independentes de Seleção.

A principal vantagem do método de Níveis Independentes é que ele pode seguir o desenvolvimento biológico do animal para muitas espécies, isto é, a seleção poderá ocorrer em estágios correspondentes de maturidade. Por exemplo, uma fração de bezerras poderia ser eliminada à desmama, outras a um ano, e outras à época da primeira inseminação (puberdade). Esta seqüência de seleção reduziria o número de animais que deveria ser mantido durante todo o período de tempo, reduzindo, então, os custos de manutenção, etc.

Na prática, este método de seleção, de alguma forma, é quase sempre utilizado. Por exemplo, animais que não se enquadram dentro dos níveis de desempenho estipulado para certas características, como fertilidade, resistência a doenças ou temperamento, são prováveis de serem eliminados, independentemente dos seus valores genéticos potenciais e cujos valores econômicos são claramente definidos.

O Método dos Níveis Independentes é ilustrado na Figura 3, para o caso de duas características não-correlacionadas e quando a distribuição dos dados segue a curva normal.

A seleção simultânea para várias características, como se sabe, provoca a redução da eficiência da seleção para cada característica individualmente, e o progresso genético assim obtido será $1/\sqrt{n}$ vezes menor do que aquele conseguido pela seleção de uma única característica, supondo-se que os valores fenotípicos e econômicos das características sejam semelhantes.

De acordo com Giannoni e Giannoni (1983), o ganho genético total obtido numa população, quando a seleção é para várias características independentes (n) simultaneamente e considera os seus valores econômicos, pode ser estimado pela seguinte fórmula:

$$\Delta G_E = \sum_{j=1}^n i_j a_j h_j^2 \sigma_{Pj}$$

onde:

ΔG_E = progresso genético total, em termos econômicos;

i_j = intensidade de seleção para cada característica j ;

a_j = valor econômico de cada característica j ;

h_j^2 = herdabilidade de cada característica j ;

σ_{Pj} = desvio-padrão fenotípico de cada característica j .

4.3 Método do Índice de Seleção

O objetivo neste método é realizar a seleção baseando-se num índice. Neste caso, são estabelecidas relações entre as características mais importantes, de tal modo que na formação do índice surja um número que deverá manter alta correlação com o agregado genotípico do animal ou o seu valor genético. *Índice de Seleção*, portanto, é a combinação de informações sobre as características de um mesmo indivíduo ou de diferentes indivíduos para ser utilizado como critério ou método de seleção. Constitui-se num dos mais importantes métodos de seleção.

Um *Índice de Seleção* é uma equação de regressão múltipla em que o valor genético do indivíduo é a variável dependente, e as características consideradas importantes (valor econômico), como produção ou desempenho, são as variáveis independentes.

Há vários tipos de índices (Falconer, 1992). Índices que utilizam somente a informação de uma característica medida no próprio indivíduo, índices que utilizam informações de várias características medidas no indivíduo, índices que utilizam informações de várias características medidas no indivíduo e em parentes etc. Neste texto, vamos limitar o assunto nos índices baseados em características múltiplas medidas no mesmo indivíduo. Assim, poderíamos ter como exemplo, o seguinte índice:

$$I = a_1 X_1 + a_2 X_2 + \dots + a_n X_n \quad \text{ou} \quad I = \sum_{i=1}^n a_i X_i, \text{ para } i = 1, 2, \dots, n$$

em que:

I = índice de seleção ou de previsão do valor genético do animal (variável dependente);

$X_1, X_2, \dots, X_n$ = valores fenotípicos das características consideradas (variáveis independentes);

$a_1, a_2, \dots, a_n$ = coeficientes de regressão ou h^2 .

Os valores de X_i são dados em termos de desvio em relação à média da população. O valor genético é igual a $E(G) = 1$.

A idéia ou objetivo é encontrar o melhor estimador para cada coeficiente ou fator de ponderação (a_i) de tal forma que a correlação entre o índice e o valor genético verdadeiro é máxima. Ou seja: (r_{GI}) max.

O valor genético agregado é a soma dos valores genéticos para cada característica ($G_1 + G_2 + \dots + G_n$). A este valor, chamaremos de verdadeiro valor genético (H). Então, generalizando-se para n-características, tem-se:

$$r_{HI} = \frac{Cov HI}{\sqrt{\sigma_H^2 \cdot \sigma_I^2}}$$

Pode-se então, maximizar r_{HI} , maximizando o $\log_e r_{HI}$, e após algumas derivações, obtém-se um conjunto de n-equações ou um sistema de equações que após resolvido tem-se as estimativas dos coeficientes, podendo, assim, construir o *Índice de Seleção*.

Segundo Giannoni e Giannoni (1983), na escolha das características que comporão o índice, deve-se levar em conta:

- 1) a importância econômica de cada característica;
- 2) a importância da característica para sua variação produzir alteração no valor fenotípico médio do indivíduo;
- 3) o valor da herdabilidade de cada característica considerada;
- 4) as correlações genéticas entre as características;
- 5) as correlações fenotípicas entre as características.

Na Figura 4 é ilustrado um exemplo de Índice de Seleção para duas características não-correlacionadas.

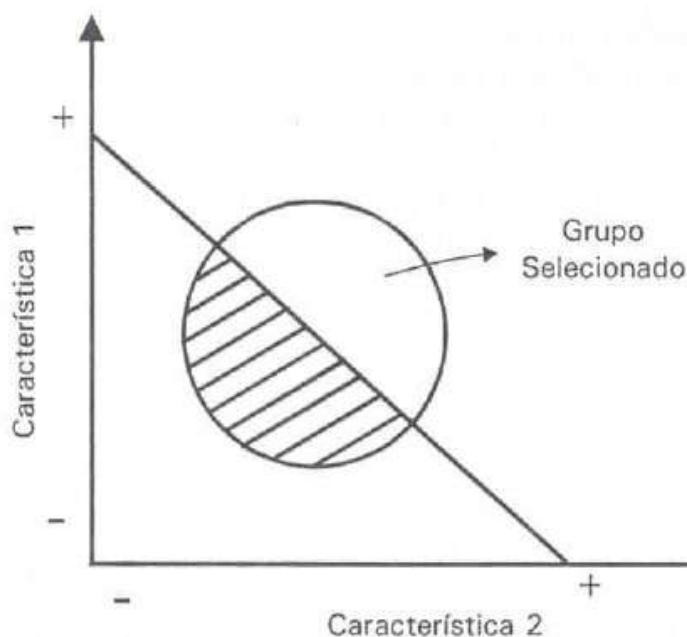


Figura 4. Método do Índice de Seleção para características não-correlacionadas.

O objetivo de um Índice de Seleção é estimar o valor genético do indivíduo tendo por base os valores fenotípicos. Portanto, a seleção dos animais geneticamente superiores é indireta, uma vez que os valores obtidos representam apenas estimativas dos seus valores genéticos. O progresso genético anual obtido pelo uso do índice pode ser calculado pela seguinte relação:

$$\frac{\Delta G}{L} = \frac{r_{G,I} i \sigma_I}{L}$$

em que:

$\Delta G/L$ = ganho genético anual;

r_{GI} = correlação entre o valor genético real (G) e o índice de predição (I) do valor genético real;

i = intensidade de seleção;

L = intervalo de gerações;

σ_I = desvio-padrão do índice.

Em relação aos métodos de seleção apresentados anteriormente, o índice é o de maior eficiência, resultando em menor esforço despendido para obtenção de progresso genético por unidade de tempo.

4.4 Considerando a existência de correlações

Neste item, os três métodos de seleção descritos (Tandem, Níveis Independentes de Seleção e Índice de Seleção) são discutidos e ilustrados por exemplos pelas Figuras 5, 6 e 7, letras a e b (adaptadas de Van Vleck et al., (1987), para o caso de frações iguais de animais selecionados, quando apenas duas características de interesse são consideradas e existe correlação entre elas.

O Método de Tandem possui uma vantagem prática muito importante, que é a de precisar medir apenas uma característica a cada tempo (as demais são ignoradas). Entretanto, o criador ou melhorista pode querer medir outras características a fim de monitorar as mudanças que possam ocorrer nelas, para evitar dificuldades, as quais podem surgir, principalmente, se a característica sob seleção corrente for negativamente correlacionada com essas outras, que estão próximas da linha aceitável de desempenho. O problema ou dificuldade surge quando a correlação é negativa e o mérito médio da outra característica decresce quando se melhora a característica corrente.

O efeito da seleção pelo Método de Tandem, quando há correlação entre duas características, é ilustrado na Figura 5. A seleção por este método, em uma geração, é seleção somente para uma característica. Se a característica 1 está sendo selecionada, então a fração "p" de animais com altos desempenhos ou altas produções para a característica 1 será selecionada, independentemente do desempenho na característica 2, se baixo ou alto. Assim, o animal B na Figura 5-a e o animal X na Figura 5-b são eliminados, mesmo que seus desempenhos para a característica 2 sejam relativamente altos. Por outro lado, os animais A e W serão selecionados, mesmo que seus desempenhos para a característica 2 sejam baixos.

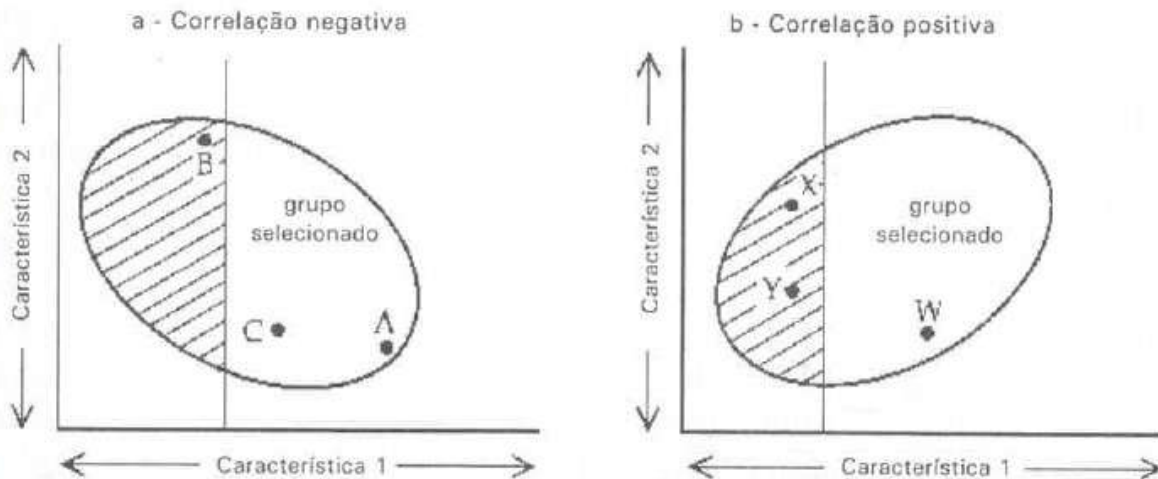


Figura 5. Método de Tandem quando há correlação negativa (a) ou positiva (b).

Com os Níveis Independentes, os níveis para seleção são determinados para cada característica, separadamente, com a restrição de que a fração total selecionada também é "p". Tal como ocorre no Método de Tandem, os animais com altas produções ou desempenhos para a característica 2, podem ser eliminados se suas produções ou desempenhos para a característica 1 forem baixos. Mas, com os Níveis Independentes, os animais com altos desempenhos para a característica 1 também podem ser eliminados se os seus desempenhos para a característica 2 forem baixos, como é o caso dos animais A e W nas Figuras 6-a e 6-b.

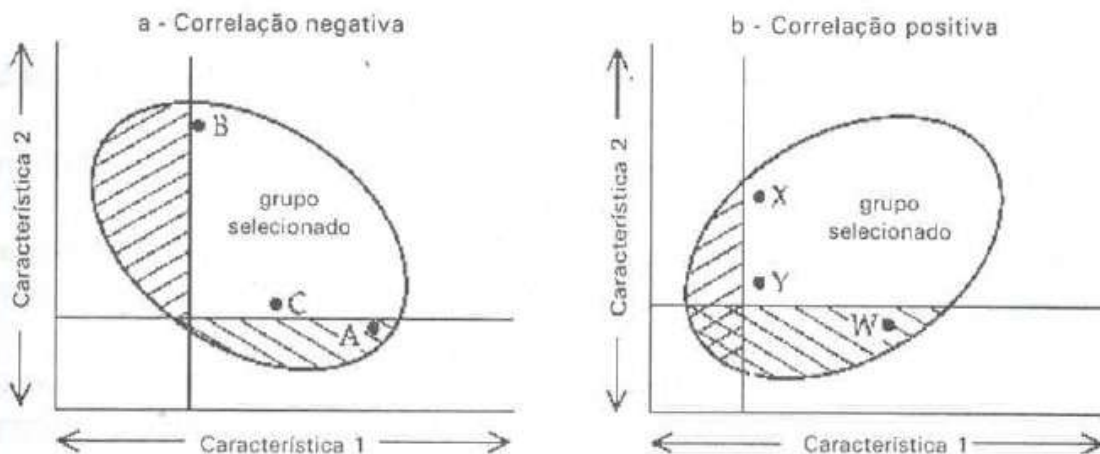


Figura 6. Método dos Níveis Independentes de Seleção quando há correlação negativa (a) ou positiva (b).

De acordo com Van Vleck et al. (1987), o método dos Níveis Independentes nunca é melhor do que o índice de seleção e nunca pior do que o Método de Tandem na resposta à seleção de valores econômicos, embora a resposta esperada possa ser igual em alguns casos.

O Índice de Seleção pondera cada característica pelo valor econômico, de tal forma que um animal com alta produção para uma característica pode ser selecionado, mesmo que o valor para outra característica seja muito baixo. Assim, os animais A e B na Figura 7-a e X e W na Figura 7-b seriam selecionados pelo Índice de Seleção embora suas produções ou seus desempenhos sejam baixos para a característica 1 ou para a 2.

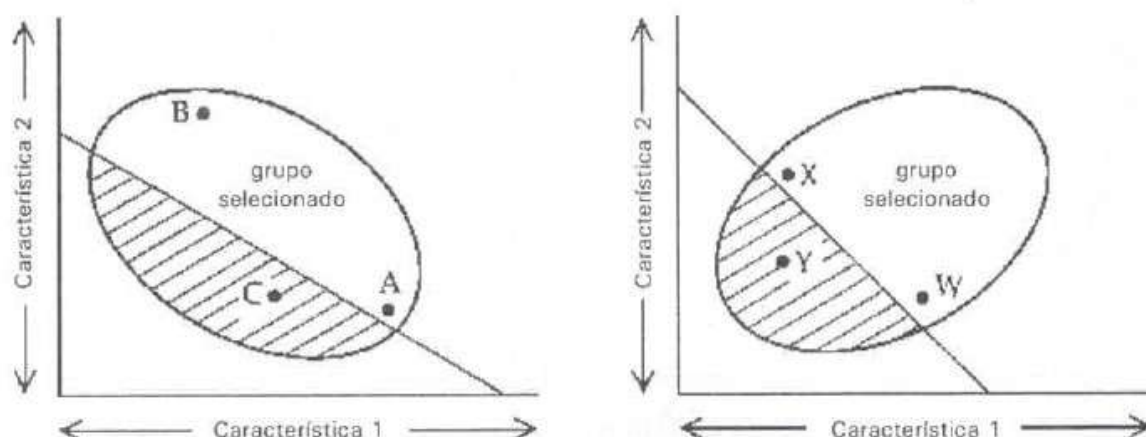


Figura 7. Índice de Seleção quando há correlação negativa (a) ou positiva (b).

5. Bibliografia consultada

- BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; VAN TASSEL, C. **A Manual for use of MTDFREML**. A set of programs to obtain estimates of variance components. Beltsville: U.S. Department of Agriculture-ARS, 1995. 115p.
- BOWMAN, J.C. **Introdução ao melhoramento genético animal**. São Paulo: EPU/EDUSP, 1981. 87p. (EPU. Temas de Biologia, 5).
- BRIQUET JUNIOR, R. **Melhoramento genético animal**. São Paulo: Melhoramentos, 1962. 269p.
- CAMPO, J.L.; OROZCO, F. **Métodos de selección para la mejora de um caracter**. Madrid: Ministério de Agricultura/Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, 1981. 43p.
- DICKINSON, F.N.; POWELL, R.L. **Genetic improvement of yield in dairy cattle**. Beltsville: U.S. Department of Agriculture/ Animal Improvement Programs Laboratory, 1984.
- DICKINSON, F.N.; POWELL, R.L.; NORMAN, H.D. An introduction to the USDA-DHIA Modified contemporary comparison. In: ESTADOS UNIDOS. Department of Agriculture. *The USDA-DHIA modified contemporary comparison sire summary and cow index procedures*. Washington, D.C., 1976. p. 1-7 (Prod. Res. Rep., 165).
- DOMMERHOLT, J. **Sire and cow evaluation programme**. Coronel Pacheco: Embrapa-Gado de Leite, 1981. 38p. (mimeo).
- EVERETT, R.W.; FRANKLIN, I. R.; HAMOND, J. In: SIMPOSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINO LEITEIRO NOS TRÓPICOS, 1., 1982, Juiz de Fora: Embrapa-Gado de Leite, 1982.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed., New York: Longman, 1992. 340p.
- GARCIA, J.A.; MILAGRES, J.C. **Melhoramento genético do gado leiteiro**. Viçosa:

- UNIVERSIDADE RURAL DO ESTADO DE MINAS GERAIS/Escola Superior de Agricultura. Imprensa Universitária, 1969. 49p.
- GIANNONI, M.A.; GIANNONI, M.L. **Genética e melhoramento de rebanhos nos trópicos**. São Paulo: Nobel, 1983. 463p.
- GILMORE, L.O. **Dairy cattle breeding**. New York: J. B. Lippincott, 1952.
- GOWEN, J.W. Studies in milk secrete on the variations and correlations of milk secretion with age. *Genetics*, Bethesda, v. 5, p.11, 1920.
- HENDERSON, C.R. **Sire evaluation and genetic trends**. In: PROCEEDINGS OF THE ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. JAY L. LUSH. Blacksburg, VA, 1972. **Proceedings...** Champaign: Amer. Soc. Anim. Sci., 1973.
- HENDERSON, C.R. **General flexibility of linear model techniques for sire evaluation**. *Journal Dairy Science*, Champaign, V. 57: 963, 1974.
- HENDERSON, C.R. **Uses of relationship among sires to increase accuracy of sire evaluation**. *Journal Dairy Science*, Champaign, v. 58, n. 11, p. 1731-1738, 1975.
- HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. Guelph: Univ. of Guelph, 1984. 423p.
- HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A. et al. Heritability of milk yield and composition at different levels and variability of production. *Animal Production*, London, v.36, n.1, p. 59-68, 1983.
- JOHANSSON, I.; RENDEL, J. **Genetics and animal breeding**. London: Oliver & Boys, 1969.
- KLASSEN, D.J.; MONARDES, H.G.; JAIRATH, L.; CUE, R. I.; HAYES, J.F. Genetic correlations between lifetime production and linearized type in Canadian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 75, n. 8, agosto, p. 2272-2282, 1992.
- LASLEY, J.F. **Genetics of livestock improvement**. 2. ed., New Jersey: Prentice Hall, 1972. 492p.
- LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: Centro de Publicações Técnicas da Aliança - USAID, 1964. 507p.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado aos animais domésticos**. Belo Horizonte: UFMG, 1983. 430p.
- PEREZ-ENCISO, M.; FERNANDO, R.L. Genetic evaluation with uncertain parentage: a comparison of methods. *Teoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 84, p. 173-179, 1992.
- POLLAK, E.J.; QUASS, R.L. Definition of group effects in sire evaluation models. *Journal Dairy Science*, Champaign, v. 66, n. 7, p. 1503-1509. 1983.
- ROBERTSON, A.; RENDEL, J. M. The use of progeny testing with A. I. in dairy cattle. *Journal of Genetics*, Bangalore, v. 50, p. 21-31, 1950.
- ROGERS, G.W.; McDANIEL, B.T. The usefulness of selection for yield and functional type traits. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 72, p.187, 1989.
- SCHAEFFER, L.R.; HENDERSON, G.R. Effects of days dry and days open on Holstein milk production. *Journal Dairy Science*, Champaign, v.55, n.1, p.107-112, 1972.
- SCHIMIDT, C.H.; VAN VLECK, L.D. **Principles of dairy science**. San Francisco: W. H. Freeman, 1974. 558p.
- THOMPSON, J.R.; FREEMAN, A.E.; BERGER, P.J. Days open adjusted, annualized,

and fat-corrected yields as alternatives to native-equivalent records. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 65, n.8, p.1562-1577, 1982.

VALENTE, J.; LEMOS, A.M.; FREITAS, A.F. et al. Desenvolvimento do Mestiço Leiteiro. 1. Vacas elites e touros em teste. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 17, n. 1, p. 143-148, 1982.

VAN VLECK, L.D. Animal model for bull and cow evaluation. In: VAN HORN, H. H.; WILCOX, C. J. *Large dairy herd management* - ADSA, Champaign, 1992. p. 8-25.

VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B. **Genetics for the animal sciences**. New York: W.H. Freeman, 1987. 391p.

Seleção: resposta correlacionada

José Valente¹

Marcus Cordeiro Durães¹

Mário Luiz Martinez¹

1. Introdução

Geralmente, o fazendeiro deseja criar animais de boa qualidade, principalmente vacas boas produtoras de leite. Para se obter vacas de alta produção de leite, o produtor precisa prever quais bezerras serão as melhores vacas no futuro. Mas, conhecer por antecipação quais serão as "*boas produtoras*", não é tão óbvio quanto parece. Em primeiro lugar, o que seria uma *boa vaca*? Algumas características abaixo relacionadas podem ajudar a definir o padrão do que seria considerado uma boa vaca (Wattiaux, 1995):

- ♦ alta produção de leite;
- ♦ alta porcentagem de gordura e/ou proteína no leite;
- ♦ longa vida produtiva (longevidade);
- ♦ bom desenvolvimento ponderal;
- ♦ ausência de problemas reprodutivos;
- ♦ boa conformação (úbere, pernas e pés etc.);
- ♦ resistência a doenças (mastite, problemas de casco, metabólicos);
- ♦ boa eficiência alimentar etc.

Uma vez definidas suas características desejáveis para uma determinada condição de meio, como saber se ela transmitirá sua capacidade de produção para a próxima geração?

Para se responder a esta pergunta, deve-se conhecer a herdabilidade dessas características. Estes parâmetros são definidos como proporção da variância do fenótipo de um animal que tem origem genética. Uma cuidadosa análise dos registros de produção de uma vaca permitirá a determinação da proporção da variação, em virtude de causas genéticas e de efeitos de natureza ambiental. No caso da produção de leite, cerca de 75% da variação entre vacas é devido às condições de ambiente, sendo a variação genética responsável por somente 25%.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – jvalente@cnpqgl.embrapa.br; dcm075@cnpqgl.embrapa.br – martinez@cnpqgl.embrapa.br

Em geral, quanto maior a herdabilidade de uma característica, maior a confiabilidade da seleção e, portanto, maior a resposta à seleção. Herdabilidade abaixo de 0,1 é considerada baixa, de 0,1 a 0,3, intermediária e acima de 0,3, alta. As características de produção geralmente possuem herdabilidade moderada, enquanto a percentagem de proteína e gordura no leite são características que apresentam alta herdabilidade. A herdabilidade da resistência à mastite e facilidade ao parto são baixas; portanto, mudanças genéticas decorrentes da seleção para estas características serão pequenas. Assim, o ganho genético pela seleção é maior nas características de moderada à alta herdabilidade.

Cada uma das características é parcialmente herdável, porém elas também são influenciadas por fatores de meio ambiente. A vaca que possui mérito genético elevado pode, entretanto, ter uma baixa produção devido a fatores como: dificuldade ao parto, período seco curto ou mastite, entre outros. A genética dá à vaca a capacidade de produzir leite, enquanto o ambiente fornece as condições para ela produzir. A produção de leite é, portanto, a soma dos efeitos do meio, da genética da vaca e da possível interação do meio com a genética (Everett et al., 1976).

O meio é freqüentemente confundido com as condições que cercam fisicamente o animal, ou seja, luz, temperatura, umidade relativa, ventilação e outras condições físicas para lhe oferecer mais conforto. Contudo, em genética, a palavra meio possui um significado muito mais amplo. Ele é a combinação de todos os fatores, exceto os de natureza genética, que afetam a expressão dos genes. Por exemplo, a produção de leite de uma vaca é afetada pela sua idade, ano e estação de parto, aspectos nutricionais e outros fatores. Portanto, vacas com qualidade genética similar produzirão diferentes quantidades de leite quando submetidas a diferentes condições de meio. A produção de leite por lactação de vacas gêmeas idênticas, quando separadas ao nascimento e submetidas a diferentes condições ambientais, poderá apresentar ampla variação na produção. Mesmo quando em fazendas diferentes numa mesma região, com diferentes níveis de manejo, as produções, provavelmente, não serão iguais (Wattiaux, 1995).

Repetibilidade é um parâmetro que pode ser estimado para uma determinada característica, mais de uma vez na vida de um animal. A lactação de uma vaca, por exemplo, pode ser medida em diferentes ocasiões e intuitivamente compreende-se que uma segunda lactação fornecerá informações que podem ser usadas em conjunção com a primeira, para melhor avaliar o mérito genético de um animal. Contudo, o valor de registros múltiplos de um animal reduz de importância à medida que seu número aumenta. Quando a medida de uma característica pode ser repetida num animal em diferentes ocasiões, o efeito genético e permanente do meio não muda, exceto as condições temporárias de meio, como por exemplo: mastite e dificuldade de parto, que podem variar de um registro para outro. Medidas repetidas tendem a cancelar os efeitos temporários de meio ambiente que afetam uma lactação individual. Assim, a repetibilidade pode ser definida como uma correlação entre dois registros (Ex.: produção de leite na primeira e segunda lactação) de um mesmo parâmetro para o mesmo animal. A repetibilidade pode variar de zero, em que não há relação entre medidas repetidas da característica, e um, em que a expressão repetida de uma característica é virtualmente constante. Por exemplo, a repetibilidade do número de serviços exigido para uma vaca tornar-se gestante ou de um parto para o próximo é praticamente zero. Isto quer dizer que o número de serviços para uma vaca ficar prenhe em um ciclo particular de gestação não tem nenhum valor

para predizer quantos serviços serão necessários para a próxima gestação. Ao contrário, a produção de leite tem repetibilidade em torno de 50%, significando que uma vaca primípara com alta produção na primeira lactação tenderá a uma alta produção também na segunda (Powell, 1981).

O objetivo do presente capítulo é apresentar uma discussão sobre o estudo das respostas correlacionadas e sua influência na melhoria genética do rebanho leiteiro.

2. Considerações gerais

A produção de leite e o ciclo reprodutivo de um animal são altamente interligados. A concepção deve ocorrer entre 80 e 90 dias após o parto para se manter um intervalo de partos de 365 dias. Um maior intervalo de partos, 14 meses, ou um pouco a mais, seria aceitável somente para vacas que produzem uma grande quantidade de leite, ou seja, acima de 9.000 kg de leite por lactação em até 305 dias. Quando isto ocorre, as vacas geralmente deverão ser mantidas em produção por um período de um ano. Para maximizar a produtividade do animal, além das características produtivas, a saúde do animal, a reprodução, o peso e a conformação deverão ser levadas em consideração. Todavia, algumas características são de baixa herdabilidade e, portanto, a seleção não é eficiente. Mesmo assim, o produtor pode obter sucesso pela implementação de um bom manejo e melhorias gerais das condições do meio.

A intensidade de seleção aumenta rapidamente quando a percentagem selecionada decresce. Assim, o melhorista prático pode fazer muito para aumentar o ganho genético, aumentando a intensidade de seleção. Isso requer um custo adicional cujo limite é fixado primariamente por fatores de manejo relacionados com as taxas de descartes (voluntários e involuntários), intervalo de partos, taxa de mortalidade e taxa de prenhez.

Nos rebanhos bem manejados, cerca de 70% das vacas devem ser escolhidas como mães da geração seguinte. A seleção dessas vacas não pode ser intensiva. Num rebanho estabilizado, o fazendeiro pode aplicar uma certa pressão de seleção eliminando as piores produtoras do rebanho a cada ano. Entretanto, quando o rebanho ainda está em expansão, ou quando é manejado de forma inadequada e com problemas reprodutivos, ele não contará com animais suficientes para reposição e, portanto, não terá chances de melhorar o rebanho por meio da seleção de suas vacas. Deste modo, todas as vacas e quase todas as novilhas serão necessárias para manter ou aumentar o rebanho.

No entanto, num rebanho já estabilizado, as vacas escolhidas para mães de tourinhos, assim como a seleção dos próprios reprodutores com base no desempenho produtivo de suas filhas, podem ser feito intensivamente. Os pais de tourinhos, avaliados pela progênie nas companhias de inseminação artificial, usualmente, pertencem a um grupo de animais altamente selecionados, escolhidos entre os 5% da população de diversos rebanhos. Portanto, grande parte do progresso genético alcançado provém destes touros altamente selecionados, que devem ser usados na inseminação artificial. Muito pouco do ganho genético pode ser obtido pela seleção de vacas dentro de um rebanho.

A capacidade prevista de transmissão (PTA) de um touro é a estimativa do seu mérito genético. O conceito de PTA é muito importante por direcionar a escolha de animais avaliados pela sua capacidade de produção.

O desempenho produtivo de qualquer novilha contém um componente imprevisível, em razão de todo animal receber diferentes combinações de genes provenientes tanto do pai como da mãe. A chance determina, no momento da fertilização, o mérito real de um animal. O desempenho produtivo das filhas de um touro "A", com PTA de 1.000 kg ou das filhas de um touro "B", com PTA igual a 0 kg, é distribuído conforme uma curva normal. Deve-se levar em conta que algumas filhas do touro "A", com PTA de 1.000 kg, podem ter o mérito genético abaixo daquelas do touro "B", com PTA de 0 kg. O importante é salientar que as filhas do touro "A" produzirão, em média, mais leite do que as filhas do touro "B". Usualmente, são necessárias pelo menos 50 filhas, para se obter uma estimativa aceitável da PTA de um touro.

A PTA é utilizada para classificar os animais com base no seu mérito genético. Um touro que tenha PTA para leite superior ao de outro touro pode ter algumas filhas com produção inferior a este, mas a produção média de todas as suas filhas será, certamente, superior. Por outro lado, a produção de leite de algumas filhas de um touro com baixa PTA pode ser tão alta quanto à produção de leite de filhas de um outro touro com alta PTA para esta característica.

A base genética é um ponto de referência usado para avaliar o mérito genético de animais para uma dada característica. Todos os valores de PTA são expressos como desvios da base genética. A base é estabelecida equalizando a capacidade média de transmissão a zero para um grupo de animais. Por exemplo, nos Estados Unidos, até 1994, a PTA para a produção de leite foi equalizada a zero para todas as vacas nascidas em 1985 e ainda em produção em 1990. Existe, naturalmente, uma base para cada uma das características e para cada uma das raças.

A princípio, não haveria necessidade de mudar a base genética. Todavia, quando há progresso genético, as PTAs continuam aumentando. Usualmente, a base genética é atualizada para ajustar a estimativa dos valores genéticos dos animais a uma população representativa da condição atual. A comparação entre dois touros torna-se mais fácil, atualizando a base periodicamente. Por exemplo, em relação à base anterior, as PTAs para leite de dois touros poderia ser + 3.680 kg e + 4.190 kg. Admitindo-se um ajustamento na base de 3.500 kg, as PTAs dos mesmos touros seriam + 180 kg e + 690 kg, portanto, dois valores facilmente comparáveis (Wattiaux, 1995).

A frequência de mudança na base varia de um país para outro. Alguns países, por exemplo, o Canadá, mudam a base anualmente, e nos Estados Unidos a base é mudada a cada cinco anos. Em 1984, a base genética para a produção de leite foi aumentada em 443 kg. Em janeiro de 1995, a base genética foi modificada novamente em cerca de 450 kg de leite. As vacas nascidas em 1990 assumiram a base genética igual a zero (Wattiaux, 1995).

A mudança na base genética não afeta o valor genético de um animal. Quando muda a base genética, simultaneamente mudam também os valores da PTA para todas as vacas e touros. A diferença entre animais permanece, a despeito da mudança da base genética. Uma base genética atualizada inclui animais do mais alto padrão genético. Portanto, alguns animais positivos anteriormente, podem tornar-se

negativos após a atualização da base genética. O valor real do animal não muda, o que muda é somente o ponto de referência em que as diferenças são calculadas. Quando a base genética é aumentada por certo valor, os valores de PTA para todos os animais são reduzidos pelo mesmo valor.

3. Fundamentos teóricos de resposta correlacionada

Nos estudos genéticos é importante distinguir duas causas de correlação, ambiental e genética, entre caracteres. A principal causa de correlação genética é a pleiotropia, uma vez que a ligação dos genes é a causa de correlação transitória ocasionada pelo cruzamento de linhagens divergentes. Pleiotropia é a propriedade de um gene afetar dois ou mais caracteres, de tal maneira que se um gene for segregado causará variação simultânea na característica que ele afeta. Por exemplo, os genes para o aumento da taxa de crescimento causarão aumento do peso e da estatura, e, portanto, causarão correlação entre estas duas características. Todavia, genes que produzam aumento de peso sem aumentar a estatura não estão correlacionados. Assim sendo, a pleiotropia nem sempre possibilitará correlações detectáveis. A maioria dos genes apresenta efeitos pleiotrópicos, isto é, a seleção para uma característica pode causar mudanças genéticas e fenotípicas em outras, se elas forem correlacionadas. Portanto, características correlacionadas são de interesse por três razões:

- ♦ pela conexão com as causas de correlação genética efetuada pela ação pleiotrópica dos genes (pleiotropismo é uma propriedade comum dos genes principais);
- ♦ pela conexão com as mudanças causadas pela seleção. É importante saber se a mudança em um caracter causará, simultaneamente, efeito em outro;
- ♦ pela conexão com a seleção natural.

O meio é a causa de correlação quando duas características são influenciadas pelas mesmas diferenças ambientais. A correlação resultante de causas ambientais produz um efeito geral sobre todas as condições de meio e, de certa forma, tende a causar uma correlação positiva em alguns casos e negativos em outros.

A estimativa da correlação genética é baseada na semelhança entre parentes como os irmãos-completos, meio-irmãos, pai-filho, mãe-filha etc.

Um aspecto importante neste tema refere-se à resposta correlacionada à ação da seleção. Por exemplo, se o caráter X for selecionado, qual será a mudança no caráter Y? A resposta esperada de um caráter Y, quando se aplica a seleção no caráter X pode ser estimada da seguinte maneira: a resposta do caráter X, ou seja, o caráter diretamente selecionado, é equivalente à média do valor genético dos indivíduos selecionados. Portanto, a mudança no caráter Y é estimada pela regressão do valor genético de Y sobre o valor genético de X:

$$b_{(A) YX} = \text{cov}_A / \sigma_{AX}^2 = r_A \sigma_{AY} / \sigma_{AX}$$

A resposta para o caráter X, diretamente selecionado ($R = i h \sigma_A$), pode ser representado como:

$$R_X = i h_X \sigma_{AX}$$

Portanto, a resposta correlacionada (CR) do caráter Y é:

$$\begin{aligned} CR_Y &= b_{(A)YX} R_X \\ &= i h_X \sigma_{AX} r_A \sigma_{AY} / \sigma_{AX} \\ &= i h_X r_A \sigma_{AY} \end{aligned}$$

Fazendo $\sigma_{AY} = h_Y \sigma_{PY}$, a resposta correlacionada se torna igual a:

$$CR_Y = i h_X h_Y r_A \sigma_{PY}$$

Portanto, a resposta de uma característica correlacionada pode ser prevista se a correlação genética e a herdabilidade das duas características forem conhecidas.

3.1 Resposta correlacionada

Se um criador selecionar uma característica e ignorar uma segunda, esta também sofrerá alguma mudança de acordo com o grau da correlação genética existente entre elas.

A correlação entre duas características mede a tendência de variarem numa mesma direção (correlação positiva) ou em direção oposta (correlação negativa). A correlação pode ser determinada entre duas características quaisquer (escore de tipo, percentagem de proteína, taxa de concepção, peso etc.). Algumas correlações são mais úteis que outras. Em geral, a correlação entre características de importância econômica são essenciais para:

- ♦ prever a mudança em uma característica em resposta à seleção de outra;
- ♦ determinar a viabilidade de selecionar simultaneamente para características múltiplas;
- ♦ antecipar os resultados de um programa de seleção.

O coeficiente de correlação é um número que varia de -1 a +1. Quando se interpreta o coeficiente de correlação entre duas características, deve-se considerar: a) o sinal (positivo ou negativo) indicará se duas características tendem a variar na mesma direção ou em direções opostas; b) a magnitude da correlação indica o grau da mudança numa característica em resposta à seleção aplicada em outra.

Segundo Wattiaux (1995), o coeficiente de correlação pode ser interpretado da seguinte maneira:

- ♦ de 0,7 a 1,0 as características sofrerão mudanças na mesma direção;

- ♦ de 0,35 a 0,7 as características mudaram, em certo grau, numa mesma direção;
- ♦ de -0,35 a 0,35 as características mudaram, de forma independente;
- ♦ de -0,7 a -0,35 as características mudaram, em certo grau, em direção oposta;
- ♦ de -1 a -0,7 as características sofrerão mudança em direção oposta.

A correlação entre produção de leite e ingestão de alimentos é fortemente positiva. Duas vacas selecionadas para produzir mais leite tendem a consumir maior quantidade de alimentos. Por outro lado, a correlação negativa entre a produção de leite e percentagem de gordura dificulta a seleção de vacas para o aumento simultâneo da produção de leite e alta percentagem de gordura. Na realidade, ao selecionar vacas para alta percentagem de gordura ou alta percentagem de proteína no leite, o produtor teria animais com menor produção de leite comparados com aqueles selecionados unicamente para alta produção de leite. A correlação próxima a zero indica que duas características não são relacionadas, ou seja, são independentes.

Uma característica qualquer pode sofrer incremento positivo quando a seleção for eficiente. Por exemplo, a seleção para conversão alimentar é difícil de realizar, porém, a seleção para o ganho de peso é relativamente fácil e barata. Ora, existem estudos que indicam a correlação entre o ganho de peso, peso final e conversão alimentar, mostrando que os animais submetidos a uma dieta balanceada e que ganham mais peso em menos tempo, têm melhor conversão alimentar. Neste caso, faz-se uma seleção para ganho de peso e identificam-se os animais que tiveram melhor conversão alimentar, indiretamente.

Segundo Wilcox (1992), as correlações genéticas entre produção de leite e características de tipo geralmente são baixas. Por isso, é importante que o criador examine com cuidado as correlações, visto que as pesquisas recentes mostram a existência de correlação genética negativa entre produção de leite e algumas características de tipo. Por exemplo, a correlação genética da produção de leite e inserção e comprimento do úbere anterior foi de -0,3. Existe uma correlação genética positiva entre característica leiteira e produção de leite (0,4). Todavia, o autor sugere precaução na interpretação. Uma vaca produz mais leite em razão de ter boa caracterização leiteira, ou ela tem boa caracterização leiteira em razão de produzir mais leite? A causa e o efeito desta relação não são claros.

Após definir que características incluir em um programa de seleção, deve-se considerar as correlações genéticas que existem entre elas. Encontra-se na Tabela 1 a média de seis características de dez touros.

Por exemplo, na primeira linha é mostrado que a média da PTA para leite é igual a 1.031 kg, porém esses touros escolhidos pela produção de leite possuem os valores médios de PTA 1,03 para tipo, -0,06% e 32 kg para porcentagem e produção de gordura e -0,04% e 28,4 kg para porcentagem e produção de proteína, respectivamente. Na diagonal da Tabela 1 são mostrados que as mais altas PTAs para uma determinada característica são obtidas pela seleção para uma característica em particular. Contudo, a correlação também mostra que a mudança em outras características é, às vezes, significativa. A seleção para a produção de leite (linha 1 da Tabela 1) está associada à PTA de produção de proteína, 28,4 kg, ou seja,

apenas 1,7 kg abaixo do que poderia ser obtido se a seleção fosse baseada diretamente para a produção de proteína (30,1 kg).

Uma outra observação importante: colocar toda pressão de seleção na percentagem de gordura faria com que fossem escolhidos os touros com as mais altas PTAs para a produção de gordura (34 kg), mas provocaria um incremento menor na produção de leite (a média da PTA = 596 kg).

Tabela 1. PTA média dos touros classificados entre os dez melhores para várias características entre os touros disponíveis nos Estados Unidos em janeiro de 1995.

Linha número	Base da seleção	PTA média dos touros selecionados					
		Leite (kg)	Tipo (escore)	Gordura (%)	Proteína (kg)	Gordura (kg)	Proteína (%)
1	Produção de leite (kg)	1031	1,03	-0,06	28,4	32,0	-0,04
2	Escore de tipo	812	2,40	-0,03	23,3	25,7	-0,02
3	Percentual de gordura	596	0,57	0,12	22,8	34,0	0,04
4	Kg de proteína	928	1,05	-0,01	30,1	33,0	0,01
5	Kg de gordura	831	0,93	0,08	26,6	38,4	0,01
6	Percentual de proteína	587	0,38	0,10	24,9	31,2	0,07

Fonte: *SIRE'S Summaries*, 1995.

Por outro lado, caso enfatizada a seleção em quilogramas de gordura, os touros escolhidos terão PTA positiva para percentagem de gordura (0,078) e PTA para leite de 831 kg.

Porém, de acordo com Monardes et al. (1990), estudos realizados no Canadá indicam que os criadores de gado leiteiro focalizam simultaneamente diversas características de interesse econômico quando desenvolvem um programa de melhoramento genético de bovinos leiteiros. Segundo esses estudos, são utilizadas cinco características de produção (produção de leite em 305 dias, produção de gordura e proteína e percentagem de gordura e proteína), 29 características de conformação, e cinco características auxiliares (facilidade ao parto direto e maternal, velocidade à ordenha, vida produtiva, e escore de contagem de células somáticas). Com o passar do tempo, existem informações que relatam a tendência de se aumentar o número de características a serem incluídas em um programa de seleção.

Dai, a importância do selecionador conhecer os valores das correlações entre as características de interesse econômico e a resposta à seleção quando esta é praticada para uma característica geneticamente correlacionada com outra. Os efeitos podem ser positivos e a resposta ser eficiente quando as estimativas de correlações genéticas são altas.

4. Características que devem entrar em programa de melhoramento

Os criadores geralmente se preocupam com a aparência do animal, e nos Estados Unidos isto vem acontecendo há mais de cem anos. A pressuposição dos criadores é que exista relação entre a aparência do animal e o seu desempenho produtivo. O desempenho significa maior produção de leite e longevidade. Existem

poucas pesquisas em que a aparência do animal, a qualidade do leite e o desempenho reprodutivo estejam relacionados.

O escore de tipo depende de sua aparência no momento da avaliação, e, logicamente, o escore varia de acordo com o classificador, idade da vaca, estágio de lactação e gestação, e outros fatores temporários. O escore não é perfeitamente repetível, pois flutua para uma mesma vaca. Pesquisa realizada em 1957 citada por Wilcox (1992), e não repetida até o momento, parece ainda ser verdadeira: três classificadores profissionais deram escores de tipo a vacas, a cada seis meses, simultaneamente, independentemente um do outro. O escore final foi altamente repetível; a correlação entre os três classificadores para a mesma vaca, ao mesmo tempo, foi de 0,69. Houve uma concordância maior entre os classificadores quanto à garupa, pois a correlação fenotípica foi de 0,75. A variabilidade foi maior entre os classificadores em relação ao úbere visto por de trás (0,54), pernas e pés (0,55), caracterização leiteira (0,56) e inserção do úbere anterior (0,57). No período da avaliação, os classificadores foram informados sobre a idade do animal, a ordem de lactação; todavia, não foram informados sobre a classificação já realizada, nem qual o pai da vaca ou sobre a produção de leite. Após ajustar os escores por tempo, idade, classificador e estágio de lactação, a repetibilidade continuou baixa. Isto significa que o animal muda suas características fenotípicas com o tempo.

Por outro lado, sabe-se que quando a seleção é realizada para mais de uma característica, o ganho genético é menor do que quando a seleção é feita em uma única. No entanto, mais de uma característica é freqüentemente desejável. Todavia, se forem selecionadas mais do que quatro ou cinco características ao mesmo tempo, a taxa de ganho genético será reduzida consideravelmente. Na Tabela 2 observa-se a redução do ganho genético relativo quando se adicionam várias características em um programa de seleção. Por exemplo, se a decisão for baseada em duas características, o progresso genético de qualquer umas delas será somente 71 % do progresso possível de ser obtido se apenas uma delas fosse selecionada por vez.

Contudo, usualmente, o criador prefere fazer um programa de melhoramento levando em conta características múltiplas. Daí a importância de avaliar as respostas correlacionadas em virtude das interferências possíveis de ocorrer pelos acasalamentos realizados com o objetivo de se aumentar a produção de leite.

O que aconteceria se fosse realizada a seleção para aumentar a produção de leite selecionando-se outras características produtivas de interesse econômico, por exemplo, percentagem de gordura e proteína? Se enfatizadas estas três características, o que seria esperado em relação à longevidade do animal ou em relação a características morfológicas, como, por exemplo, úbere, pernas e pés?

Tabela 2. Ganho genético relativo quando se aumenta o número de características em um programa de seleção.

	Número de características						
	1	2	3	4	5	6	7
Ganho relativo	100	71	57	50	45	41	38

5. Características de tipo

Entre as características de tipo, das mais citadas, refere-se ao tamanho do animal. Alguns catálogos tecem comentários sobre a estatura do animal. O tamanho do animal inclui informações sobre peso corporal e estatura. Existe uma correlação positiva entre o peso e estatura. Frequentemente, o animal maior tende a ser mais pesado.

Alguns países, como a Nova Zelândia, cuja produção de leite é realizada principalmente a pasto, como também acontece nos países do Mercosul (Argentina, Brasil, Uruguai) e Chile, a preferência dos produtores tem sido por vacas de menor porte comparadas com as vacas criadas nos Estados Unidos, Canadá e Holanda.

O peso da novilha, melhor do que a idade, determina quando ocorre a puberdade e o início da manifestação dos sinais do cio. Os primeiros sinais do cio, normalmente, aparecem, quando a novilha alcança cerca de 40% do seu peso à idade adulta. Nas novilhas bem alimentadas o cio ocorre aos 11 meses de idade. Porém, a alimentação inadequada de bezerras e novilhas pode causar um atraso no desenvolvimento ponderal e, conseqüentemente, atrasar a maturidade sexual, impedindo a manifestação do cio. Após a puberdade, as novilhas quando subnutridas cessarão a manifestação do cio.

Em uma novilha bem desenvolvida da raça Holandesa, a puberdade ou o começo da maturidade sexual ocorre aproximadamente aos dez meses de idade, porém, em regiões tropicais, a puberdade de uma fêmea da raça Holandesa pode ocorrer um pouco mais tarde, normalmente em torno de 14 meses. Após o início do ciclo estral, a novilha manifesta os sinais externos do estro a cada 21 dias. A novilha deveria ser coberta (inseminada) aproximadamente aos 15 a 16 meses de idade para parir com a idade de 24 a 25 meses. As novilhas que não alcançarem um tamanho adequado e desenvolvimento físico para serem cobertas aos 15 meses de idade e aquelas que não reproduzirem dentro dos parâmetros especificados, serão os animais responsáveis por uma substancial perda econômica.

Outros estudos foram realizados para determinar se as vacas maiores são economicamente mais eficientes levando-se em conta as despesas com alimentação (Freeman, 1981; Wattiaux, 1995). Nesses estudos, em que foi medido o consumo de matéria seca e fixaram-se a produção de leite, percentagem de gordura e variando-se o peso do animal, concluíram-se que as vacas de alta produção e de maior tamanho levaram vantagens pela sua capacidade de ingerir maior quantidade de alimentos volumosos em relação às vacas de alta produção, porém de menor peso. Quando o volumoso era produzido na própria fazenda, ou subprodutos alimentares (resíduos de indústrias) estavam disponíveis e a baixo preço, houve vantagem evidente para selecionar as vacas de maior porte. Esta vantagem era invertida, mas não completamente, quando os alimentos concentrados eram mais baratos em relação aos volumosos. Portanto, quanto maior o potencial de produção, mais importante se torna o peso corporal.

Pesquisa realizada por Schneider et al. (1981) descreveu o padrão de desenvolvimento corporal de novilhas da raça Holandesa, nos Estados Unidos, avaliando o peso e altura, e concluíram que, aos 24 meses, o peso ideal após o parto seria de 526 ± 66 kg e altura, tomada na cernelha, de 132 ± 6 cm em rebanhos com produção média de 7.264 kg/ 305 dias. Entretanto, recentemente,

alguns estudiosos sugeriram o peso de 622 a 663 kg tomado até dez dias antes do parto para as vacas de primeira cria com idade média de 24,6 meses. O peso, tomado sete dias após o parto, foi de 88 a 90% do observado anteriormente. O peso de 622 kg pré-parto foi considerado como o ideal levando-se em consideração a idade de primeiro parto de 22 a 24 meses. No Brasil, estudos realizados por pesquisadores da Embrapa Gado de Leite mostraram que as novilhas da raça Holandesa ao primeiro parto pesaram, aos 24 meses de idade, em torno de 500 kg, portanto, abaixo do peso recomendado nos países de regiões temperadas da América do Norte. A altura e peso de diferentes raças européias especializadas na produção de leite é mostrada na Tabela 3.

Tabela 3. Pesos e alturas do corpo para as raças leiteiras durante o crescimento.

Idade (meses)	Holandesa (1)		Ayrshire (2)		Jersey	
	Peso (kg)	Altura (cm)	Peso (kg)	Altura (cm)	Peso (kg)	Altura (cm)
Nascimento	38-45	74-76	30-49	66-69	23-27	63-66
03	102-119	89-94	92-106	89-94	70-80	81-86
06	167-195	101-107	166-199	102-107	118-146	91-98
12	299-345	118-123	261-306	116-121	209-249	107-112
18	420-481	127-132	390-454	127-133	290-342	115-119
24	522-612	133-143	465-534	132-138	359-409	122-126

(1) Pode ser apropriado para a raça Suíça Parda.

(2) Recomendado também para a raça Guernsey.

Fonte: Head (1992).

5.1 Tipo funcional: as características de tipo associadas à longevidade

O tipo funcional é um termo que foi atribuído recentemente para se referir à conformação do corpo animal associado com a produção durante a sua vida produtiva. O tipo funcional pode diferir do tipo convencional "ideal" de conformação do animal, que pode ser de grande valor para os criadores que possuem animais que têm altos escores de tipo, são premiados nas boas exposições e são vendidos como animais selecionados.

Em geral, características de conformação prenunciam pouca confiabilidade para determinar a longevidade. A pesquisa tem demonstrado que as informações de produção são superiores as de tipo, para determinar a longevidade dos animais (Martin, 1992; Nieuwhof et al., 1989; DeLorenzo e Everett, 1996). Portanto, a seleção de um touro deve ser, em primeiro lugar, baseada nas informações de produção e, em seguida, nas características de conformação. Na realidade, a longevidade seria automaticamente selecionada quando se usa um índice de seleção, eliminando-se os touros com baixa PTA para produção e, obviamente, excluindo-se touros com pontos fracos relativos à conformação.

5.2 Características de úbere

De todas as características de conformação, as de úbere, em particular, a colocação das tetas, profundidade de úbere e ligamento do úbere anterior, são as

mais importantes características associadas à longevidade (Dentine et al., 1987; Everett et al., 1976; Martin, 1992; Rogers et al., 1988). Essas pesquisas têm mostrado que as vacas com profundidade de úbere intermediária permanecem no rebanho por mais tempo, quando comparadas com as vacas com o úbere muito profundo e/ou rasos. Provavelmente, as vacas de úbere rasos são piores produtoras e aquelas com o úbere muito profundo, possivelmente, adquirem mais facilmente mastite e danos.

5.3 Pés e pernas

A despeito de que muitos produtores enfatizam os pés e as pernas, o estudo do desempenho produtivo durante a vida sugere que as características de pés e pernas têm um impacto muito menor do que aquelas ligadas à produção e úbere.

5.4 Vacas grandes x vacas pequenas

Em geral, o tamanho das vacas tem aumentado ao longo dos últimos 25 anos, principalmente nos Estados Unidos. As vacas maiores consomem mais matéria seca e produzem mais. Entretanto, tamanho grande não está altamente associado à produção de leite. Em outras palavras, seleção para produção de leite não necessariamente aumenta o tamanho do corpo. De fato, um projeto de pesquisa iniciado em 1968, desenvolvido nos Estados Unidos por Freeman (1981), mostrou que o ganho genético para a produção de leite foi mais rápido nas vacas de tamanho menor do que naquelas maiores. Além disso, as vacas maiores ingerem maior quantidade de matéria seca para a manutenção. Portanto, quando a produção de leite é igual, as vacas menores são mais eficientes que as maiores.

6. Contagem de células somáticas

Estudos realizados nos Estados Unidos e Canadá informam que a contagem de células somáticas (CCS) tem sido referenciada como uma característica indicadora para se alcançar o melhoramento genético para a resistência à mastite. A herdabilidade da CCS varia de 10 a 16% e a correlação genética entre esta característica e mastite clínica varia de 0,6 a 0,8. A seleção para abaixar a CCS é consistente com o objetivo de maximizar os ganhos no melhoramento genético para o mérito econômico total. Recentes trabalhos de pesquisa realizados nesses países têm demonstrado a possibilidade de se fazer a seleção indireta para reduzir a mastite bovina devido à relação entre características desejáveis de tipo, principalmente de úbere com a menor CCS (Monardes et al., 1990; Rogers et al., 1991).

À medida que a produtividade dos rebanhos leiteiros no Brasil aumenta pela melhoria genética e do meio, os problemas ligados à saúde necessitam ser estudados com maior profundidade, visto que os animais tornam-se mais suscetíveis a contrair algum tipo de doença, principalmente a mastite.

Resultados de diversos estudos indicaram que existe variabilidade entre vacas causada pela resistência natural em relação à suscetibilidade para contrair

infecções nos úberes. A dificuldade maior que os pesquisadores encontraram neste campo tem sido a definição clara e transparente sobre a característica que deve ser selecionada, já que a mastite é uma doença complexa, com vários graus de severidade e também por ser causada por vários agentes. Contudo, a CCS em amostras do leite tem sido largamente aceita como uma ferramenta eficiente para monitorar a saúde da glândula mamária e sua determinação é fácil de ser realizada e barata se comparada aos tratamentos clínicos de mastites e, além do mais, revela a existência de inflamações subclínicas. Este novo enfoque abre a possibilidade para o melhoramento genético por meio de programas de seleção, focalizando a resistência à mastite.

Estudos recentes têm demonstrado a possibilidade de se fazer a seleção indireta para resistência à mastite bovina devido à relação entre características desejáveis de tipo, principalmente de úbere com a CCS. Isto é possível em virtude de respostas de características geneticamente correlacionadas.

7. Bibliografia consultada

DeLORENZO, M.A.; EVERETT, R.W. Prediction of sire effects for probability of survival to fixed ages with a logistic linear model. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 69, p. 501, 1986.

DENTINE, M.R.; McDANIEL, B.T.; NORMAN, H.D. Evaluation of sires for traits associated with herd life of grade and registered Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 70, p. 3071, 1987.

EVERETT, R.W.; KEOWN, J.F.; CLAPP, E.E. Relationships among type, production and stayability in Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 59, p.1505-1510, 1976.

FREEMAN, A.E. Breeding inputs to managerial goals in dairy production. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 64, p. 2195-2112, 1981.

HEAD, H.H. Heifer performance standards: rearing systems, growth rates and lactation. In: Van HORN, H.H.; WILCOX, C.J. *LARGE dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p.422-433.

MARTIN, T.G. Production and longevity of dairy cattle. In: Van HORN, H.H.; WILCOX, C.J. *LARGE dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p. 50-58.

MONARDES, H.G.; CUE, R.I.; HAYES, J.F. Correlations between udder conformation traits and somatic cell counts. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, n. 5, p. 1337-1342, 1990.

NIEUWHOF, G.J.; NORMAN, H.D.; DICKINSON, F.N. Phenotypic trends in herd life of dairy cows in the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 72, p. 726, 1989.

POWELL, R.L.; NORMAN, H.D. Changes in predicted difference milk with increased repeatability. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 64, p. 1972-1977, 1981.

ROGERS, G.W.; HARGROVE, G.L.; LAWLOR Jr., T.J.; EBERSOLE, J.L. Correlations among linear type traits and somatic cells count. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 74, n. 3, p. 1087-1091, 1991.

ROGERS, G.W.; McDANIEL, B.T.; DENTINE, M.R.; FUNK, A.D. Relationship among survival rates, predicted differences for yield and linear traits. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 71, p. 214-224, 1988.

SIRES Summaries, 1995: with linear type evaluations. Brattleboro: Holstein Association USA, 1995. 2v.

SCHNEIDER, F.; SHELFORD, J.A.; PETERSON, R.G.; FISHER, L.J. Effects of early and late breeding of dairy cows on reproduction in current and subsequent lactation. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.64, n. 10, p. 1996-2004, 1981.

WATTIAUX, M.A. Reproduction and genetic selection. In: *TECHNICAL dairy guide*. Madison: University of Wisconsin, 1995. p. 111-145.

WILCOX, C.J. Growth, type, and dairy beef. In: Van HORN, H.H.; WILCOX, C.J. *LARGE dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p.36-41.

Raças e tipos

Nilson Milagres Teixeira¹

1. Introdução

O produtor de leite de hoje possui um número variado de raças e/ou tipos de animais de onde escolher, especialmente se ele puder usar inseminação artificial. Uma escolha adequada deverá associar o potencial genético ao sistema de produção, isto é, aos recursos disponíveis em sua fazenda. As condições existentes para produção (alimentação, instalações, estrutura para inseminação etc.) e de mercado do leite, bem como as tendências no consumo de leite e de carne são fatores que podem interferir na escolha. Além disso, os preços recebidos na comercialização do leite e/ou derivados e os custos de produção são também fatores importantes.

Neste capítulo procura-se informar, de maneira sucinta, sobre os recursos genéticos utilizados no País.

2. O conceito de raças

Uma população de animais domésticos é uma raça, (a) quando eles possuem características que a identifica, ou (b) quando existe uma associação formal de criadores ou (c) quando certos representantes do governo afirmam que a população é uma raça (Lerner & Donald, 1966). Segundo esses autores, estes requisitos não são independentes um do outro e não têm nada a ver com o desempenho, adaptação ao local, demanda do mercado, a despeito do fato de as raças existentes serem descritas freqüentemente nestes termos.

As raças dentro de uma mesma espécie diferem geneticamente por terem iniciado de grupos diferentes de ancestrais, ou pelo fato de terem sido selecionadas com diferentes propósitos. Além disso, a uniformidade dentro das raças para características externas foi obtida por meio de consangüinidade nos primeiros estágios de formação e pela seleção para "tipo".

A maioria das raças é facilmente distinta pelo tamanho e cor dos animais, entretanto, a definição genética de uma raça não é uma tarefa simples, exceto para algumas características controladas por poucos genes. Quando se consideram características econômicas, para as quais estão envolvidos muitos genes, há muita variação entre e dentro de raças.

McDowell (1972) referiu-se a um grupo de animais como pertencente a um tipo biológico quando são distintos por alguns caracteres fenotípicos, e a uma raça quando apresentam padrões específicos de características.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – nilson@cnpqgl.embrapa.br

3. Raças e/ou tipos

3.1 Gado "Comum" e/ou Azebuado

Em geral, possui potencial limitado para produção de leite, apresentando, entretanto, variabilidade genética para a maioria das características de importância econômica e oportunidade para seleção, porém o progresso pela seleção é lento. Além disso, não são capazes de melhorar suas produções com a melhoria do nível de alimentação. São úteis para cruzamentos em vista de sua adaptação às condições adversas do meio ambiente. Existe, entretanto, tendência de desaparecerem.

3.2 Raça Caracu

Um exemplo de raça brasileira, originada de acasalamentos de diversos tipos ibéricos nos séculos XVI e XVII é a raça Caracu. Na Figura 1 tem-se uma vaca desta raça. Em 1981 foram identificados 32 rebanhos nos Estados de Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais e Mato Grosso. Em regime de pasto, o peso médio das vacas varia entre 550 a 650 kg, chegando até 750. Os touros pesam em torno de 1.000 kg, variando de 930 e 1.200 kg. Médias de produção e período de lactação de um rebanho selecionado para leite, desde 1893, no sul de Minas encontram-se, por ordem de lactação, na Tabela 1.



Figura 1. Vaca Caracu.

Tabela 1. Produção de leite em bovinos nativos da raça "Caracu Caldeano" *.

Ordem de lactação	Nº de observações	Período	Produção de leite	Período de lactação
1ª	2.846	1955 - 1980	1.536 ± 408	316 ± 43
2ª	2.277	1955 - 1980	1.736 ± 430	304 ± 43
3ª	1.702	1957 - 1980	1.909 ± 430	279 ± 43
4ª	1.272	1958 - 1980	1.886 ± 445	295 ± 43
5ª	1.018	1950 - 1980	1.950 ± 457	298 ± 40
Média	11.068	1955 - 1980	1.769 ± 472	

* Raça Caracu da Fazenda Recreio, Poços de Caldas, MG.

Fonte: Pereira & Pereira (1984).

3.3 Gado Zebu

Dentre as raças zebuínas, tem-se destacado a Gir e a Guzerá. Em geral, os animais dessas duas raças são rústicos e adaptados às condições tropicais. Animais

da raça Gir apresentam pelagem variada (vermelha, chita e moura), enquanto os da Guzerá são geralmente cinza-prateado e cinza-escuro. Uma particularidade das duas raças é a presença de giba ou cupim, mais acentuada nos machos. Nas Figuras 2 e 3 encontram-se exemplares das raças Gir e Guzerá, respectivamente. Animais das duas raças são muito utilizadas em cruzamentos com animais de raças especializadas para leite, contribuindo principalmente com rusticidade nos animais mestiços.



Figura 2. Vaca Gir.



Figura 3. Vaca Guzerá.

Médias de idade à primeira cria e intervalo de partos nas raças Gir e Guzerá encontram-se na Tabela 2. Animais destas raças são mais tardios do que os das raças européias em relação ao primeiro parto. Além disso, os intervalos de partos são longos.

Tabela 2. Idade ao primeiro parto e intervalo de partos de bovinos de raças zebuínas.

Raça	Estado	Período	Idade 1º parto	Intervalo de partos	Autor
Gir	MG	– 1958	46,1 (41)*	20,3 (140)	Carneiro et al. (1958)
	MG	1961 – 1969	41,6 (58)	15,6 (346)	Teixeira et al. (1973)
	SP	1950 – 1975	49,4	18,1	Lobo et al. (1980)
	MG	1958 – 1976		15,3 (623)	Verneque (1982)
	PB	1940 – 1979	48,7 (340)	16,0 (1204)	Leite et al. (1982)
	MG	1978 – 1984	44,8 (164)	–	Ledic et al. (1986)
	**	1962 – 1988	49,0 (3492)	–	Queiroz et al. (1992)
	**	– 2000	45,2 (6911)	16,1 (15365)	Martinez et al. (2000)
Guzerá	MG	– 1958	46,4 (37)	18,5 (128)	Carneiro et al. (1958)
	MG	1932 – 1959		19,0 (2559)	Carneiro et al. (1960/61)***
	SP	1952 – 1967	46,9 (131)		Pires et al. (1967)
	MG	1950 – 1971	46,0 (80)	14,6 (300)	Andrade et al. (1977)
	MG	1965 – 1979	38,0 (256)	14,7 (946)	Miranda et al. (1986)
	****	1960 – 1999	44,2 (575)	14,9 (1040)	Martinez et al. (2000)

* Número de observações entre parênteses, **Rebanhos de SP, MG, RJ, PB, ***Dados de sete rebanhos, ****Dados de 17 rebanhos.

Na Tabela 3, têm-se médias de produção de leite para rebanhos Gir e Guzerá selecionados para produção de leite. Considerando todos os rebanhos Gir do Arquivo Zootécnico Nacional, a média de produção de leite à idade adulta de 17.116 lactações de 8.869 vacas foi de 2.568 kg. Até o início da década de 80, os esforços para seleção para leite na raça eram isolados e restritos a alguns poucos criadores. Em 1985, iniciou-se um programa de teste de progênie de touros da raça Gir, coordenado pela Embrapa Gado de Leite e desde então tem sido observado um crescimento na produção das filhas dos touros em teste. Os resultados do primeiro teste de progênie foram obtidos em 1993. Até o presente ano, 65 touros já foram avaliados, sendo que ainda existem 73 em avaliação (Martinez et al., 2000).

Tabela 3. Produção de leite em raças zebuínas.

Raça	Estado	Período	N.º de observações	Produção	Período de lactação	Autor
Gir	MG	1962 – 1968	185	2.666	283	Teixeira (1974)
	SP	1950 – 1975	1.978	2.788	316	Lobo et al. (1980)
	MG	1961 – 1980	602	2.654	296	Verneque (1982)
			269*	3.401	318	
	SP	1966 – 1980		1.646	270	Cardoso et al. (1982)
	**	1960 – 1999	27.431	2.599	291	Martinez et al. (2000)
Guzerá	***	1960 – 1999	2.298	2.339	285	Martinez et al. (2000)

*Produção de três ordenhas, **Rebanhos de SP, MG, RJ, PB, ***Dados de 17 rebanhos.

3.4 Gado Mestiço

Os animais mestiços são resultantes do cruzamento de animais puros de diferentes raças. Em geral, animais de raças zebuínas são cruzados com os de raças européias especializadas para produção de leite, com o objetivo de se obter um animal mestiço combinando a rusticidade do Zebu e a produtividade das especializadas. Além disso, procura-se com os cruzamentos explorar o vigor híbrido ou heterose. As raças européias mais usadas em cruzamentos são a Holandesa e a Jersey. No Brasil predominam os mestiços da raça Holandesa. Na Tabela 4 encontram-se médias de idade à primeira cria e intervalos de parto em mestiços de vários graus de sangue Holandês-Gir (HG) no Brasil. Verifica-se uma superioridade de animais $\frac{1}{2}$ HG em relação as outras combinações.

Tabela 4. Idade à primeira cria e intervalos de partos em mestiços de vários graus de sangue Holandês-Gir no Brasil.

Estado	Período	Grau de sangue	Período de lactação (dias)	Produção de leite (kg)	Intervalo de partos (dias)	Autor
MG (Viçosa)	1969 – 1981	$\frac{1}{2}$ HG	234	2.457 (361)*	399	Nobre (1983)
		$\frac{3}{4}$ HG	254	2.428 (340)	399	
		Holandês	247	2.139 (296)	399	
RJ (Valença)	1965 – 1974	$\frac{1}{2}$ HG	262	2.471 (350)	465 (241)	Freitas et al. (1980)
		$\frac{3}{4}$ HG	246	2.347 (123)	529 (112)	
	1960 – 1972	Holandês	218	1.898 (164)	548 (66)	
MG (Lavras)	1977 – 1981	$\frac{3}{4}$ HG	305	4.034 (82)	406	Madalena et al. (1983)
		$\frac{7}{8}$ HG	301	3.894 (59)	431	
		Holandês	318	4.149 (94)	433	
MG (Viçosa)	1977 – 1995	$\frac{1}{2}$ HG	308	4.073 (35)		Balleiro et al. (1997)
		$\frac{3}{4}$ HG	252	4.189 (81)		
		$\frac{7}{8}$ HG	758	4.158 (310)		
		$\frac{7}{16}$ HG	266	3.612 (69)		
		$\frac{15}{16}$ HG	242	4.155 (32)		

*Número de observações entre parênteses.

Na Figura 4 tem-se um exemplo de uma vaca mestiça Holandês-Gir. Recentemente foi criada a raça Girolando, que é $\frac{5}{8}$ Holandês-Gir. Tem-se verificado, entretanto, tendência de se chamar de Girolando qualquer animal que seja mestiço Holandês-Gir, independentemente da sua composição.



Figura 4. Vaca Mestiça.

Médias de produção de leite, período de lactação e intervalo de partos para animais mestiços de vários graus de sangue da raça Holandesa encontram-se na Tabela 5. O desempenho dos animais, conforme pode ser constatado, em muitos casos, não difere com o grau de sangue europeu, sendo que as diferenças tendem a ser mais evidentes em condições de ambiente adverso com a inferioridade de animais de mais alta mestiçagem ou puros.

Tabela 5. Características de animais de vários graus de sangue de Holandês-Gir no Brasil.

Estado	Período	Grau de sangue	Idade 1ª cria	Intervalo de partos	Autor
MG (Viçosa)	1962 – 1978	$\frac{1}{2}$ HG	33,9 (35)*	Sem diferença 13,3 (759)	Nobre (1983)
		$\frac{3}{4}$ HG	44,9 (128)		
		Holandês	39,0 (102)		
RJ (Valença)	1960 – 1972	$\frac{1}{2}$ HG	40,0 (69)	15,5 (241)	Freitas et al. (1980)
		$\frac{3}{4}$ HG	43,4 (66)	17,6 (112)	
		Holandês	45,6 (52)	18,3 (66)	
MG (Lavras)	1977 – 1981	$\frac{3}{4}$ HG	—	13,5	Madalena et al. (1983)
		$\frac{7}{8}$ HG	—	14,4	
		Holandês	—	14,4	

* Número de observações entre parênteses.

3.5 Raças Europeias Especializadas

Sua utilização tende a ser limitada a áreas mais favoráveis quanto a alimentação e manejo, sendo indispensável maior controle de doenças e parasitas. Principalmente os animais importados podem apresentar problemas de crescimento, baixa fertilidade e alta mortalidade.

Padrões de crescimento corporal de raças europeias em zonas temperadas (EUA) encontram-se na Tabela 6. Estes valores poderão ser usados para o monitoramento do crescimento de novilhas, permitindo identificação de animais com crescimento retardado. Outras características das principais raças europeias

encontram-se na Tabela 7. Existe variação entre animais na mesma raça. Entretanto, a cor da pelagem quase sempre serve para distinguir animais de raças diferentes. Os pesos à idade adulta são aproximados, sendo médias para as raças. Os valores para carne referem-se aos valores econômicos, caso as raças fossem usadas para produção de carne. Em geral, as vacas Holandesas são maiores e produzem mais leite com menores porcentagens de gordura e proteína. Os animais da raça Jersey são os menores e produzem menos leite, porém, com os teores mais altos de gordura e proteína.

Tabela 6. Pesos e alturas do corpo para raças leiteiras durante o crescimento.

Idade (meses)	Holandesa ¹		Ayrshire ²		Jersey	
	Peso (kg)	Altura (cm)	Peso (kg)	Altura (cm)	Peso (kg)	Altura (cm)
Nasc.	38 - 45	74 - 76	30 - 49	66 - 69	23 - 27	63 - 66
1	60 - 70	81 - 84	54 - 65	79 - 84	42 - 49	66 - 74
2	77 - 94	85 - 89	73 - 88	81 - 89	55 - 66	76 - 84
3	102 - 119	89 - 94	92 - 106	89 - 94	70 - 80	81 - 86
4	122 - 145	94 - 99	113 - 136	94 - 97	83 - 98	86 - 91
5	145 - 170	98 - 103	136 - 161	97 - 104	106 - 126	89 - 97
6	167 - 195	101 - 107	166 - 199	102 - 107	118 - 146	91 - 98
8	211 - 245	107 - 113	195 - 228	107 - 112	152 - 186	99 - 104
10	254 - 296	112 - 119	229 - 267	112 - 117	179 - 220	102 - 107
12	299 - 345	118 - 123	261 - 306	116 - 121	209 - 249	107 - 112
14	340 - 393	121 - 127	308 - 364	119 - 124	243 - 273	112 - 114
16	368 - 438	124 - 130	249 - 408	124 - 130	265 - 300	113 - 118
18	420 - 481	127 - 132	390 - 454	127 - 133	290 - 342	115 - 119
20	456 - 529	129 - 135	413 - 474	130 - 134	317 - 369	119 - 121
22	488 - 557	131 - 140	452 - 509	131 - 136	344 - 397	119 - 124
24 ³	522 - 612	133 - 143	465 - 534	132 - 138	358 - 409	122 - 126

¹ Pode ser apropriado para Suíça Parda; ² Foram apropriados para a raça, sendo indicados para Guernsey; ³ Partos esperados aos 24 meses.

Fonte: Head, 1992.

Tabela 7. Características de quatro raças européias para produção de leite.

Características	Ayrshire	Suíça Parda	Holandesa	Jersey
Peso à idade adulta				
Fêmea	544	635	680	454
Macho	839	907	988	680
Cor	Vermelho ou marrom e branco	Marrom	Preta e branca ou vermelha e branca	Cinza-amarelado, marrom-cinzentado com ou sem branco
Capacidade para pastejo	Excelente	Excelente	Moderado	Bom
Maturidade	Moderado	Tardia	Tardia	Precoce
Peso ao nascimento	34	41	43	27
Valor para carne	Bom	Excelente	Excelente	Pobre
Gordura no leite (%)	3,96	4,10	3,65	4,85
Proteína no leite (%)	3,34	3,53	3,11	3,80
Produção de leite*	5.685	5.939	7.245	4.957
Origem	Escócia	Suíça	Holanda	Jersey

* Médias para vacas nos testes oficiais do DHI, Estados Unidos, em 1984.

Fonte: Schmidt et al. (1998) e Wilcox, C. J. (1974).

Exemplos de vacas das raças Ayrshire, Holandesa, Jersey e Suíça Parda, encontram-se nas Figuras 5 a 8. Animais da raça Holandesa são mais pesados, seguindo-se os da raça Suíça Parda, sendo estas raças semelhantes quanto a produção de carne. Animais da raça Suíça Parda destacam-se também pela excelente capacidade para pastejo, o mesmo ocorrendo com os animais da raça Ayrshire. No desenvolvimento desta última foi enfatizada a forma do úbere, pelo que vacas Ayrshire apresentam excelência nesta característica, comparada aos de outras raças.



Figura 5. Vaca Ayrshire.



Figura 6. Vaca Holandesa.



Figura 7. Vaca Jersey.



Figura 8. Vaca Suíça Parda.

Médias da idade à primeira cria e intervalos de partos na raça Holandesa no Brasil em vários trabalhos envolvendo rebanhos em diferentes estados encontram-se na Tabela 8.

Tabela 8. Idade à primeira cria e intervalo de partos em raças européias.

Raça	Estado	Período	Idade 1ª cria (meses)	Intervalo de partos (meses)	Autor
Holandesa	SP	1960 – 1978	31 (906)*	15,5 (2357)	Freitas et al. (1980)
	SP	1966 – 1977	32,1 (601)	13,4 (932)	Ferreira (1982)
	PE	1975 – 1978	33,6 (38)		Manso et al. (1980)
	PE	1971 – 1978	32,2	14,8 (135)	Campello et al. (1980)
	PE	1975 – 1978	33,6 (38)	14,1	Manso et al. (1980)
	PE	1957 – 1981	31,4	–	Penã Alfaro et al. (1983)
	PR	1976 – 1982	36,8	14,2	Ribas et al. (1983)
	PR	1974 – 1992	30,2 (6302)	–	Monardes et al. (1995)
	PR	1982 – 1992	30,0 (20.918)	12,9 (6388)	Pimpão et al. (1995)
	SP	1988 – 1995	–	13,8	Zambianchi et al. (1997)
Jersey	SP	1967 – 1979	33,5	13,6	Albuquerque et al. (1982)

* Número de observações entre parênteses.

A média da produção ajustada de todas as lactações foi de 5.400 kg de leite; as médias de 5.071 intervalos de partos, 14 meses, de 4.820 períodos de serviço, 111 dias, e a média de idade ao primeiro parto, 32 meses.

Médias de produção de leite na raça Holandesa em rebanhos de alguns estados brasileiros são encontradas na Tabela 9. Médias das produções de leite e gordura ajustadas para a idade adulta para rebanhos brasileiros de diferentes raças, controlados pelas respectivas associações de criadores que compõem o banco de dados do Arquivo Zootécnico Nacional Gado de Leite, encontram-se na Tabela 10.

Tabela 9. Produção de leite nas raças européias.

Raça	Estado	Período	Produção de leite	Período de lactação	Autor
Holandesa	SP	1962 - 1978	4.456 (2.987)*	301	Freitas et al. (1980)
	SP	1966 - 1977	3.715 (1.389)	305	Ferreira (1982)
	PE	1971 - 1978	3.263 (88)	-	Primo et al. (1980)
	PE	1980 - 1980	3.539 (288)	287	Penã Alfaro et al. (1983)
	PR	1976 - 1982	5.996 (1.209)	316	Ribas et al. (1983)
	PR**	1974 - 1992	5.898 (6.598)	309	De Almeida et al. (1995)
	SC	1986 - 1993	4.979 (901)	305	Thaler Neto et al. (1995)
	PE	1988 - 1993	5.094 (592)	293	Nunes Junior et al. (1996)
	RS	1988 - 1994	5.672 (4.085)	305	Matos R. S. et al. (1996)
	PR	1977 - 1994	6.587 (73.454)	-	Ribas et al. (1996)
	SP	1988 - 1995	4.634 (3.044)	-	Zambianchi et al. (1997)
	MG	1989 - 1996	7.035 (440)	379	Freitas et al. (1997)
	GO	1990 - 1995	4.458 (3.043)	-	Neves et al. (1998)
	SP	1953 - 1977	3.080 (1649)	-	Polastre et al. (1982)
Jersey	SP	1968 - 1963	2.704 (1.836)	286	Cardoso et al. (1996)
	PR	1980 - 1997	4.047 (4.812)	-	Ribas et al. (1999)
	PR	1982 - 1997	5.428 (2.512)	-	Almeida et al. (1999)

*Número de observações entre parênteses ** Primeiras lactações.

Tabela 10. Produção de leite e gordura nas diferentes raças do Arquivo Zootécnico Nacional.

	Holandês	Jersey	Sulça Parda	Gir	Guzerá	Mestiço	Total
N.º de lactações:							
- leite	176.399	3.302	3.554	17.116	1.361	3.222	206.636
- gordura	147.824	2.703	1.506	10.413	359	2.409	166.547
Produção à idade adulta:							
- leite (kg)	5.859	3.717	4.193	2.568	2.423	2.120	
- gordura (kg)	189,7	163,9	175,0	121,7	114,0	71,8	
- gordura (%)	3,64	5,03	4,01	4,86	5,03	4,02	
N.º de touros- sumário	772	27	26	131	7	68	1.044

Fonte: MAARA - Sumário de Touros Gado de Leite (1995).

Recentemente, passou-se a dar maior atenção à raça Holandesa no Estado de Minas Gerais. Até 1989, somente 19 rebanhos eram controlados pela Associação de criadores da raça. Houve investimento em infra-estrutura, passando-se a dar

mais ênfase ao controle leiteiro. Atualmente, este número está em torno de 260 rebanhos. Um sumário de análises dos registros relativos a 15.268 lactações de vacas paridas no período de 1988 a 1992 encontra-se na Tabela 11. A produção ajustada refere-se à produção de leite até 305 dias ajustada à idade adulta.

Tabela 11. Médias e desvios-padrão para medidas de produção de leite e eficiência reprodutiva na raça Holandesa no Estado de Minas Gerais de 1980 a 1992.

Característica	1ª lactação			≥ 2ª lactação			Todas		
	N.º	Média	DP	N.º	Média	DP	N.º	Média	DP
Produção em 305 dias (kg)	4.966	4.597	1.568	10.302	2.045	1.736	15.268	4.899	1.696
Produção justada* (kg)	4.966	5.551	1.920	10.278	5.329	1.549	15.244	5.402	1.875
Produção total (kg)	4.832	4.864	1.870	9.964	5.232	1.960	14.796	5.112	1.939
Produção anualizada**	2.014	4.509	1.541	3.056	4.757	1.588	5.070	4.659	1.574
Duração da lactação (dias)	4.966	312	67	10.302	305	63	15.268	307	64
Intervalo de partos (dias)	2.014	423	83	3.057	420	79	5.071	421	80
Período de serviço (dias)	1.902	133	67	2.918	131	36	4.820	132	65
Período seco (dias)	2.014	106	72	3.057	114	67	5.071	111	71
Idade (meses)	4.966	32	5	10.302	68	24	15.268	56	26

*Produção até 305 dias ajustada à idade adulta.

**Produção anualizada = $\frac{\text{Produção total na lactação}}{\text{Intervalo de partos}} \times 365$

Fonte: ASBIA/MA, 2000.

4. Comercialização de sêmen de raças leiteiras no Brasil

A inseminação artificial foi e continua sendo muito importante para o melhoramento do gado de leite, permitindo a propagação dos animais de maior valor genético. Pelo fato de os touros serem usados em muitos rebanhos, a inseminação permite que as suas avaliações sejam mais precisas. Nos países de pecuária leiteira adiantada, ela é muito difundida. Por exemplo, nos Estados Unidos, aproximadamente 70% do rebanho leiteiro é proveniente de inseminações e grande parte do restante é descendente de touros oriundos de inseminação artificial.

A inseminação artificial, tanto de sêmen quanto de embriões, é uma tecnologia que continuará sendo usada por muito tempo como ferramenta importante para o Melhoramento. No Brasil, ela é ainda pouco difundida, principalmente pela falta de inseminadores e infra-estrutura para inseminação.

Nas Tabelas 12, 13 e 14, tem-se a evolução da comercialização de sêmen nacional, importado e total por raça.

Tabela 12. Evolução da comercialização de sêmen nacional por raça.

Raças	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999
Caracu	-	-	-	4.413	6.379	10.991	6.432	11.058	10.356	8.888
Girolando	-	12.745	13.810	11.724	8.282	12.072	11.974	12.188	16.669	15.872
Gir leiteiro	94.714	99.931	87.141	118.145	162.242	162.912	159.442	181.713	229.242	165.061
Guzerá leiteiro	7.377	9.310	11.449	10.992	19.913	23.380	20.712	18.218	29.984	22.307
Ayrshire	-	-	-	-	-	40	-	100	1	0
Suíça Parda	58.966	73.109	66.222	60.748	56.876	74.754	47.352	68.256	71.048	44.703
Holandesa	411.209	457.655	453.173	505.850	403.419	381.991	301.800	302.012	348.436	310.828
Jersey	86.074	104.067	85.721	102.432	95.215	111.311	95.070	95.583	75.029	137.337
Guernsey	-	-	-	-	-	-	-	-	115	214

Fonte: ASBIA/MA, 2000.

Tabela 13. Evolução da comercialização de sêmen importado por raça.

Raças	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999
Ayrshire	69	107	129	112	20	195	20	65	58	22
Suíça Parda	11.139	12.841	12.704	11.284	17.697	25.756	26.736	32.260	41.073	38.511
Holandesa	301.263	355.453	314.486	452.403	613.702	894.403	1.201.808	1.542.578	1.607.125	1.524.956
Jersey	45.205	38.186	30.945	37.754	65.037	90.621	111.997	137.913	161.975	154.812
Guernsey	320	474	756	452	164	153	108	200	0	0

Fonte: ASBIA/MA, 2000.

Tabela 14. Evolução do total de sêmen comercializado de raças européias.

Raças	1990	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999
Ayrshire	69	107	129	112	20	235	20	165	59	22
Suíça Parda	70.105	85.950	78.928	72.032	74.573	100.510	72.707	100.516	112.121	83.214
Holandesa	712.472	813.108	767.659	958.253	1.017.121	1.278.476	1.503.608	1.844.590	1.955.561	1.835.784
Jersey	131.279	142.253	116.666	140.186	160.252	201.932	207.067	233.496	237.004	292.149
Guernsey	320	474	756	452	164	153	108	200	115	214

Fonte: ASBIA/MA, 2000.

Nas Figuras 9 e 10 representam-se, respectivamente, as evoluções da comercialização de sêmen importado das principais raças especializadas e de raças nacionais. O número de doses de sêmen comercializado nas principais raças especializadas, em 1997, encontra-se representado na Figura 11. A distribuição do total de sêmen importado comercializado das raças Holandesa, Jersey e Suíça Parda, no ano de 1997, encontra-se na Figura 12. Nas Tabelas 15 e 16 e Figuras 13, 14 e 15, tem-se informação de como o sêmen importado e nacional comercializados estiveram distribuídos entre as várias empresas de inseminação no ano de 1997, nas raças Holandesa, Jersey e Suíça Parda. Com a abertura do mercado, e por ser o Brasil um país essencialmente comprador de sêmen, empresas de vários países têm procurado se associar às nacionais e, com isto, tem crescido a entrada de sêmen no País.

Tabela 15. Distribuição do sêmen importado entre as principais empresas importadoras por raça - 1997.

Empresa Importadora	UF	Holandesa		Jersey		Suíça Parda	
		Doses	%	Doses	%	Doses	%
Sembra Tec. Prod. Reprod. Ltda.	SP	250.428	16,24	6.539	4,74	2.121	6,57
Pecplan ABS	SP	219.594	14,24	16.016	11,62	3.256	10,09
Lagoa da Serra Ins. Art. Ltda.	SP	77.434	5,02	3.095	2,24	790	2,45
Genética Avançada Com. Imp. Exp.	SP	208.405	13,51	24.298	17,62	4.806	14,90
Semex do Brasil Ltda.	SP	221.481	14,36	27.272	19,78	1.854	5,75
Semeia Seleção Mel. Ins. Ltda.	RS	84.208	5,46	39.440	28,61	266	0,82
Alta Genetics do Brasil Ltda.	RS	221.832	14,38	8.586	6,23	6.041	18,73
Araucária Imp. Exp. Ltda.	PR	11.104	0,72	830	0,60	641	1,99
Yakult AS Ind. e Com.	SP	82.410	5,34	1.942	1,41	-	-
Volta Industrial Agropecuária Ltda.	SP	60.985	3,95	7.852	5,70	1.610	4,99
Superga Com. e Agropecuária Ltda.	SP	450	0,03	-	-	-	-
Holland Genetics do Brasil Ltda.	SP	33.226	2,15	-	-	-	-
Interplan Agro Pecuária Ltda.	SP	395	0,03	-	-	-	-
AG Brasil Ltda.	SP	69.876	4,53	1.993	1,45	295	0,91
Agrop. Suíço Bras.	RJ	-	-	-	-	10.157	31,48
Outras Empresas		540	0,04	-	-	423	1,31
Total de doses		1.542.368	100,00	137.863	100,00	32.260	99,99

Fonte: ASBIA/MA, 1998.

Tabela 16. Distribuição do sêmen nacional entre as principais empresas por raça - 1997.

Empresa Importadora	UF	Holandesa		Jersey		Suíça Parda		Gir leiteiro	
		Doses	%	Doses	%	Doses	%	Doses	%
Sembra Tec. Prod. Reprod. Ltda.	SP	23.755	7,87	10.165	10,68	16.488	24,94	17.203	10,15
Lagoa da Serra Ins. Art. Ltda.	SP	149.944	49,65	21.000	22,09	21.407	32,38	39.359	23,22
Pecplan Bradesco Ins. Art. Ltda.	SP	60.099	19,90	8.218	8,64	12.379	18,72	86.737	51,17
Yakult SA Ind. e Com.	SP	11.184	3,70	5.496	5,78	4.310	6,52	3.495	2,06
Nova Índia Genética SA	MG	4.073	1,35	-	-	-	-	22.175	13,08
Cidesc Cia. Int. Des. Sta. Catarina	SC	24.960	8,26	23.610	24,83	7.448	11,27	-	-
Cógia Central Gaúcha de Ins. Art.	RS	7.200	2,38	13.300	13,99	-	-	-	-
Pedra Bonita Genética Animal	BA	5.030	1,67	-	-	1.970	2,98	530	0,31
Cia. Central Riograndense de IA	-	14.849	4,92	13.774	14,49	847	1,28	-	-
Tairana S/A Central Cong. Sêmen	SP	444	0,15	-	-	1.261	1,91	-	-
Outras Empresas	-	474	0,16	20	0,02	-	-	-	-
Total de doses	-	302.012	100,00	95.070	100,00	66.110	100,00	169.489	100,00

Fonte: ASBIA/MA, 1998.

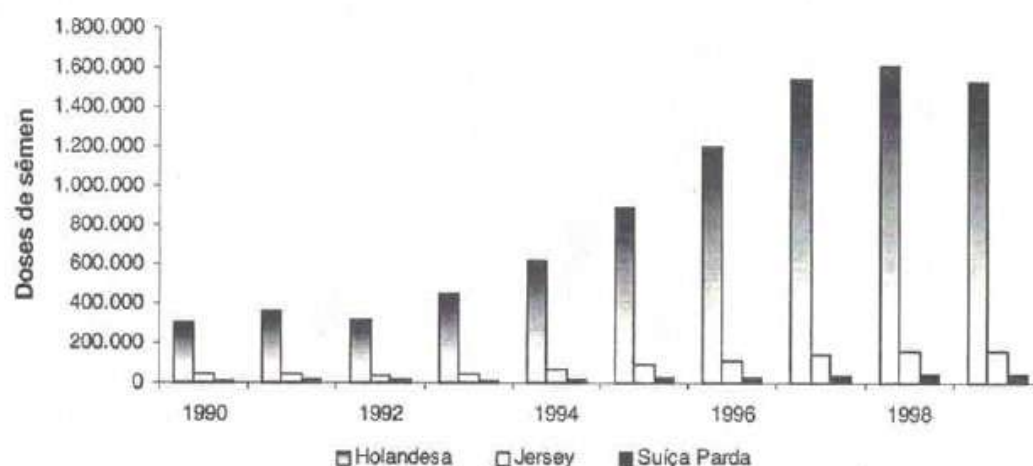


Figura 9. Evolução da comercialização de sêmen importado por raça especializada.

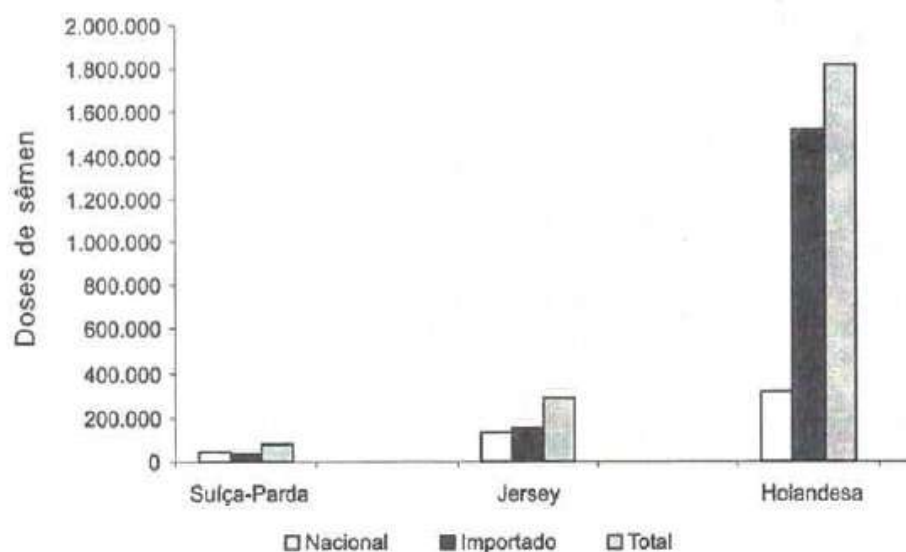


Figura 10. Comercialização de sêmen nas principais raças europeias – 1997.

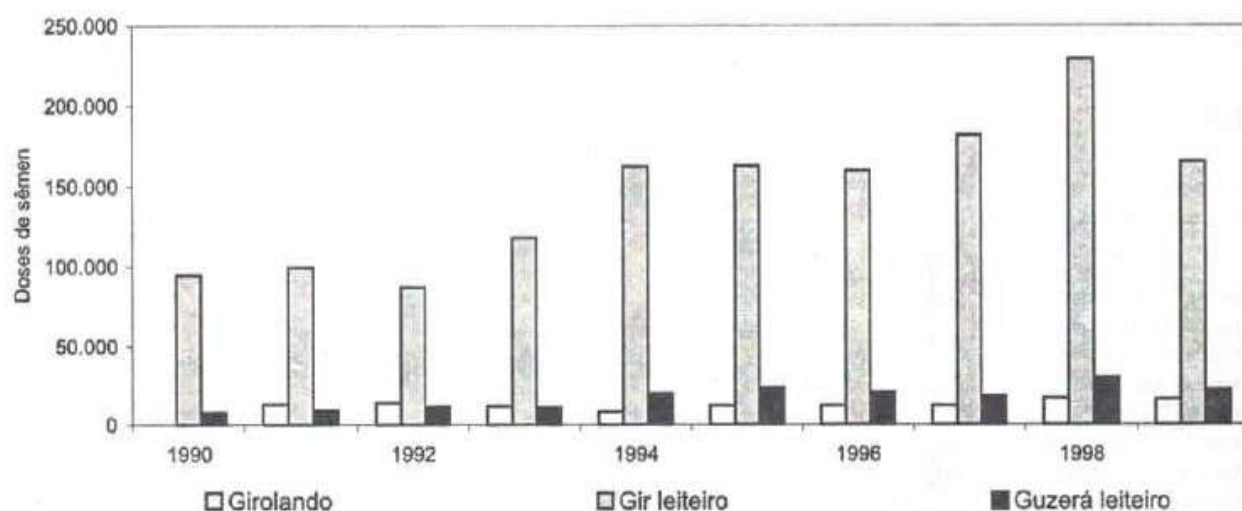


Figura 11. Evolução da comercialização de sêmen de raças nacionais.

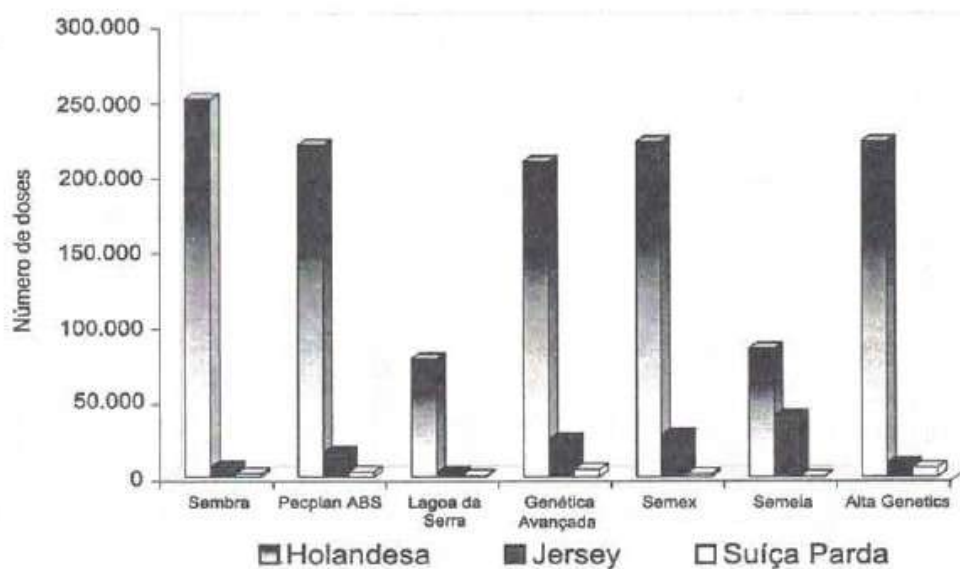


Figura 12. Distribuição de sêmen importado entre as principais importadoras – 1997.

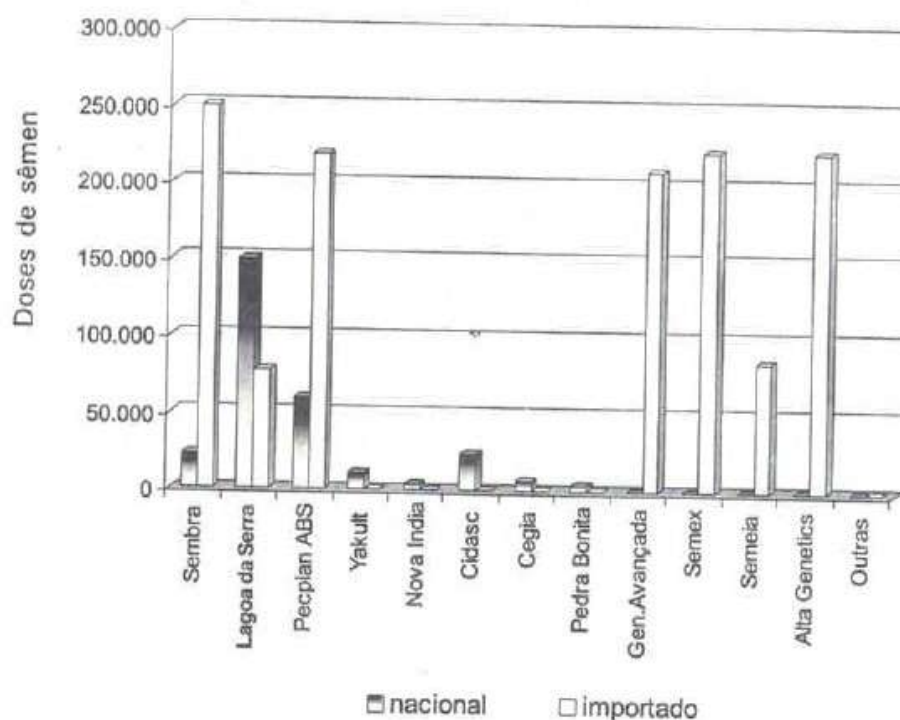


Figura 13. Distribuição do sêmen nacional e importado da raça Holandesa entre as principais empresas de inseminação - 1997.

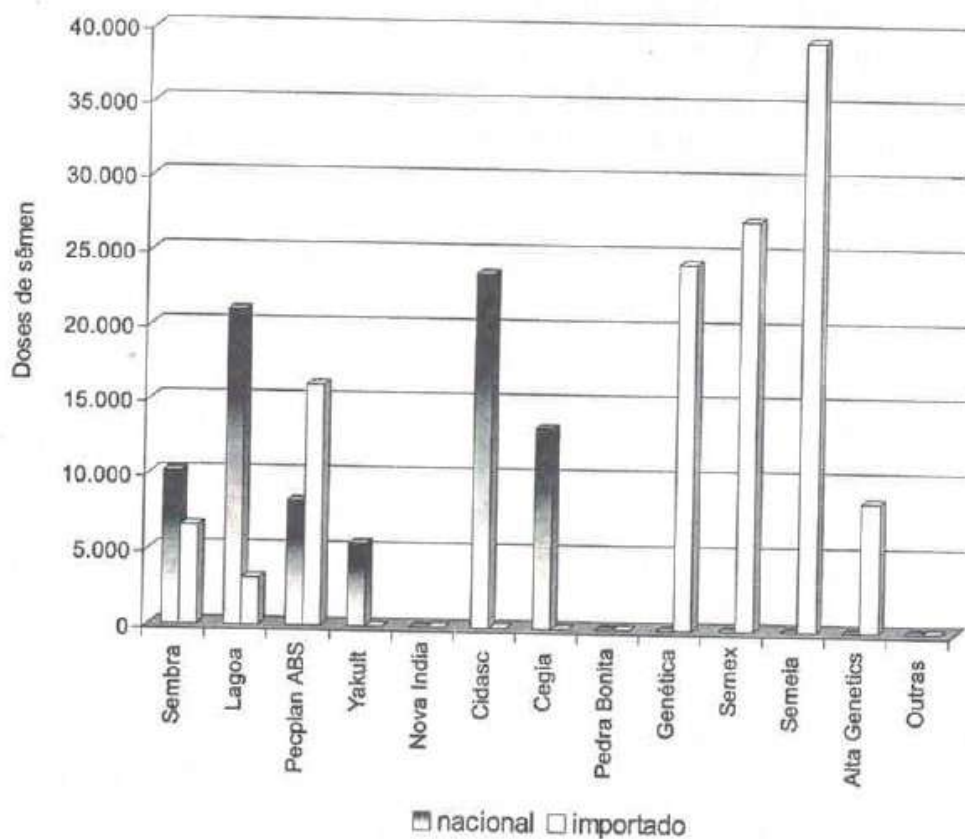


Figura 14. Distribuição do sêmen nacional e importado da raça Jersey entre as principais empresas de inseminação - 1997.

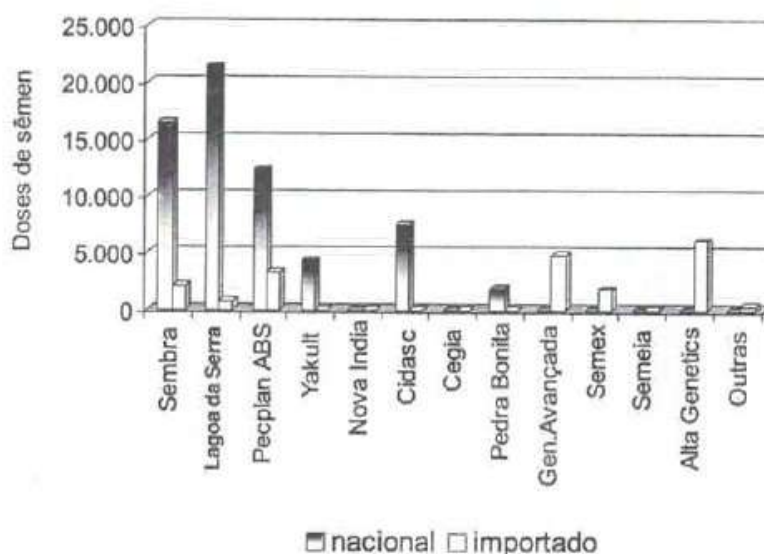


Figura 15. Distribuição do sêmen nacional e importado da raça Suíça Parda entre as principais empresas de inseminação – 1997.

5. Bibliografia consultada

ALBUQUERQUE, L.G., LOBO, R., OLIVEIRA FILHO, E.B., DUARTE, F.A.M. Eficiência reprodutiva de um rebanho da raça Jersey no Estado de São Paulo. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 19, 1982, Piracicaba, SP. *Anais...* Piracicaba: SBZ, 1982, p. 206 - 207.

ANDRADE, V.J.; TORRES, J.R.; CARNEIRO, G.G., PEREIRA, C.S. Idade à primeira parição e intervalo entre partos num rebanho Guzerá na área de Cerrado em Minas Gerais. *Arquivos da Escola de Veterinária*, UFMG, Belo Horizonte, v.29, n.1, p. 85-92, 1977.

ASBIA/MA. *Inseminação Artificial* - Relatório Anual, 1997.

ASBIA/MA. <http://www.asbia.org.br/>, 2000.

BALIEIRO, J.C.C, MILAGRES, J.C., FREITAS, A.C. Aspectos genéticos e fenotípicos em características produtivas do rebanho leiteiro da Universidade Federal de Viçosa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. *Anais...* Juiz de Fora: SBZ, 1997, p.118-120.

CARDOSO, V.L., PIRES, F.L., FREITAS, M.A.R., et al. Aspectos da produção de leite em rebanho da raça Gir em seleção leiteira. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 19, 1982, Piracicaba, SP. *Anais...* Piracicaba: SBZ, 1982, p.202.

CAMPELLO, E.C.B.; PRIMO, G.B.; MANSO, H.C. Considerações sobre parâmetros reprodutivos de um rebanho holandês, puro por cruzamento, explorado no sertão pernambucano. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 17, 1980, Fortaleza. *Anais...* Fortaleza: SBZ, 1980, p.218.

CARNEIRO, G.G.; BROWN, P.P.; MEMÓRIA, J.M.P. Aspectos da função reprodutiva do gado Zebu. *Arquivo da Escola de Veterinária*, UFMG, Belo Horizonte, v. 11, n. 1, p. 81-87, 1958.

- CARNEIRO, G.G.; BROWN, P.P.; MEMÓRIA, J.M.P. Época de fecundação de vacas da raça Guzerá em condições de criação a campo no Alto São Francisco, Minas Gerais. *Arquivo da Escola Veterinária, UFMG*, Belo Horizonte, v.12, n. 1, p.123-130, 1960/61.
- DE ALMEIDA, R., RIBAS, N.P., MONARDES, H.G. Estudo de características produtivas em rebanhos Holandeses em primeira cria na região Batavo, Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 32, Brasília, DF, 1995. *Anais...* Brasília: SBZ, 1995, p. 692-694.
- FREITAS, A.F.; MADALENA, F.E.; MARTINEZ, M.L. Idade ao primeiro parto e intervalo entre partos de vacas HPB e mestiços HPB: *Gir. Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.15, n.1, p. 101-105, 1980.
- FREITAS, A.F., DURÃES, M.C., TEIXEIRA, N.M. Parâmetros genéticos da produção de leite de animais da raça Holandesa mantidos em sistema intensivo do tipo "free stall". In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 35, Botucatu, SP, 1998. *Anais...* Botucatu: SBZ, 1998, p. 470-472.
- HEAD, H.H. Heifer performance standards rearing systems, growth rates and lactation. In: *LARGE dairy herd management*. Ed. H.H. Von Horn e C.J. Wilcox, ADSA, Champaign, IL, 1992.
- LEDIC, I.L.; OLIVEIRA, H.N.; MIRANDA, J.F. Idade ao parto de vacas Gir leiteiras - fatores ambientes e genéticos. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 23, Campo Grande, 1986. *Anais...* Campo Grande: SBZ, 1986, p.287.
- LEITE, D.R.M.; PRIMO, G.B.; COELHO, M.J.A. Intervalo entre partos na raça Gir. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 19, 1982, Piracicaba. *Anais...* Piracicaba: SBZ, 1982, p.245.
- LERNER, I.M., DONALD, H.P. 1966. *Modern developments in animal breeding*. 2ed. New York: Academic Press. 294 p.
- LOBO, R.B.; DUARTE, F.A.M.; RAMOS, A.A.; WILCOX, C.J. Correlação entre características reprodutivas e produtivas em um rebanho Gir Leiteiro. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 17, 1980, Fortaleza. *Anais...* Fortaleza: SBZ, 1980, p.173.
- MAARA. *Sumário de Touros - Gado de Leite*, 1995.
- MADALENA, F.E.; VALENTE, J.; TEODORO, R.L.; MONTEIRO, J.B.N. Produção de leite e intervalo entre partos de vacas HPB e mestiças HPB: Gir num alto nível de manejo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 18, n.2, p. 195-200, 1983.
- MANSO, H.C.; BITU TRIMO, G.; CAMPELLO, E.C.B.; COSTA, A.N. Aspectos de eficiência reprodutiva de um rebanho Holandês, P.O., explorado na Zona da Mata do Estado de Pernambuco. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 17, 1980, Fortaleza. *Anais...* Fortaleza: SBZ, 1980, p.219.
- MARTINEZ, L.M., VERNEQUE, R.S., TEODORO, R.L. O zebu na pecuária leiteira nacional. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3, 2000, Belo Horizonte. *Anais...* Belo Horizonte: SBMA, 2000, p. 226-231.
- MATOS, R.S., RORATO, P.N., FERREIRA, G.B., RIGON, J.L. Estudo do efeito de alguns fatores de meio sobre as produções de leite e gordura da raça Holandesa no Rio Grande do Sul. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 33, 1996, Fortaleza. *Anais...* Fortaleza: SBZ, 1996, p.88 - 89.

- McDOWELL, R.E. 1972. **Improvement of livestock production in warm climates.** W.H. Freeman & Co., São Francisco.
- MIRANDA, J.J.F.; PEREIRA, C.S.; PEREIRA, J.C.C.; BERGMAN, J.A.G.; OLIVEIRA, H.N. Fatores ambientes e genéticos relacionados com a idade à primeira cria e intervalo entre partos no rebanho Guzerá na Fazenda Canoas. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 23, Campo Grande, 1986. **Anais...** Campo Grande: SBZ, 1986, p.303.
- MONARDES, H.G., DE ALMEIDA, R., RIBAS, N.P. Estudo da idade ao primeiro parto em vacas da raça Holandesa, região Batavo, Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 32, Brasília, DF, 1995. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995, p. 688-689.
- NEVES, C.J., FERREIRA, G.B., FERNANDES, H.D. et al. Estimativas de parâmetros genéticos para produção de leite e gordura em bovinos da raça Holandesa do Estado de Goiás. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 35, Botucatu, SP, 1998. **Anais...** Botucatu: SBZ, 1998, p. 529 - 531.
- NOBRE, P.R.C. Fatores genéticos e de meio em características produtivas e reprodutivas do rebanho leiteiro da UFV, Estado de Minas Gerais. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1983. 113p. Tese de Mestrado.
- NUNES JUNIOR, R.C., BARBOSA, S.B.P., MANSO, H.C. Avaliação da produção leiteira da vacas Holandesas, na região agreste de Pernambuco. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 33, Fortaleza, 1996. **Anais...** Fortaleza: SBZ, 1996, p. 83-85.
- PENÃ ALFARO, C.E.; WITLE, K.F.; PRIMO, G.B.; SILVESTRE, J.V.; MAGALHÃES, O.C. Causas de variação na produção de leite do rebanho Holandês P. B. do campo experimental de São IPA - PE. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 20, 1983, Pelotas. **Anais...** Pelotas: SBZ, 1983, p.145.
- PEREIRA, J.C.C., PEREIRA, C.S. Estudo genético quantitativo da produção de leite em bovinos nativos da raça Caracu. II. Comparação entre amostras para estimar as heritabilidades da produção de leite. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 21, 1984, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: SBZ, 1984, p.37.
- PIMPÃO, C., RIBAS, N., MONARDES, H., DE ALMEIDA, R. Estudo da idade ao primeiro parto e intervalo entre partos em rebanhos Holandeses da bacia leiteira de Arapotí, Estado do Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 32, Brasília, DF, 1995. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995, p. 699-701.
- PIRES, F.L.; BENINTENDI, R.P.; SANTIAGO, A.A. Idade na época da primeira cria e intervalo interparto em bovinos da raça Guzerá de seleção leiteira. *Boletim da Indústria Animal*. São Paulo, v.23, n., p.123-127, 1967.
- POLASTRE, R., BACCARI JR, F., DOMINGUES, C.A.C. Causas de variação e heritabilidade da produção de leite de um rebanho Jersey. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 19, Piracicaba, SP, 1982. **Anais...** Piracicaba: SBZ, 1982, p. 207 - 209.
- QUEIROZ, S.A, LÔBO, R.B., MARTINEZ, M.L. Efeito do endogamia sobre algumas características reprodutivas e produtivas de vacas da raça Gir exploradas para leite. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 29, 1992, Lavras. **Anais...** Lavras: SBZ, 1992. p92.
- RIBAS, N.P.; MILAGRES, J.C.; GARCIA, J.A.; LUDWIG, A. Estudo da produção de leite e gordura em rebanhos holandês da bacia leiteira de Castrolândia, Estado do Paraná. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v.12, n.4, p.720-740, 1983.
- RIBAS, N.P., MONARDES, H., MOLENTO, C.F.M., ALMEIDA, R. Estudo dos efeitos de meio ambiente sobre características produtivas de vacas da raça Holandesa no

- Estado do Paraná. In: REUNIÃO ANUAL DA SBZ, 33, 1996, Fortaleza, Anais... Fortaleza: SBZ, 1996. P.9 - 11.
- SCHMIDT, G.H.; VAN VLECK, L.D. e HUTTENS, M.F. **Principles of dairy science**. 2nd ed. Prendice Hall, New Jersey, 1988.
- SILVA, H.C.M. e ALVES, C.A. Estudo de alguns aspectos da eficiência reprodutiva de um rebanho Gir explorado para leite. *Arquivo da Escola Veterinária, UFMG*, Belo Horizonte, v.22, n. 2, p. 207-212, 1970.
- TEIXEIRA, N.M. Causas de variação da produção de leite do rebanho Gir da Fazenda Brasília, Minas Gerais. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1974. 62p. Tese de Mestrado.
- TEIXEIRA, N.M.; MILAGRES, J.C.; CARNEIRO, G.G. Alguns aspectos da eficiência reprodutiva do rebanho Gir Leiteiro da Fazenda Brasília, MG. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 10, 1983, Porto Alegre. Anais... Porto Alegre: SBZ, 1973, p.64-5.
- THALER NETO, A., AZEVEDO, P.S., DEDEMONTE, F.C. Parâmetros genéticos para produção e composição do leite da raça Holandesa no Estado de Santa Catarina. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32, Brasília, DF, 1995. Anais... Brasília: SBZ, 1995, p. 719 - 721.
- TROVO, J.B.F.; DUARTE, F.A.M. Levantamento de núcleos de criação de bovinos da raça Curacu no Brasil. *Revista da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v.19, n.4, p.245-263, 1981.
- VERNEQUE, R.S. Fatores genéticos e de meio em características produtivas e reprodutivas de um rebanho Gir leiteiro. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1982, 93p. Tese Mestrado.
- ZAMBIANCHI, A.R., FREITAS, M.A., PEREIRA, C.S. 1997. Aspectos genéticos e de ambiente da produção de leite e intervalo entre partos de vacas da raça holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 34, 1997, Juiz de Fora. Anais... Juiz de Fora: SBZ, 1997, p.13-15.
- WILCOX, C.J. Breeding for milk production. In: COLE, H.H. e GARRET, W.N. **Animal Agriculture: The Biology, Husbandry and use of Domestic Animals**. W.H. FREEMAN and COMPANY: San Francisco, 1974, 2nd ed. p.208-227.

Cruzamentos

Roberto Luiz Teodoro¹

Mário Luiz Martinez¹

Maria de Fátima Ávila Pires¹

Rui da Silva Verneque¹

1. Introdução

De modo geral, o potencial genético para produção de leite do gado nativo dos trópicos é baixo. Por isto, criadores de países tropicais têm importado animais de raças européias, visando melhorar ou substituir o gado local e com isso atender à sua demanda de produção de leite. O desempenho do gado importado tem sido muito variável; os animais têm potencial, mas a sua produção e sobrevivência dependem do nível de estresse provocado pelo meio ambiente.

Sistemas em que se utiliza gado europeu puro especializado podem apresentar bom desempenho zootécnico e econômico em determinadas regiões tropicais; contudo, os animais são mais exigentes em manejo, principalmente no que se refere à alimentação e sanidade. Desde que isto seja satisfeito e econômico, é recomendável a utilização desses sistemas de produção. Devido às características de meio ambiente e de manejo predominantes nas áreas tropicais, os cruzamentos entre raças européias e zebrus assumem grande importância, sendo amplamente utilizados como método para melhorar a produção de leite e a eficiência reprodutiva e adaptativa em ambientes tropicais e subtropicais. Uma das finalidades da sua utilização é reunir em um só animal as características desejáveis de duas ou mais raças, como a rusticidade das raças zebuínas, ou nativas e o potencial de produção das raças européias, consideradas exóticas nos trópicos.

Este melhoramento pode ser efetuado pela combinação de dois métodos, um deles é a maximização e a retenção da heterose pelo uso otimizado de combinações de raças e sistemas de cruzamentos e outro é a seleção das raças componentes, para melhorar os valores genéticos aditivos.

A seleção nas raças paternas é de extrema importância para a criação de um material genético aditivo superior, cuja contribuição se refletirá nas gerações futuras. As raças leiteiras européias já vêm sofrendo, há tempos, um intenso processo de seleção, principalmente pelo teste de progênie em países desenvolvidos e de clima temperado, havendo uma grande disponibilidade de material genético provado e

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – rteodoro@cnpqgl.embrapa.br; martinez@cnpqgl.embrapa.br; fatinha@cnpqgl.embrapa.br; rsverneq@cnpqgl.embrapa.br

com níveis altamente satisfatórios em termos de produção. Resta definir claramente se os resultados alcançados naquelas situações são os mesmos nas condições tropicais. Nas raças zebuínas, apenas mais recentemente, iniciaram-se programas de melhoramento das raças Gir e Guzerá para leite, pelo teste de progênie de touros jovens. Estes programas estão sendo desenvolvidos pelas associações das raças Gir e Guzerá (ABCGIL e ACGB, respectivamente) em parceria com a Embrapa Gado de Leite, que os coordena tecnicamente. O teste de progênie na raça Gir iniciou-se em 1985 e encontra-se hoje com 122 touros em teste, dos quais 58 já foram avaliados, com resultados de provas já disponíveis e com sêmen sendo comercializado nas principais centrais de processamento de sêmen do Brasil. Na raça Guzerá o teste de progênie iniciou-se em 1994, estando hoje com 29 touros em teste e cujos primeiros resultados estarão disponíveis apenas em 2001.

A heterose ou vigor híbrido é o fenômeno pelo qual os produtos de cruzamentos apresentam desempenhos superiores ao desempenho médio dos pais. Ela é mais intensa quanto mais afastadas geneticamente forem as raças ou linhagens, em relação à sua origem, como por exemplo no cruzamento entre raças européias e zebuínas, com o F1 apresentando maior heterozigose e conseqüentemente uma heterose máxima.

Na prática, a heterose é explicada pelo aumento da heterozigose nos indivíduos resultantes dos cruzamentos e é devida a duas possíveis causas: a contribuição intralocus (dominância) e entrelocus (epistasia). O aumento da heterozigose possibilita a produção de maior número de enzimas, garantindo ao híbrido maior "versatilidade bioquímica", o que o capacita a ajustar melhor os seus mecanismos fisiológicos e de desenvolvimento às circunstâncias de ambiente (Falconer, 1981).

A heterose para produção de leite é importante em cruzamentos de raças européias e zebuínas, apresentando valores médios que variam de 28% (Cunningham e Syrstad, 1987) a 17,3% (Rege, 1998). Embora em menor magnitude, a heterose é também importante para características reprodutivas e adaptativas, com valores médios de 5,8% para duração da lactação, 11% para idade primeiro parto e 9% para intervalo de partos, entre outras características (Rege, 1998). A heterose para produção de leite entre raças européias é relativamente baixa e situa-se próxima dos 5% (Touchberry, 1992). Contudo, os valores de heterose obtidos em regiões tropicais podem ser subestimados devido à freqüente eliminação nas análises, de dados "considerados anormais", principalmente os de lactações curtas, procedimento este que reduz a variação genética entre os grupos de cruzamentos (Madalena et al., 1992).

2. Alternativas ou sistemas de cruzamentos

As principais alternativas para manter os rebanhos com proporções de genes intermediários entre o europeu e o zebu (ou raças locais, crioulas, nativas) são:

- ♦ produção de fêmeas F1 provenientes do acasalamento entre raças européias e zebuínas;
- ♦ cruzamentos rotativos com a utilização alternada de touros europeus e zebus;
- ♦ formação de novas raças, ou populações sintéticas, por meio do cruzamento europeu-zebu.

Cunningham e Syrstad (1987) apresentaram uma extensa revisão sobre alternativas de cruzamentos para a produção de leite nos trópicos, e, com base nesta revisão, são apresentadas aqui algumas das estratégias propostas.

Considerando-se que o modelo reunindo os efeitos aditivos e de dominância é apropriado para estimar o desempenho de qualquer grupo resultante de cruzamentos, apresenta-se na Figura 1 o desempenho esperado em sistemas de cruzamentos rotativos (R), retrocruzamentos (B_1 e B_2), e o desenvolvimento de populações sintéticas (S), utilizando-se duas raças (P_1 e P_2).

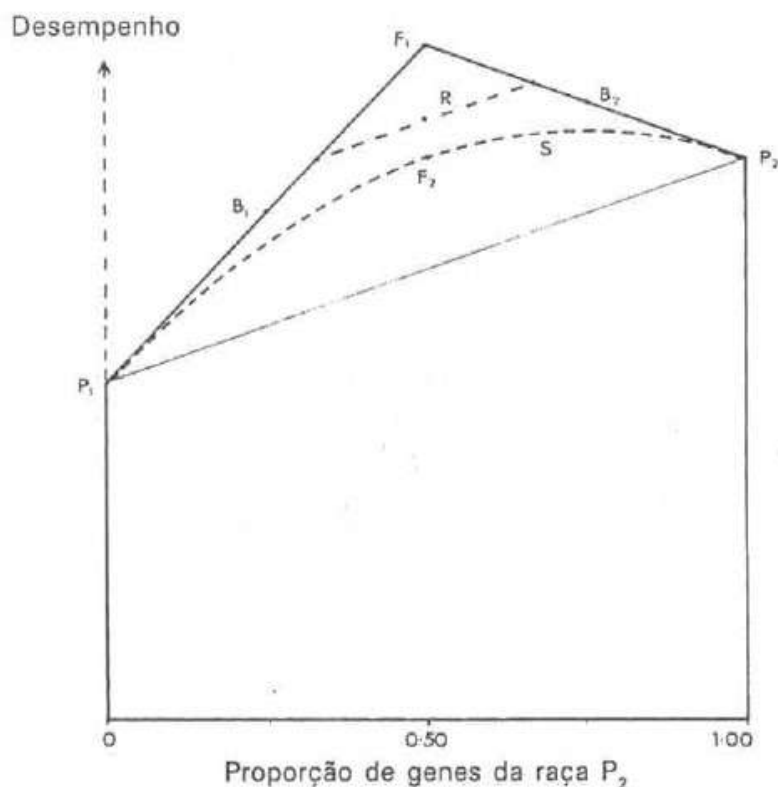


Figura 1. Desempenho esperado em sistemas de cruzamento rotativo (R) e sintético (S).

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

Em algumas situações, o sistema de cruzamento é conduzido para promover a substituição dos genes da raça local pelos genes da raça exótica. A conveniência da execução dessa alternativa deve ser analisada considerando-se a relação custo/benefício. Na Figura 2 é apresentada a taxa de heterose retida e as porcentagens de genes da raça européia (E), quando se pratica acasalamento visando à absorção total da raça nativa local (L).

Observa-se que, após a terceira geração, a quantidade de heterose que contribui para o desempenho torna-se desprezível. Nesta estratégia, o fator importante é a diferença do valor genético aditivo entre as duas raças. O resultado também depende de quanto o efeito aditivo é maior do que o efeito da heterose.

A produção contínua de animais F1 (Figura 3) mantém a heterose no seu ponto máximo, sendo este esquema uma excelente alternativa para utilização em sistemas de produção. A grande dificuldade é manter uma grande população de

vacas do tipo "local", ou zebuínas, para serem acasaladas com os touros da raça exótica. Uma outra alternativa é a utilização de fêmeas européias, não-elites, para acasalamento com touros zebuínos provados ou em teste de progênie para leite.

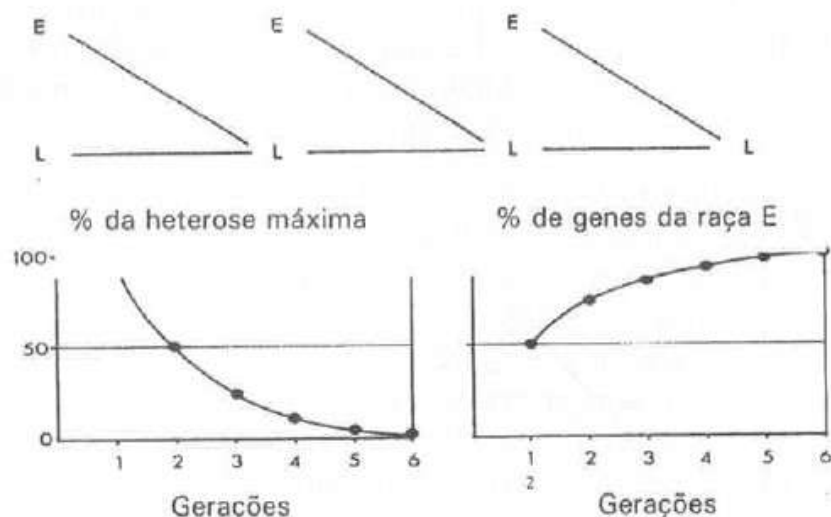


Figura 2. Sistema de Absorção Total: Estrutura da População, Taxa de Heterose Retida e de Genes da Raça Exótica (E).

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

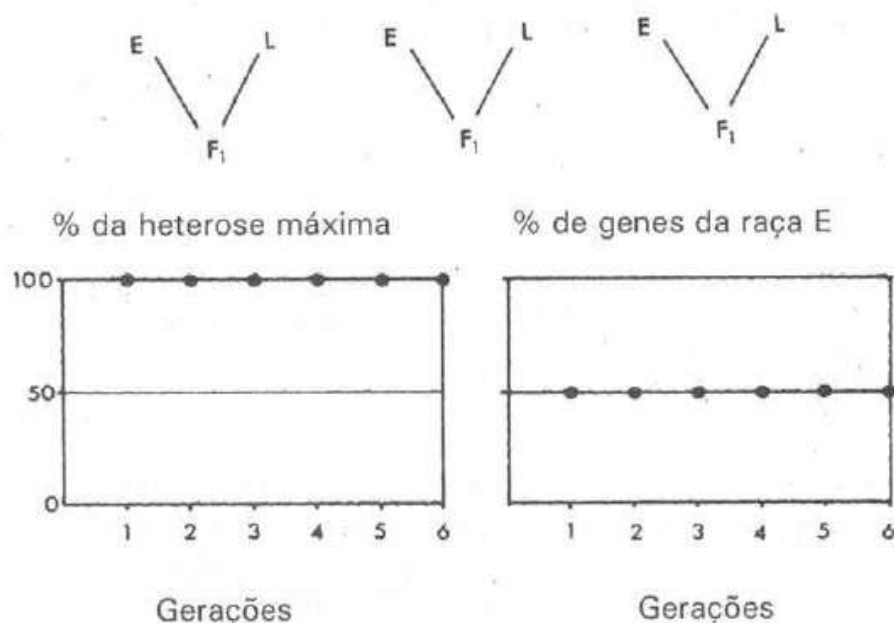


Figura 3. Produção contínua de F₁.

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

Um sistema de cruzamento alternado de duas raças é ilustrado na Figura 4. Este sistema atinge 100% de heterozigose na primeira geração, 50 na segunda, 75 na terceira e se estabiliza em 67% após a quinta geração. Este sistema, como usam machos puros, tem a vantagem de necessitar de uma população pequena de animais comerciais.

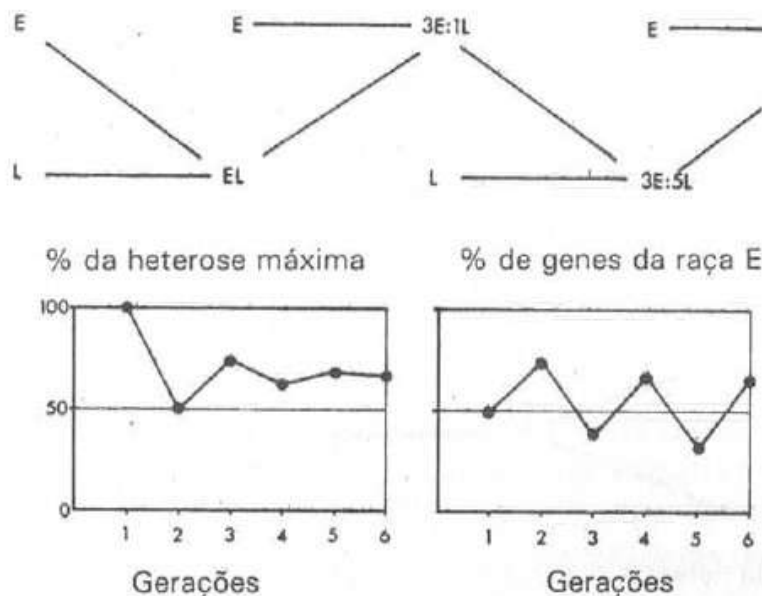


Figura 4. Sistema de cruzamento alternado com duas raças.

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

O sistema de cruzamento contínuo de três raças (Figura 5) é semelhante ao de duas. Cada uma das três raças é usada a cada vez como raça pura por meio dos touros. Admite-se que há uma raça "local" (L) e duas exóticas (E_1 e E_2).

Observa-se que este sistema mantém uma alta taxa de heterozigose. Contudo, se apenas a heterozigose entre $E \times L$ é importante, verifica-se que há uma grande variação na heterose de uma geração à outra e isto pode ser uma desvantagem. Este sistema tem também a desvantagem de ser operacionalmente complexo, requerendo registros das raças de cada vaca e previsão de touros de cada uma das raças puras. O desempenho esperado depende dos efeitos aditivos e da heterose, mas, em média, este sistema é um pouco inferior ao de duas raças (cerca de 17% do efeito de heterose).

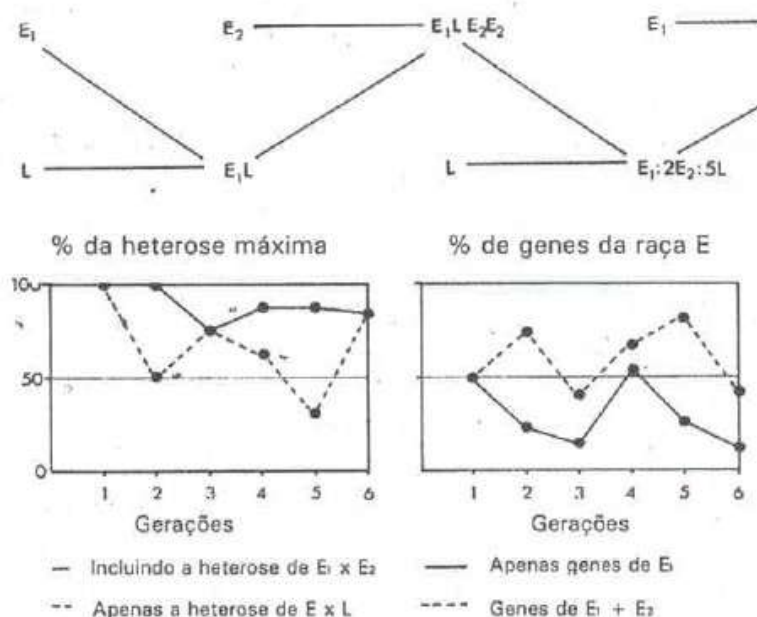


Figura 5. Sistema de cruzamento alternado com três raças.

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

Na formação de populações sintéticas há uma perda significativa da heterose, o que pode ser compensado por um processo eficaz de seleção. O esquema de formação de raça sintética, por meio de duas raças, é mostrado na Figura 6. Este sistema tem uma grande vantagem, que é a simplicidade operacional em relação ao sistema rotativo. Após a produção das F1 na primeira geração, nas demais, os produtos são obtidos pelo acasalamento dos indivíduos selecionados na geração anterior.

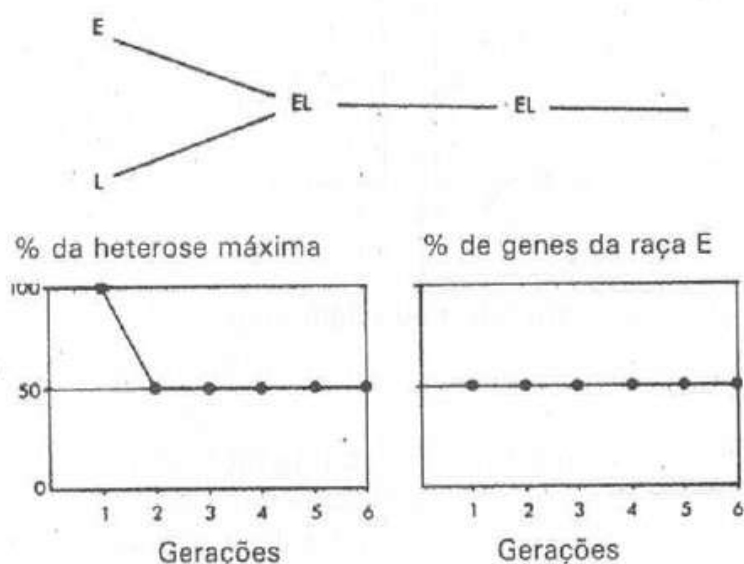


Figura 6. Formação de população sintética usando-se duas raças.

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987).

3. Principais esquemas de cruzamentos utilizados em gado de leite, no Brasil

Na maioria das fazendas de produção de leite do Brasil central predominam animais mestiços de raças européias e zebus. Entretanto, os cruzamentos geralmente não são sistematizados, levando a uma grande diversidade de graus de sangue nos rebanhos, o que dificulta a aplicação de práticas de manejo e alimentação adequadas. De modo geral, os criadores utilizam touro Holandês por um período e, quando surgem animais menos rústicos, retornam com touro zebu, geralmente da raça Gir ou Guzerá. Outros criadores mantêm o touro Holandês nas vacas em lactação e o zebu nas vacas secas e novilhas. Entretanto, são ainda constantes os questionamentos de técnicos e criadores sobre a maneira mais adequada de se utilizar os recursos genéticos existentes, sendo importante a avaliação dos cruzamentos e a definição de esquemas apropriados para cada nível de manejo.

Muitos rebanhos têm sido avaliados isoladamente e com resultados geralmente satisfatórios. Entretanto, uma recomendação generalizada baseada nestes resultados pode não ser o ideal, uma vez que estes resultados são específicos para uma situação e condição de manejo. São necessários experimentos especificamente delineados ou condições que permitam comparações de diferentes grupos genéticos ao mesmo tempo e se possível em variadas situações de manejo.

Poucos estudos têm sido feitos sobre o assunto, provavelmente porque este é um problema dos trópicos e não há um verdadeiro interesse dos países desenvolvidos em solucioná-lo. O Brasil tem sido o país onde mais se tem pesquisado sobre o assunto, apesar de muito pouco em relação à grande população e utilização de gado mestiço para a produção de leite. Entre as muitas opções de cruzamentos, as mais comuns e viáveis de serem executadas são as seguintes:

1. absorção por uma raça européia especializada, no caso a Holandesa, consistindo na utilização contínua de touros Holandeses até atingir o puro por cruza (PC);
2. cruzamento alternado simples, o mais utilizado na prática, em que se alternam as raças paternas a cada geração, obtendo-se animais com aproximadamente 3/4 Holandês: 1/4 Zebu e 3/4 Zebu: 1/4 Holandês (HZ);
3. cruzamento alternado modificado, em que se repete uma raça por mais de uma geração, neste caso a Holandesa, e retorna com a outra, no caso a Zebu, obtendo-se animais com aproximadamente 7/8 Holandês: 1/8 Zebu (HZ), podendo-se chegar ainda até 15/16 Holandês, se as condições de manejo e alimentação forem satisfatórias;
4. formação de uma nova raça sintética, ou seja, o acasalamento entre touros e vacas mestiças, geralmente de um mesmo grau de sangue, por exemplo, Pitangueiras, Santa Gertrudis, Girolando, etc.;
5. utilização contínua de vacas 1/2 sangue Holandês-Zebu (F1).

Uma outra alternativa de cruzamentos é a utilização de uma segunda raça européia, geralmente a Suíça Parda, a Jersey ou a Simental, nos cruzamentos entre o Holandês e o Zebu, obtendo-se animais denominados "tricross".

3.1 Resultados experimentais com cruzamentos no Brasil, utilizando duas e três raças

Em experimento realizado pela Embrapa Gado de Leite, compararam-se as cinco alternativas de cruzamentos descritas anteriormente, em fazendas colaboradoras, classificadas em dois níveis de manejo. Um comum, considerado de baixo nível de manejo tecnológico, cuja média de produção era inferior a 9 kg de leite/vaca/dia e outro melhorado, considerado de alto nível de manejo para gado mestiço (média acima de 9 kg de leite/vaca/dia), mas não o suficiente para uma exploração de animais holandeses puros.

Utilizaram-se 527 fêmeas de seis diferentes composições genéticas Holandês (H): Zebu (Z) para testar estas cinco alternativas. Estas composições foram: 1/4, 1/2, 5/8, 3/4, 7/8 e $\geq 31/32$ H. A absorção por Holandês foi testada com os animais $\geq 31/32$ H, a formação de nova raça com animais 5/8 bimestiços, o cruzamento alternado simples com animais 1/4 e 3/4 H, o cruzamento alternado com repetição do Holandês com animais 1/2, 3/4 e 7/8 H e a reposição contínua com F1 ou 1/2 sangue.

Considerando a formação de uma nova raça mestiça, não existe informação segura de que o grau de sangue mais conveniente seja o 5/8, mas este foi usado porque já existiam as matrizes necessárias. Da mesma forma, a existência de matrizes mestiças, no início do experimento, determinou a escolha da variedade de Holandês e da raça zebu; não havendo, a princípio, qualquer preferência por Holandês Vermelho

e Branco sobre o Preto e do Guzerá sobre o Gir. Desta forma os animais experimentais foram produzidos a partir de matrizes já existentes, sem qualquer seleção, nas quais foi utilizado o sêmen de touros das raças Holandesa e Guzerá, processado por centrais brasileiras, e de touros 5/8 oriundos do mesmo rebanho das matrizes, touros estes com valores genéticos médios ou mesmo desconhecidos, refletindo a situação real predominante no meio criatório da região.

A etapa de produção e cria dos animais ocorreu no Campo Experimental Santa Mônica, da Embrapa Gado de Leite, localizado no Município de Valença, RJ. Com a idade aproximada de 22 meses, as novilhas foram distribuídas a 60 fazendas cooperadoras, de diferentes níveis de manejo, localizadas em bacias leiteiras de maior produção na Região Sudeste do Brasil. As fazendas receberam, no mínimo, um grupo com seis animais (um de cada grupamento genético). Os grupos eram contemporâneos entre si, ou seja, apresentavam idades aproximadas. Uma vez distribuídos, os animais eram manejados seguindo os critérios utilizados pelo fazendeiro. Todos os animais, assim como as contemporâneas de rebanho foram acompanhados zootecnicamente até o fim de sua vida útil.

Os resultados obtidos para a idade e peso à puberdade e idade à primeira concepção mostraram melhores desempenhos para os animais 1/2 sangue (Teodoro et al., 1984). Para o intervalo de partos, os animais 1/2 sangue foram superiores em fazendas de nível baixo de manejo e os 5/8 para as de nível alto (Lemos et al., 1992). Os animais 1/2 sangue (F1) apresentaram maior heterose, traduzido em maior precocidade e peso ao início da função sexual (Madalena et al., 1990).

Estudaram-se também as infestações por bernes, carrapatos e endoparasitos intestinais, verificando-se maiores cargas para os animais com maior percentagem de genes de Holandês. A resistência conferida pelo zebu, aliada a outros atributos relativos à adaptação ao ambiente tropical, constitui uma das justificativas para sua utilização em cruzamentos (Lemos et al., 1985).

Resultados de características da primeira lactação podem ser observados na Tabela 1. Nas fazendas de nível alto de manejo, os animais 1/2, 3/4, 7/8 e $\geq 31/32$ H apresentaram produções aproximadas e foram os que tiveram melhor desempenho. As 1/2 sangue produziram mais gordura e proteína no leite. Nas fazendas de nível baixo, melhores resultados foram observados para os animais 1/2 sangue, seguidos dos 3/4 e 7/8, sendo a expressão da heterose maior para este nível de manejo.

Tabela 1. Características de primeira lactação, em animais de seis graus de sangue Holandês-Zebu, em fazendas de dois níveis de manejo.

Grau de sangue	Nível alto			Nível baixo				
	Duração da lactação (dias)	Produção de leite (kg)	Produção de gordura (kg)	Produção de proteína (kg)	Duração da lactação (dias)	Produção de leite (kg)	Produção de gordura (kg)	Produção de proteína (kg)
1/4	211	1.396	55	48	268	1.180	54	40
1/2	305	2.953	132	100	375	2.636	114	83
5/8	191	1.401	46	43	283	1.423	59	45
3/4	329	2.981	121	94	367	2.251	94	70
7/8	295	2.821	104	84	304	1.672	66	51
H	365	3.147	113	93	258	1.226	49	38

Fonte: Madalena et al. (1990).

Para uma avaliação dos esquemas mais adequados de cruzamentos a serem recomendados, utilizaram-se dados de produção de leite, gordura e proteína, idade ao primeiro parto, mortalidade, consumo de concentrados, custo da novilha, etc., obtendo-se uma indicação mais segura do melhor esquema a ser utilizado, baseado na rentabilidade diária (Tabela 2).

Tabela 2. Produção média de leite e desempenho econômico na vida útil, nas diferentes alternativas de cruzamentos em 60 fazendas colaboradoras, na Região Sudeste do Brasil.

Alternativa de cruzamento	Produção de leite (kg) ^a				Lucro líquido por kg de leite (R\$) ^b	
	Manejo A		Manejo B		Manejo A	Manejo B
	n	Média ± erro-padrão	n	Média ± erro-padrão		
Meio-sangue (F1)	21	2.953 ± 193	59	2.636 ± 107	0.04	0.14
Contínuo (Holandês PC)	15	3.147 ± 215	58	1.226 ± 137	0.03	-0.04
Alternado simples (HZ)	42	2.189 ± 194	118	1.716 ± 129	0.02	0.11
Alternado modificado (HHZ)	45	2.918 ± 193	113	2.186 ± 123	0.04	0.08
Nova raça ou bimestiagem (5/8)	14	1.401 ± 205	58	1.423 ± 137	-0.01	0.06

^a Produção de leite na primeira lactação; ^b Preço do leite a R\$ 0,20/kg, considerando-se a receita com o descarte dos animais.

Manejo A - manejo "melhorado", caracterizado por média diária por vaca entre 9 e 14 kg de leite (6 fazendas);

Manejo B - manejo "baixo ou comum", caracterizado por média diária por vaca abaixo de 9 kg de leite (54 fazendas).

Fonte: Madalena et al. (1990).

Estudo de desempenho de animais no sistema de gado mestiço, a pasto, na Embrapa Gado de Leite, mostrou também um bom desempenho para os animais F1 e os do cruzamento alternado, conforme se observa na Tabela 3.

No mesmo período do trabalho anterior foi estabelecido na Embrapa Gado de Leite um experimento para avaliar a viabilidade dos cruzamentos tríplices em gado de leite. O experimento foi delineado com o objetivo de comparar o desempenho de animais mestiços Holandês: Zebu com os oriundos da adição de uma segunda raça européia (Jersey ou Suíça Parda) ao esquema alternado de cruzamento Holandês x Zebu (Teodoro, 1991).

Compararam-se três grupos genéticos oriundos do acasalamento de fêmeas Holandês: Gir com touros Holandeses, Jersey e Suíço Pardo, sendo o primeiro grupo cruza de duas raças (Holandês e Gir) e os outros dois grupos cruza de três raças, o chamado "tricross".

Observa-se na Tabela 4 que, para as características associadas com a maturidade sexual, as fêmeas "tricross" com Jersey foram mais precoces e mais leves e apresentaram menor intervalo de partos.

Na produção de leite à primeira lactação, não houve diferença significativa entre as mestiças de Holandês e as "tricross" Jersey, com o grupo Holandês sendo superior ao "tricross" Suíço Pardo. Para a duração da lactação, produção de gordura e proteína não houve diferença significativa entre os três grupos estudados. As produções de leite, gordura e proteína, por intervalo de partos, foram iguais para os grupos Jersey e Holandês e menores para o Suíço Pardo.

Tabela 3. Médias e respectivos erros-padrão para desempenho produtivo e reprodutivo nas diferentes alternativas de cruzamentos, no sistema mestiço da Embrapa Gado de Leite¹, no período de 1989 a 1993.

Alternativa de cruzamento	n	Produção de leite por lactação (kg)	Intervalo médio de partos (dias)	Produção de leite por dia de intervalo de partos (kg)
. Meio-sangue (F1)	21	3.770 ± 292	403 ± 20	8,90 ± 0,7
. Contínuo (Holandês PC)	59	2.755 ± 198	417 ± 14	6,99 ± 0,5
. Alternado modificado (HHZ)	166	2.757 ± 159	394 ± 10	7,52 ± 0,3
. Bimestiçagem (5/8 a 3/4)	50	2.636 ± 216	390 ± 15	7,18 ± 0,5

¹ Sistema caracterizado pelo uso de pastagens de braquiária nas áreas montanhosas e capim-elefante e setária nas áreas de baixada.

Fonte: Lemos et al. (1997).

Tabela 4. Características relacionadas com a primeira lactação em animais *Tricross*, de acordo com a raça do pai.

Raça do pai	IPUB (meses)	IDP (meses)	PAP (kg)	DL (dias)	PL (kg)	PG (kg)	PP (kg)	IP (meses)
Holandês	24,8	36,6	400	331	3.004	115	90	13,0
Jersey	21,5	32,1	359	290	2.633	108	78	12,3
Suíço Pardo	26,2	37,9	407	298	2.480	104	83	12,5

IPUB = Idade à puberdade, IDP = Idade ao primeiro parto, PAP = peso ao parto, DL = duração da lactação, PL = produção de leite por lactação, PG = produção de gordura, PP = produção de proteína e IP = intervalo de partos.

Fonte: Teodoro (1991).

Estes grupos genéticos foram mantidos em um mesmo sistema de produção durante toda a vida útil, obtendo-se, ao final, toda o seu desempenho produtivo e reprodutivo, conforme se observa na Tabela 5. A duração da lactação e a produção de leite por lactação foram maiores no grupo genético Holandês do que nas vacas filhas de Jersey e Suíço Pardo, as quais, entretanto, apresentaram maior conteúdo de gordura e proteína. A produção de leite por dia de lactação foi maior em vacas filhas de H, mas as produções de gordura e proteína por dia de lactação não foram diferentes significativamente nos três grupos. Os intervalos de partos mais curtos e a melhor composição do leite dos grupos Jersey e Suíço compensaram a sua menor produção de leite por lactação. As diferenças entre os três grupos para a produção de leite e seus componentes, por dia de intervalo de partos, não foram significativas.

Este resultado tende concordar com a literatura, mostrando maior conteúdo de gordura e proteína para mestiças de Jersey e Suíço Pardo e maiores produções por lactação para as mestiças Holandesas.

Tabela 5. Médias para características de produção de leite e reprodução, em fêmeas de cruzamento tríplice, durante toda a vida útil.

Característica	Raça do Pai		
	Holandês	Jersey	Suíço Pardo
N para características de produção	140	175	165
Características leiteiras por lactação			
Produção de leite (kg)	2.821,19	2.320,11	2.418,02
Produção de gordura (kg)	96,86	86,82	92,77
Produção de proteína (kg)	85,27	71,32	76,29
Duração da lactação (dias)	338,75	283,26	313,45
Conteúdo gordura (%)	3,37	3,73	3,77
Conteúdo proteína (%)	3,02	3,10	3,16
Características leiteiras por dia de lactação			
Produção de leite (kg/dia)	8,50	8,19	7,54
Produção de gordura (kg/dia)	283,46	304,10	286,13
Produção de proteína (kg/dia)	253,24	250,95	236,57
N para intervalo de partos (IP)	104	149	138
Características reprodutivas (IP) e produção			
Produção de leite por dia de IP (kg/dia)	6,68	6,34	5,63
Produção de gordura por dia de IP (g/dia)	221,55	241,32	211,12
Produção de proteína por dia de IP (g/dia)	202,32	196,40	180,86
Intervalo de partos	486,66	408,47	461,23

Fonte: Teodoro et al. (2000).

3.2 Alguns resultados de cruzamentos, em outros países tropicais

Thorpe et al. (1993), no Quênia, observaram que no cruzamento envolvendo a raça zebuína Sahiwal e as raças européias Ayrshire e Holandesa houve uma melhora significativa no desempenho dos animais cruzados, em relação aos puros, sob aquela condição de manejo. Para todas as características estudadas, produtivas e reprodutivas, exceto para intervalo de partos no retrocruzamento com a raça Sahiwal, os animais F1 Holandês x Sahiwal e Ayrshire x Sahiwal apresentaram melhor desempenho do que os animais do retrocruzamento com Sahiwal ou Ayrshire, conforme apresentado na Tabela 6.

Rege (1998) apresenta na Tabela 7 os resultados de uma avaliação de 80 trabalhos de cruzamentos realizados em regiões tropicais, para mostrar a relação entre o desempenho produtivo e a proporção de genes das raças exóticas européias.

Os resultados mostraram um consistente aumento na produção de leite e melhoria da eficiência nas demais características, à medida que se aumentava a proporção de genes de europeu até o 1/2 sangue. Grupos genéticos acima de 1/2 sangue não apresentaram desempenho muito pior do que as F1, para todas as características estudadas, exceto para o intervalo de partos, que foi mais longo quanto maior a proporção de genes de raças européias. Os resultados mostraram

também que houve um ligeiro declínio no desempenho de animais F2 e F3 em relação aos F1; entretanto, não houve perdas significativas do F3 em relação ao F2 e do F4 em relação aos animais F2 e F3, sugerindo que o acasalamento inter, se combinado com seleção, pode ser usado para criar uma população sintética com herança intermediária, como ocorreu no desenvolvimento de várias raças sintéticas, como o *Australian Milking Zebu* (AMZ) e o *Australian Friesian Sahiwal* (AFS).

Tabela 6. Médias por quadrados mínimos e respectivos erros-padrão em cinco grupos genéticos europeu x sahiwal, no Quênia.

Grupo genético	Características				
	IDP (dias)	IP (dias)	DL (dias)	PL (kg)	PLA (kg)
Sahiwal (S)	1.106 ± 16	443 ± 12	271 ± 6	1.154 ± 46	1.091 ± 50
3/4 S : 1/4 A	1.042 ± 15	416 ± 12	274 ± 6	1.234 ± 46	1.251 ± 51
F1 A x S	979 ± 19	449 ± 13	284 ± 7	1.537 ± 50	1.458 ± 54
F1 H x S	967 ± 24	441 ± 17	290 ± 10	1.611 ± 69	1.465 ± 72
3/4 A : 1/4 S	1.005 ± 18	483 ± 12	299 ± 7	1.638 ± 51	1.423 ± 52
Geral	1.020 ± 10	446 ± 07	283 ± 4	1.435 ± 27	1.338 ± 30

IDP = idade ao primeiro parto, IP = intervalo de partos, DL = duração da lactação, PL = produção de leite por lactação, PLA = Produção anualizada de leite, S = raça sahiwal, A = raça Ayrshire e H = raça Holandesa.

Fonte: Thorpe et al. (1993).

Tabela 7. Médias por quadrados mínimos e respectivos erros-padrão para características produtivas e reprodutivas em diferentes grupos genéticos, estimadas de um total de 80 conjuntos de dados, em áreas tropicais.

Proporção de genes da raça europeia	PL (kg)	DL (dias)	IDP (meses)	IP (dias)	PLA (kg)
0	1.322 ± 47	259 ± 6	42,6 ± 0,55	458 ± 5,8	1.058 ± 57,2
1/8	1.637 ± 154	289 ± 17	37,7 ± 2,02	430 ± 18,3	1.402 ± 181,5
1/4	1.709 ± 69	280 ± 8	36,5 ± 0,85	426 ± 8,8	1.384 ± 87,2
3/8	1.766 ± 99	294 ± 15	35,7 ± 0,96	419 ± 9,4	1.544 ± 93,5
1/2 (F1)	2.195 ± 30	309 ± 4	33,7 ± 0,35	415 ± 3,6	1.973 ± 35,5
5/8	2.046 ± 79	289 ± 12	34,5 ± 0,86	423 ± 8,1	1.790 ± 80,0
3/4	2.179 ± 44	317 ± 6	34,6 ± 0,45	445 ± 4,8	1.828 ± 47,5
7/8	2.243 ± 83	313 ± 12	35,5 ± 0,86	448 ± 8,5	1.880 ± 84,4
1	2.420 ± 59	325 ± 8	33,1 ± 0,68	456 ± 7,0	2.031 ± 69,8
F ₂	1.725 ± 105	283 ± 10	37,1 ± 1,05	452 ± 9,9	1.452 ± 98,8
F ₃	1.860 ± 177	309 ± 17	38,0 ± 2,99	441 ± 18,4	1.565 ± 182,6
F ₄	2.659 ± 358	353 ± 35	39,8 ± 2,99	-	-

PL = produção de leite por lactação, DL = duração da lactação, IDP = idade ao primeiro parto, IP = intervalo de partos e PLA = produção anualizada de leite.

Fonte: Rege (1998).

Nas Tabelas 8 e 9 são apresentados os resultados de vários outros estudos em cruzamentos Europeu x Zebu, em diferentes países tropicais. Observa-se pelos resultados uma mesma tendência daqueles obtidos no Brasil, ou seja, as estratégias que mantêm o grau de sangue intermediário são as que apresentaram melhor desempenho produtivo e econômico (Teodoro et al., 1996).

Tabela 8. Desempenho produtivo e econômico médio, durante a vida útil, em diferentes alternativas de cruzamentos em vários países tropicais.

Característica	F1	Alternativa de cruzamento				Raça sintética
		Alternado simples	Alternado modificado	Absorção zebu	Absorção europeu	
Produção anualizada de leite (kg)	1.775	1.565	1.647	851	1.748	1.282
Intervalo de partos (dias)	422	436	444	450	449	438
Idade ao 1º parto (meses)	32.2	33.6	31.7	43.6	30.8	35.4
Lucro por kg/leite (R\$) ¹	0.10	0.08	0.09	0.00	0.08	0.07

¹ Considerando o valor de descarte dos animais.

Fonte: Cunningham e Syrstad (1987) e Teodoro et al. (1996).

Tabela 9. Desempenho produtivo e econômico médio, durante a vida útil, em diferentes alternativas de cruzamentos na Índia.

Característica	F1	Alternativa de cruzamento				Raça sintética
		Alternado simples	Alternado modificado	Absorção zebu	Absorção europeu	
Produção avaliada de leite (kg)	2.164	1.998	1.969	1.577	1.701	-
Idade ao 1º parto (meses)	33.0	40.0	43.0	51.0	45.0	-
Lucro por kg/leite (R\$) ¹	0.14	0.13	0.14	0.08	0.13	-

¹ Considerando o valor de descarte dos animais.

Fonte: Patel et al. (1976) e Teodoro et al. (1996).

4. Considerações finais

- ♦ Os animais 1/2 H-Z (F1) apresentaram desempenho superior aos de outros cruzamentos, em condições de manejo prevalecente nas áreas tropicais, sendo portanto uma alternativa recomendável para estas regiões.
- ♦ Para sistemas com bom nível de manejo, os quais propiciam produções entre 2.800 e 4.200 kg por lactação, as segundas melhores estratégias são a absorção por Holandês (H) e o cruzamento alternado com repetição do Holandês (H-H-Z). Entretanto, este último pode ser mais rentável se forem pagos maiores preços pela gordura e proteína do leite.
- ♦ Em sistemas de manejo que propiciem produções inferiores a 2.800 kg por lactação, além dos animais F1, outra boa opção é a utilização do

cruzamento alternado simples (H-Z), sempre que o produtor tenha condições de praticar monta controlada.

- ♦ Embora o 5/8 bimestiço tenha apresentado baixo desempenho, o desenvolvimento de raças sintéticas pode ser justificado em face da simplicidade do uso desta opção pelos produtores. Por sua vez, seria necessária uma seleção muito intensa, com base na produção, para neutralizar os efeitos da perda de heterose.
- ♦ Dado o bom desempenho reprodutivo e mesmo produtivo das "tricross" Jersey, conclui-se que é viável a alternativa de utilizar touros Jersey em cruzamentos triplices com Holandês e Zebu, para as condições estudadas e principalmente se forem pagos maiores preços pela gordura e proteína do leite. Devido ao menor porte dos animais deste grupo genético, há de se considerar este inconveniente se o aproveitamento de machos é importante.

Considerando os resultados observados no Brasil, conclui-se que para os níveis de manejo predominantes nos trópicos, que não comportam um sistema de produção com gado puro, a manutenção de rebanhos mestiços mediante reposição contínua com novilhas F1 aparece como uma opção importante, tanto pela sua maior lucratividade como pela sua relativa facilidade de aplicação (Madalena, 1993).

Esquemas práticos para a produção das novilhas de reposição são apresentados nas Figuras 7 e 8. O produtor de leite compraria suas novilhas F1 de reposição por intermédio de uma agência organizadora, que poderia ser por exemplo uma cooperativa, uma empresa de extensão ou mesmo uma empresa privada, que manteria um contrato de produção desses animais com as fazendas criadoras ou de zebu (Gir, Guzerá, Indubrasil, etc.), ou de Holandês, não-elites, porém de alto nível zootécnico e sanitário. Os produtores de leite acasaliariam as fêmeas F1 com touros de corte, europeu ou zebu, e venderiam todas as progênie das F1 para a recria e engorda. Possivelmente, o preço de compra das fêmeas F1 de reposição será maior do que os de venda de suas progênie, mas o maior retorno econômico das F1 por vida útil justificaria plenamente este investimento, de acordo com Teodoro et al. (1996) e Silvestre et al. (1997).



Figura 7. Esquema de reposição contínua com fêmeas F1 utilizando matrizes zebuínas (Madalena, 1993).

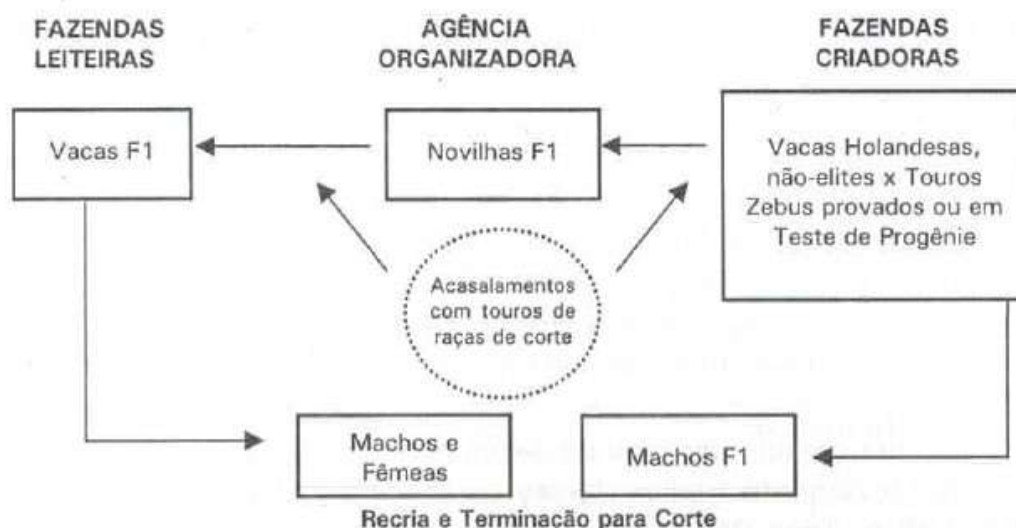


Figura 8. Esquema de reposição contínua com fêmeas F1 utilizando matrizes Holandesas.

5. Bibliografia consultada

- CUNNINGHAM, E.P.; SYRSTAD, O. Crossbreeding *Bos indicus* and *Bos taurus* for milk production in the tropics. Rome: FAO, 1987. 90p.
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa: Imprensa Universitária, 1981. 279 p.
- LEMOS, A.M.; TEODORO, R.L.; OLIVEIRA, G.P.; MADALENA, F.E. Comparative performance of six Holstein - Friesian x Guzerá grades in Brazil, 3. Burdens of *Boophilus microplus* under field conditions. *Animal Production*, Edinburgh, v. 41, n. 2, p. 187-191, 1985.
- LEMOS, A.M.; MADALENA, F.E.; TEODORO, R.L. Comparative performance of six Holstein - Friesian x Guzerá grades in Brazil, 5. Age at first calving. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 15, n. 1, p. 73-83, 1992.
- LEMOS, A.M.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L. Efeito da estratégia de cruzamentos sobre características produtivas e reprodutivas em vacas do sistema mestiço do CNPGL-EMBRAPA. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa. v.26, n. 4, p. 701-708, 1997.
- MADALENA, F.E.; TEODORO, R.L.; LEMOS, A.M. Evaluation of strategies for crossbreeding of dairy cattle in Brazil. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.73, p.1887-1901, 1990.
- MADALENA, F.E.; LEMOS, A.M.; TEODORO, R.L. Consequences of removing the variation in lactation length on the evaluation of dairy cattle breeds and crosses. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 15, n. 3, p. 585-593, 1992.
- MADALENA, F.E. La utilización sostenible de hembras F1 en la producción del ganado lechero tropical. In: ESTUDIO FAO producción y sanidad animal. Roma: FAO, 1993. 98p.
- PATEL, R.K.; KUMAR, P.; GANGADHARAN, T.P. Economics of crossbred cattle. Karnal: National Dairy Research Institute, 1976. 161 p.

REGE, J. E. O. Utilization of exotic germplasm for milk production in the tropics. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. Proceedings... Armidale, v.25, 1998. p.193-200.

SILVESTRE, J.R.A.; MADALENA, F.E.; MADUREIRA, A.P. Fazendeiros de Minas Gerais fazem cruzamento "meio-sangue" F1 para produção de leite. Cadernos Técnicos da Escola de Veterinária da UFMG, Belo Horizonte, n. 18, p. 37-40, 1997.

TEODORO, R.L.; LEMOS, A.M.; BARBOSA, R.T.; MADALENA, F.E. Comparative performance of six Holstein-Friesian x Guzera grades in Brazil: 2 - Traits related to the onset of the sexual function. Animal Production, Edinburgh, v.38, n.2, p.165-170, 1984.

TEODORO, R.L. Estudo comparativo do desempenho de vacas mestiças Holandês: Gir e vacas do cruzamento tríplice Jersey ou Suíço x Holandês Gir. Viçosa, MG: UFV, 1991. 156 p. Tese Doutorado.

TEODORO, R.L.; MADALENA, F.E.; SMITH, C. The value of F1 dairy taurus-indicus embryos for milk production in poor environments. Journal of Animal Breeding Genetics, Berlim, v.113, p. 471-481, 1996.

TEODORO, R.L.; MADALENA, F. E.; LEMOS, A.M. Cruzamento tríplice de raças leiteiras: Avaliação de cruzamentos de touros Jersey e Pardo-Suíço com vacas girolando. 1. Produção e reprodução. Arquivos Técnicos da Escola de veterinária da UFMG, Belo Horizonte, 2000 (no prelo).

THORPE, W.; KANG'ETHE, P.; REGE, J.E.O. Crossbreeding Ayrshire, Friesian and Sahiwal cattle for milk yield and preweaning traits of progeny in the semiarid tropics of Kenya. Journal of Dairy Science, Champaign, v.76, p.2001-2012, 1993.

TOUCHBERRY, R. W. Crossbreeding effects in dairy cattle: the Illinois experiment, 1949 to 1969. Journal of Dairy Science, Champaign, v.75, p.640-667, 1992.

Fatores não-genéticos que afetam a produção de leite

Nilson Milagres Teixeira¹

1. Introdução

Um grande número de fatores não-genéticos ou de meio ambiente afeta a produção de leite das vacas e contribuem com cerca de 75% da variação da produção. Alguns são externos, como região, rebanho, diferenças sazonais de ano para ano etc. Outros são internos ou de natureza fisiológica, como idade, gestação, lactação, efeitos maternos etc. Muitos destes fatores podem ser medidos e os seus efeitos sobre a produção conhecidos, permitindo o estabelecimento de padrões de variação. Dentre os mais importantes, destacam-se: duração da lactação, número de ordenhas, idade da vaca, época de parição, período de serviço, período seco etc.

Nas avaliações genéticas de vacas e touros, é necessário que se considerem todos os fatores de meio ambiente que influenciam o desempenho dos animais, ajustando-se os registros para uma base comum de comparação. Não sendo possível o ajustamento prévio, os efeitos de ambiente devem ser considerados no modelo de avaliação. Neste capítulo procura-se informar sobre os principais fatores não-genéticos que afetam a produção de leite.

2. Fatores não-genéticos

2.1 Duração da lactação

Durações diferentes das lactações são responsáveis por diferenças nas quantidades de leite produzido (Figura 1). A quantidade de leite produzido num período de lactação de 305 dias é o padrão comumente adotado nas avaliações genéticas. A principal vantagem da produção com duração de 305 dias é que ela corresponde mais de perto ao ciclo reprodutivo de uma vaca com um parto por ano. Além disso, a produção neste período é pouco ou não é afetada pela gestação. Um período de lactação de 305 dias permitirá também um período seco entre seis e oito semanas.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – nilson@cnpq.embrapa.br

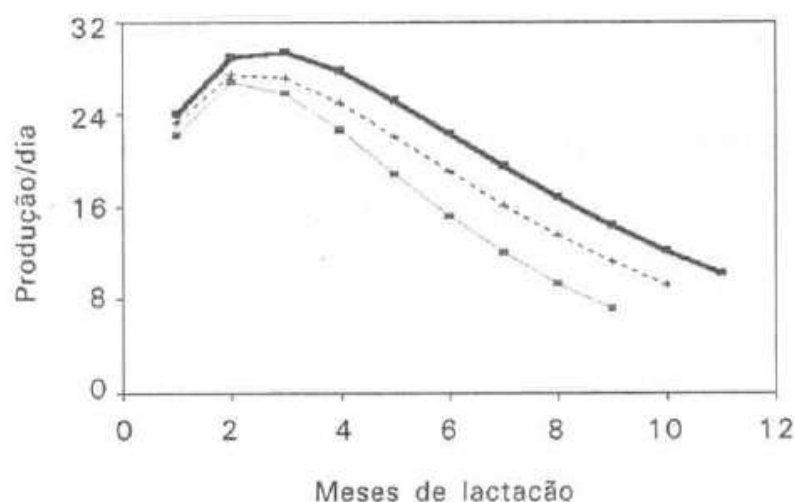


Figura 1. Curvas de lactação de diferentes durações - Raça Holandesa.

Fonte: Durães et al. (1991).

Nos países de clima temperado, a duração das lactações é pouco variável. O número de lactações que encerram antes dos 300 dias é relativamente pequeno, sendo que, nestes países, existe pouca relação entre o período da lactação e produção de leite. O mesmo não ocorre em condições tropicais, em que os períodos de lactação são muito variáveis.

Pela Figura 1 conclui-se que durante determinada lactação a produção geralmente aumenta por algum tempo após o parto, aproximadamente até três a sete semanas e depois decresce. Entretanto, existe variação na forma da curva de lactação entre vacas e entre lactações da mesma vaca. Idade da vaca, estação de parição e gestação possuem, por exemplo, efeitos importantes. A produção na lactação pode ser descrita, de certa forma, conhecendo-se o ponto da produção máxima e a taxa de decréscimo a partir deste. Esta taxa ou declividade fornece indicação sobre persistência da lactação.

O desempenho durante uma porção da lactação pode ser usado para previsão da lactação total. Para tanto, utilizam-se fatores de projeção das lactações para 305 dias. No caso de lactações com períodos maiores do que 305 dias, em geral, faz-se truncamento aos 305 dias, isto é, despreza-se a produção além desse período.

2.2 Número de ordenhas

Vacas de leite geralmente são ordenhadas duas vezes ao dia. Se o número de ordenhas for diferente de duas, a produção deverá ser ajustada para duas, de forma que todas as vacas estarão na mesma base de comparação. Isto é feito multiplicando-se a produção por fator apropriado. Há indicação de aumento de 30% na produção quando se passa de uma para duas ordenhas. Neste caso, o fator seria 1,3. Aproximadamente 15% de aumento na produção é esperado ao se passar de duas para três ordenhas, portanto, ao se converter lactações de três ordenhas para duas, multiplica-se a produção por 0,85. Mesmo em países de pecuária leiteira

adiantada somente uma pequena porção das vacas são ordenhadas mais de duas vezes. Dessa forma, produções de vacas ordenhadas três vezes ao dia são geralmente ignoradas nas avaliações de touros.

2.3 Idade ao parto

A produção de leite varia com a idade da vaca ao parto de forma curvilínea (Figura 2).

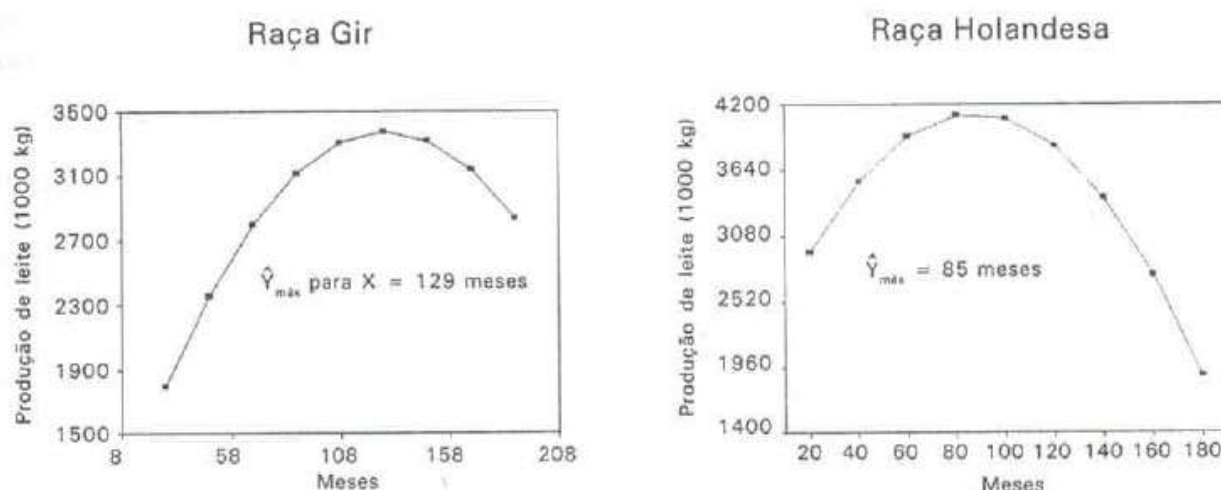


Figura 2. Relação entre produção e idade nas raças Gir (Verneque, 1982) e Holandesa (Ribas, 1981).

À medida que uma vaca tende para a idade à maturidade, sua produção aumenta até um máximo entre cinco e oito anos e daí declina gradualmente. Quando se pretende comparar a produção de vacas em um rebanho, deve ser feito algum ajustamento para diferenças de idade. É importante lembrar que a influência da idade sobre a produção é diferente entre as raças (Figura 2).

2.4 Estação de parição

O efeito da idade ao parto sobre a produção poderá depender da época de parição, pelo que fatores de ajustamento para idade poderão ser necessários para cada estação de parição. Vacas paridas na estação das águas produzem menos do que as paridas na estação das secas e vacas de idades mais avançadas são mais afetadas pelos partos na estação das águas do que vacas mais jovens. Além disso, o ajustamento das produções para ambas, idade e estação de parição, deverá ser feito dentro da raça. Uma produção ajustada, neste caso, indica a quantidade de leite que a vaca teria produzido se ela tivesse parido à idade adulta e numa estação padrão.

2.5 Níveis de manejo e alimentação

O fator mais importante de meio ambiente que afeta a produção é denominado efeito de rebanho. Vários efeitos combinados constituem efeito de rebanho. Manejo

e alimentação influem na produção das vacas em um rebanho, além disso, podem variar entre rebanhos e no mesmo rebanho ao longo dos anos. Quando se comparam produções em diferentes rebanhos deve-se, portanto, considerar os efeitos de rebanho e ano. É possível também que variação sazonal na produção seja diferente de ano para ano.

2.6 Período de serviço

O período de serviço ou o intervalo do parto à concepção, grandemente afetado pelas condições de ambiente, pode influenciar a produção. Um período de serviço de 75 a 90 dias parece ideal para produção eficiente (Figura 3), uma vez que acima de 90 dias os acréscimos em produção são decrescentes.

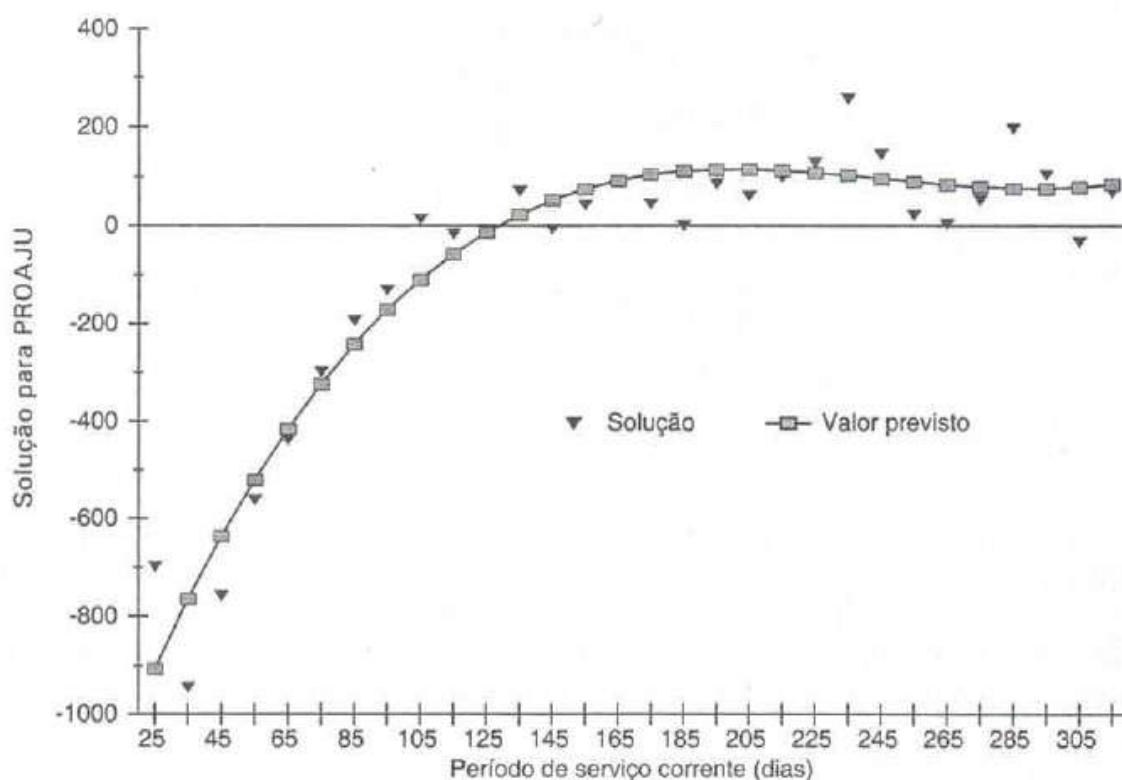


Figura 3. Relação entre produção de leite até 305 dias ajustada à maturidade (PROAJU) e período de serviço corrente.

Fonte: Teixeira et al. (1999).

2.7 Período seco

A duração do período de descanso do úbere ou período seco precedente, de determinada lactação, já foi e continua sendo também motivo de preocupação em avaliações genéticas. A influência do período seco sobre produção pode ser vista na Figura 4. Vacas com períodos secos inferiores a 40 dias foram as que produziram menos leite na lactação seguinte e as com períodos secos de aproximadamente 80 dias que produziram mais, sendo este período próximo ao relatado para rebanhos em países de pecuária leiteira desenvolvida.

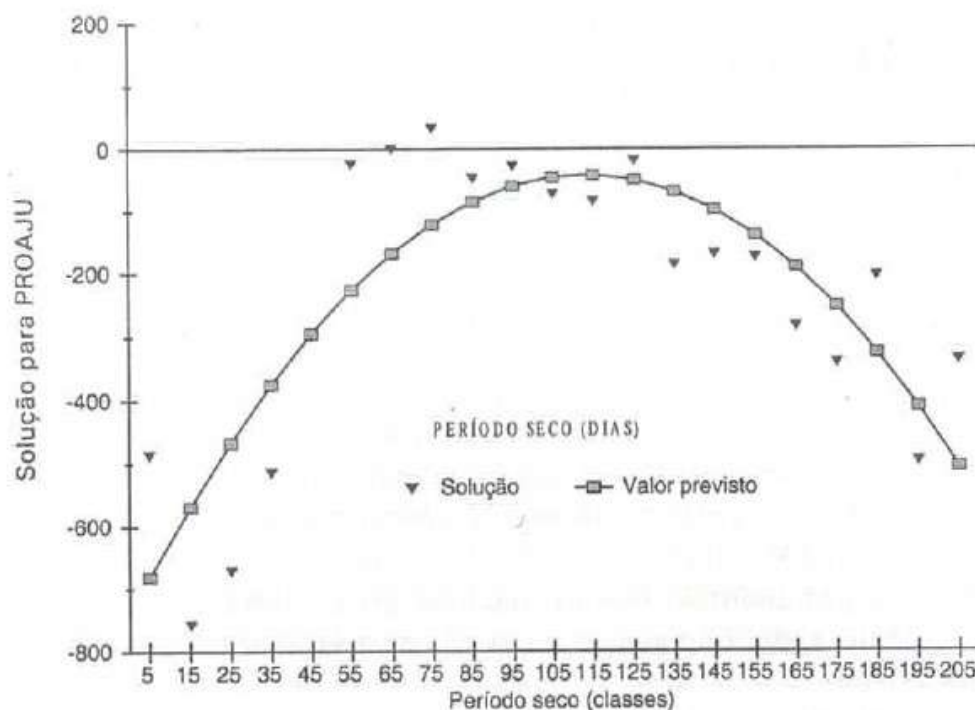


Figura 4. Relação entre produção de leite até 305 dias ajustada à maturidade (PROAJU) e período seco anterior.

Fonte: Teixeira et al. (1999).

3. Ajustamentos para fatores de meio ambiente

É necessário que os efeitos dos fatores de meio-ambiente sejam removidos por meio de ajustamentos, quando se estimam valores genéticos dos animais. Alguns métodos propostos são:

- ♦ **Comparações dentro de classes** – São aplicáveis quando existem muitas observações dentro da classe. Exemplo: Efeitos de rebanho, ano e estação são eliminados pela comparação da produção de uma vaca com as companheiras de rebanho, isto é, vacas que pariram no mesmo rebanho, ano e estação do ano.
- ♦ **Padronização por meio de fatores de ajustamento** – São aplicáveis para efeitos com número de classes limitadas e de padrões conhecidos. Se o ajustamento for realizado para a classe mais freqüente, haverá menos produções para serem ajustadas. Este método é usado para os fatores idade ao parto, duração da lactação, ordem de parição, período de serviço.
- ♦ **Covariáveis** – São aplicáveis principalmente para os efeitos com uma grande amplitude de variação nos seus valores. Neste caso, o efeito é incluído como covariável no modelo estatístico para avaliação genética. São exemplos, idade ao parto e período de serviço.
- ♦ **Eliminação dos efeitos** – Aplicável para os casos em que os efeitos são incluídos no modelo de avaliação, sem necessidade de estimação dos mesmos, pela técnica conhecida como absorção. Exemplos de fatos são: rebanho, ano e estação.

Vacas paridas no mesmo rebanho e estação de ano, cujas produções são ajustadas para a idade, podem ser comparadas com relativa segurança. Se forem paridas em diferentes estações, a comparação pode ser feita, desde que as produções sejam expressas como diferenças da média do rebanho e estação.

Efeito de rebanho é responsável por 20 a 30% das diferenças na produção de leite. Por sua vez, efeitos de rebanho, ano, estação e suas interações são responsáveis por 30 a 50% de variação das produções ajustadas para idade e período de lactação. O objetivo, portanto, ao se expressarem as lactações como diferenças das médias de companheiras de rebanho, é remover a maioria desta variação.

Fatores de ajustamento para período de serviço, se usados, tenderão a melhorar as avaliações genéticas para produção de leite. Resultados de trabalhos com avaliação de touros indicam que o ajustamento para período de serviço é desejável. Entretanto, registros de monta pouco precisos ou inexistentes podem inviabilizar tais ajustamentos.

Autores argumentam que os mesmos genes afetam produção de leite e o período seco, isto é, período seco e produção apresentam correlação genética, não sendo aconselhável o ajustamento da produção de leite para o período seco. Outra justificativa, para não se ajustar as lactações para período seco anterior, é que a heritabilidade dessa característica é alta. Também pesquisadores já sugeriram que talvez a heritabilidade tenha variado com o tempo para valores mais baixos, tornando-se necessário o ajustamento para período seco.

Pelo sumário dos fatores que afetam a produção de uma vaca e das providências a serem tomadas, se houver interesse pela sua capacidade de produção (Tabela 1), conclui-se que a produção observada de uma vaca não informa sobre a sua capacidade de produzir. Mesmo a produção à idade adulta pouco informa a este respeito. Além disso, se forem utilizados fatores inadequados para padronização das produções, perde-se em precisão nas avaliações.

Tabela 1. Sumário de fatores que afetam a produção e o que deve ser feito para ajustamento.

O que afeta a produção de uma vaca	O que pode ser feito?
1. Período de lactação	Padronizar as produções para 305 dias, duas ordenhas e idade à maturidade
2. Número de ordenhas	
3. Idade	
4. Raça	Comparar a produção da vaca com as das companheiras de rebanho.
5. Rebanho	
6. Ano	
7. Estação	
8. Condições temporárias	Se a vaca possui mais de um registro, utilizar a média, de modo que efeitos positivos e negativos tendam a se cancelar.
– Intervalo de partos	
– Período seco	
– Doença	
– Acaso e outras	

Também se a média das companheiras de rebanho da vaca avaliada não for representativa do manejo onde se encontram, perde-se em precisão. Além disso, espera-se que a inclusão de várias produções da mesma vaca possa anular efeitos de condições temporárias afetando a lactação.

4. Bibliografia consultada

DURÃES, M.C.; TEIXEIRA, N.M.; FREITAS, A.F. Curvas de lactação de vacas holandesas mantidas em confinamento total. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, Belo Horizonte, v.43, n.5, p.447-458, 1991.

RIBAS, N.P. Fatores de meio e genéticos em características produtivas e reprodutivas de rebanhos Holandês da bacia leiteira de Castro, estado do Paraná. Viçosa, MG, UFV, 1981. 141p. Dissertação de Mestrado.

TEIXEIRA, N.M.; VALENTE, J.; FREITAS, A.F.; FERREIRA, W.J. Influência dos períodos de serviço e seco sobre a produção de leite em 305 dias na raça holandesa. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32, 1995, Brasília. *Anais...* Brasília: SBZ, 1995, p.706-708.

VERNEQUE, R.S. Fatores genéticos e de meio em características produtivas e reprodutivas de um rebanho Gir Leiteiro. Viçosa, UFV, 1982. 93p. Dissertação de Mestrado.

Características de tipo

Marcus Cordeiro Durães¹

1. Introdução

O conhecimento da aparência, características leiteiras, capacidade corporal, pernas e pés e sistema mamário conforme os padrões da raça fornece ao produtor elementos necessários para escolher os animais de acordo com o tipo. A conformação mais correta de cada parte do animal e a descrição do que seja padrão ideal de cada raça auxiliam o produtor a selecionar os animais pelo tipo. Atualmente, as associações de criadores têm empregado sistemas de classificação linear visando produzir animais com tipo funcional, que seria o padrão do animal capaz de suportar altas produções durante muitas lactações. Todavia, existem criadores que, além do tipo funcional, orientam seus programas de seleção visando à obtenção de animais que tenham harmonia de inserções das partes do corpo e estilo. Desse modo, pode haver animais de boa produção leiteira com boa conformação aproximando-se do tipo padrão da raça.

As características de tipo que estão associadas à longevidade são as de úbere, e, em particular, a colocação das tetas, profundidade de úbere e ligamento do úbere anterior. A pesquisa tem mostrado que as vacas com profundidade de úbere intermediária permanecem no rebanho por mais tempo, quando comparadas com as vacas com úbere muito profundo e/ou muito rasos. Provavelmente, as vacas de úbere rasos são piores produtoras e aquelas de úbere muito profundo sofrem maiores danos no seu sistema mamário e, possivelmente, adquirem mastites mais facilmente.

A despeito de muitos produtores enfatizarem pés e pernas, estudo do desempenho produtivo durante a vida útil sugere que as características de pés e pernas têm um impacto muito menor do que aquelas ligadas à produção e úbere.

A vaca deve possuir o tamanho de acordo com o padrão da raça. O tamanho é uma característica de conformação que inclui o peso e a estatura do animal. Para demonstrar a importância do tamanho de um animal, considere, por exemplo, uma vaca com 600 kg de peso produzindo diariamente 20 kg de leite. Ela necessita ingerir 17 kg de alimento por dia, em média (medido na base de matéria seca). Ao contrário, uma vaca de mesmo peso, que produza 10 kg de leite por dia, necessita de 13 kg de alimento por dia. Portanto, somente uma vaca, em vez de duas, é necessária para se produzir 20 kg de leite, e neste particular, cerca de 9 kg de alimentos são economizados diariamente. Porém, uma vaca de menor tamanho, com a mesma produção de uma vaca grande, usualmente produz leite mais economicamente (Wattiaux, 1995).

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – dcm075@cnpqgl.embrapa.br

Nos últimos 20 anos surgiram diversas publicações sobre o sistema de classificação linear. Um dos principais objetivos deste sistema é identificar outras características associadas à longevidade, a qual é muito importante para criadores. Neste sentido, estudos foram feitos para verificar a relação entre características de tipo, produção de leite, e vida produtiva para vacas da raça Holandesa. Detalhes sobre o sistema linear de classificação de vacas Holandesas podem ser encontrados em publicações da Associação Americana de Gado Holandês, em Lucas et al. (1984) e no *Royal Dutch Cattle Syndicate* (1996).

Para um melhor entendimento sobre o sistema de classificação linear diversos "workshops" têm sido realizados com o objetivo de padronização dos sistemas empregados na avaliação visual de bovinos em diferentes partes do mundo. O último deles foi realizado em 1996, no Japão. As características lineares de tipo, segundo estes grupos de trabalhos, formam a base de todos os sistemas modernos de classificação de tipo e servem para descrever a conformação de uma vaca ou touro de raças leiteiras. A classificação linear é baseada nas medidas de conformação e não no emprego de meras opiniões (Hewitt, 1996).

2. Características lineares

As características lineares podem ser divididas em dois grupos: padrões e opcionais. No "workshop" realizado no Japão, as características aprovadas e consideradas como padrão, que deveriam ser utilizadas em todos os países que realizam a classificação linear de seus animais, são as seguintes:

- ♦ Estatura
- ♦ Profundidade do corpo
- ♦ Ângulo da garupa
- ♦ Largura da garupa
- ♦ Posição das pernas posteriores
- ♦ Ângulo do pé
- ♦ Inserção dos ligamentos anteriores do úbere
- ♦ Altura do úbere posterior
- ♦ Ligamento central do úbere
- ♦ Profundidade do úbere
- ♦ Colocação das tetas anteriores
- ♦ Comprimento das tetas

Além dessas características que devem ser comuns a todos animais, em todos os países que empregam o sistema de classificação linear, duas outras, como a angulosidade e a largura do peito, podem ser incluídas, embora elas não atendam aos requerimentos de uma característica padrão, em virtude de alguns técnicos e criadores as considerarem como essenciais para a descrição de um animal.

As características opcionais são aquelas que não se enquadram dentro daquelas consideradas como padrão, porém, segundo participantes dos *workshops*, elas são importantes em alguns países. Assim, elas podem ser usadas dentro dos procedimentos de classificação linear adotado em um país, porém, elas não necessitam estar em harmonia com o referencial adotado nos diferentes países.

Outra preocupação dos pesquisadores é o estudo de características morfológicas específicas, como por exemplo aquelas ligadas ao úbere para verificar se existe alguma

relação entre essas características com a permanência dos animais no rebanho. Neste particular, alguns autores reportaram que a profundidade do úbere e as inserções do seus ligamentos podem servir como características importantes na seleção indireta para controle de mastite.

As principais vantagens do sistema linear segundo Thompson (1981 e 1983) e Durães (1997 e 1998), são as seguintes:

- ♦ as características são avaliadas individualmente;
- ♦ os escores cobrem de um extremo a outro do animal, numa escala biológica;
- ♦ descrição de cada característica, porém, não faz a indicação do aspecto desejado;
- ♦ permitir a remoção dos efeitos ambientais (idade, estágio de lactação e rebanho);
- ♦ utilizar todos os dados no cálculo da média das filhas;
- ♦ permitir maior representatividade relativa às diferenças entre vacas.

O classificador, ignorando idade e estágio de lactação, atribui os escores lineares. Portanto, se idade afetar a característica, o efeito da idade deverá ficar no escore linear não ajustado para a característica. Estudos realizados com dados de um programa de classificação linear evidenciaram que a ordem de partos afeta significativamente as seguintes características: úbere anterior, profundidade do úbere, altura e largura do úbere posterior.

A diferença entre idade das vacas não afeta significativamente os escores lineares dos membros, pernas e pés, quando a vaca é observada lateralmente e por trás. Outro estudo encontrou interação entre o classificador e ordem de parto quanto à forma do animal, capacidade corporal, profundidade do úbere e largura do úbere posterior (Thompson, 1980).

A avaliação genética, tanto de vacas quanto de touros, é baseada nos registros de produção obtidos pelos serviços de controle leiteiro, e na genealogia dos animais. Os resultados destas avaliações são utilizadas como *marketing* pelas centrais de inseminação para auxiliar na comercialização de sêmen de seus touros. A interpretação correta das avaliações genéticas de conformação e produção, contidas nestes catálogos, permite aos criadores escolherem sêmen de touros que possam melhorar a qualidade genética dos seus rebanhos, por meio de acasalamentos seletivos, e, assim, maximizar a produção de leite (Durães, 1985; Durães e Freitas, 1999).

No Brasil, o escore linear dado aos animais classificados visualmente é realizado por um técnico devidamente treinado, e, no caso da raça Holandesa, este técnico é credenciado pela Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa.

Dentro da raça Holandesa, existem diferenças nas escalas de classificação linear adotadas nos diferentes países. Entretanto, estas diferenças não puderam, por consenso, ser padronizadas. Seis países, e entre eles o Estados Unidos, adotaram uma escala que vai de 1 a 50, enquanto 20 outros países pesquisados adotaram uma escala de um a nove, como descrito por Hewitt (1996). Na Tabela 1, estão listados o nome de 14 países e o sistema por eles adotados.

Ambas as escalas apresentam vantagens e desvantagens. Castro (1985) e Durães (1998) descreveram o sistema de classificação linear americano e Magalhães Junior (1999), o sistema a classificação linear canadense. A maioria das

características lineares pode ser medida em centímetros. Deste modo, os escores podem ser convertidos para medidas reais. Assim sendo, não é necessário ter a mesma escala para descrever o animal. O conhecimento da escala é suficiente para entender o sistema de escore adotado. Não há nenhum problema de se utilizar qualquer uma das escalas (1 - 9 ou 1 - 50). Os criadores, de maneira geral, querem obter informações sobre o mérito genético dos touros e não sobre a escala utilizada para colher as informações. A média do escore linear na escala de 1 a 9 está em torno de $5 \pm 1,47$ e na escala de 1 a 50, a média é em torno de $25 \pm 7,4$.

Tabela 1. Relação dos países que adotam o sistema de classificação linear e a respectiva escala de pontuação.

Países	Padrão	Opcionais	Extra	Escala	Observações
Áustria	12	2	6	1 - 9	
Austrália	12	2	-	1 - 9	
Bélgica	12	2	5	1 - 9	
Brasil	11	2	7	1 - 9	Não mede o ângulo do pé
Bulgária	12	2	2	1 - 50	
Canadá	12	2	7	1 - 9	
Dinamarca	11	2	4	1 - 9	Largura ou altura do úbere posterior
Estônia	11	-	2	1 - 9	Colocação das tetas
Finlândia	10	-	2	1 - 9	Não avalia a garupa
Israel	12	-	-	1 - 9	
Itália	12	2	1	1 - 50	
Japão	12	2	3	1 - 50	
Holanda	12	2	-	1 - 9	Diagonal do casco
U.S.A.	12	2	3	1 - 50	

Padrão = Número de características (max = 12); Opcionais (max = 2) e Extra = (outras características).

3. Características gerais

São consideradas características gerais aquelas combinadas e que não podem ser avaliadas numa escala linear no sentido biológico. Trata-se de uma avaliação subjetiva utilizada para descrever o padrão desejável de uma vaca leiteira que pode variar de acordo com o padrão de melhoramento genético adotado em cada país. Em razão destas diferenças, torna-se difícil harmonizar as diferentes tendências quando elas são baseadas numa escala subjetiva de valores. Contudo, como o uso internacional de touros está aumentando, haverá possibilidades de se desenvolver no futuro, um sistema internacional de classificação. Os pontos iniciais deste sistema deverão partir das características de úbere, pernas e pés e da caracterização leiteira.

Considerando-se as características gerais, as vacas são avaliadas e recebem um escore final que pode variar de 65 a 99 pontos. Todavia deve-se tomar algumas precauções quando se calcula o escore final. Por exemplo, quando a estatura é superior a 1,45 cm para as vacas de primeira cria e acima de 1,50 cm para as vacas de segunda ou mais crias, deve-se dar um escore menor quando se avalia o tamanho

do animal, visto que as vacas grandes ainda não provaram serem economicamente mais eficientes. Além disso, quanto se faz a avaliação do úbere, as vacas de primeira e segunda lactação, usualmente, não recebem mais do que 89 pontos.

As características compostas levam em conta diversos fatores dentro do contexto do sistema de classificação linear adotado em cada país. Nos países europeus, devido à exploração de animais com duplo-propósito, é comum valorizar a massa muscular pois os bezerros oriundos de pecuária leiteira têm valor de abate, enquanto em outros países, isto pode ter pouca importância. Hewitt (1996) descreveu os seguintes compostos:

- ♦ Úbere (inserção do úbere anterior, ligamento suspensório, profundidade, colocação e posicionamento das tetas);
- ♦ Pernas e pés (existem ainda poucas informações úteis para descrever todas as situações);
- ♦ Corpo (estatura, largura do tórax, profundidade do corpo, largura da garupa).

Em razão das diferenças entre países, no nível genético, e a existência da variação genética nas provas de touros, torna-se importante que se faça uma conversão para padronizar as características de tipo. No momento, somente as características lineares padronizadas são adequadas para a conversão, considerando a alta correlação (0,9) entre a prova original e a convertida. Contudo, de acordo com Hewitt (1996), esta tarefa será muito difícil de ser concretizada devido à imprecisão na conversão dos escores subjetivos utilizados nos índices compostos e características gerais.

Entretanto, é recomendável que as provas sobre o mérito genético de bovinos sejam padronizadas quanto à avaliação da conformação, seguindo regras que sejam básicas para todos, as quais devem constar de:

- ♦ técnica de avaliação moderna para que se possa obter uma avaliação não-viciada;
- ♦ os dados devem ser ajustados para os efeitos de idade, estágio de lactação e estação do ano. Os classificadores não devem fazer nenhum ajuste no momento da classificação;
- ♦ correções para a variação entre classificadores. Isto deve ser feito para se evitar a heterogeneidade da variância;
- ♦ informações sobre as companheiras de rebanho que são as vacas contemporâneas dos animais avaliadas, na mesma lactação, e classificadas em uma mesma visita realizada pelo classificador.

4. Exterior de uma vaca leiteira

Quando se examina uma vaca leiteira pelo seu exterior, de acordo com Peixoto (1990) e Durães (1998), de imediato podem ser notados alguns pontos que chamam atenção: grande desenvolvimento do úbere e veias mamárias; forma

angulosa e descarnada; grande capacidade do tronco em proporção ao tamanho do animal. A Figura 1 representa o padrão ideal de uma vaca Holandesa segundo os critérios de classificação americana.

Observando o animal, pode-se notar ou imaginar três cunhas. Estas cunhas podem ser vistas nas fotos apresentadas na Figura 2, onde as vacas podem ser observadas lateralmente, por detrás e de frente. Na Foto 1, a vaca é vista lateralmente: traça-se uma reta pela linha dorsal, e outra, partindo da base das tetas, passando pelo ventre e peito, encontrando-se as duas retas adiante da cabeça do animal. A segunda cunha pode ser vista na Foto 2, olhando-se o animal pela frente. Ela é formada por duas retas que, partindo da ponta da cernelha, descem ao longo de cada uma delas. A terceira cunha pode ser notada na Foto 3, observando o animal por detrás. Ela é formada por duas retas que, partindo das pontas dos ileos, vão se encontrar no vértice da cernelha.



Figura 1. Perfil de uma vaca Holandesa classificada como *True Type*.

Fonte: American Holstein Association.

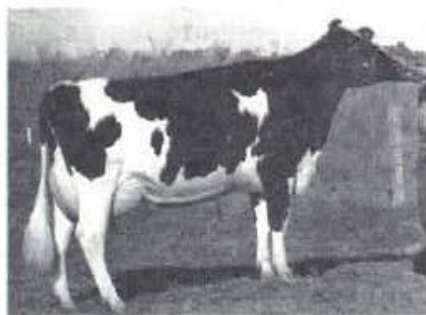


Foto 1

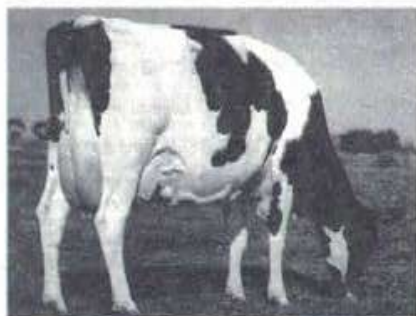


Foto 3



Foto 2

Figura 2. Fotos de três vacas observadas lateralmente (Foto 1), de frente (Foto 2) e por detrás (Foto 3) como ilustração de exterior de vacas leiteiras evidenciando os aspectos de caracterização leiteira, principalmente pela sua angulosidade e formatos que lembram cunhas.

Na Figura 3 encontra-se a descrição do exterior de uma vaca leiteira.

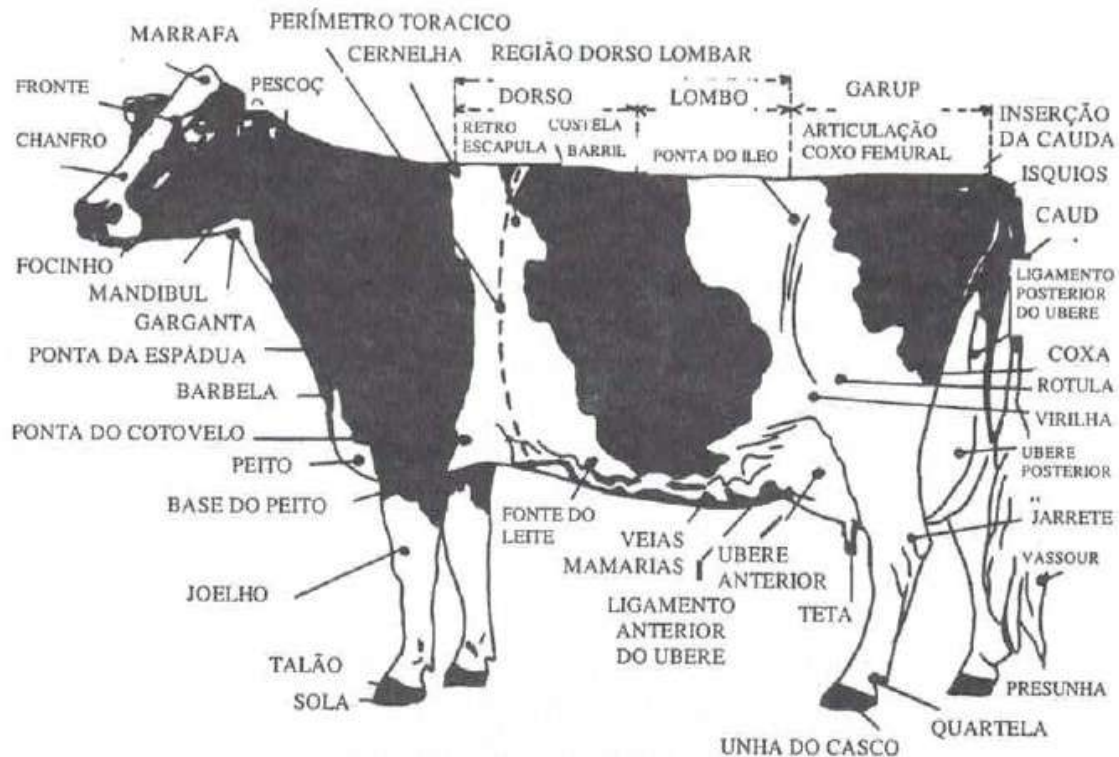


Figura 3. Descrição do exterior de uma vaca leiteira.

5. Descrição de características lineares

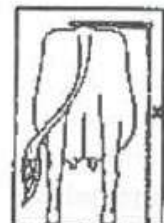
O escore linear correspondente a 25 pontos em cada característica reflete a média de uma vaca para uma característica em particular. A base deste trabalho é comparar cada animal com a "média" levando-se em conta cada característica de uma vaca com cinco anos de idade. Pode-se usar qualquer número de 1 a 50, ou outro sistema de pontuação, como reportado por (Interpretation of linear Stas, mimeo, s.d e Durães, 1997).

Não se deve fazer, na avaliação de uma vaca, qualquer ajustamento para os efeitos de idade, estágio de lactação ou nutrição, para qualquer característica. O escore linear reflete a avaliação atual ou medida, com exceção da largura do úbere posterior.

5.1 Características primárias

♦ Estatura

- A altura do animal era anteriormente tomada na cernelha. Atualmente a altura é tomada na garupa (íleos), no ponto de inserção lombo-sacra. Dá-se o escore de 25 pontos quando a altura do animal for de 140 cm. Adicione ou subtraia cerca de dois pontos (1,93 pontos) para cada 1 cm acima ou abaixo de 140 cm. Deste modo, uma vaca com 148 cm de altura receberá 40 pontos.



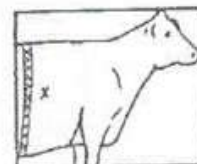
- Use um medidor (bengala mensurada) freqüentemente, especialmente, toda vez que for feita a primeira mensuração de um animal em uma fazenda.
- Use a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para o animal com 127 - 132 cm;
 - 20 - 30 pontos para o animal com 137 - 142 cm;
 - 40 - 50 pontos para o animal com 148 - 153 cm.

♦ Força ou vigor

- Leve em consideração a frente do animal, ou seja, observe o animal de frente. A largura do peito, do focinho, e a condição da ossatura da parte anterior do animal deve ser levada em conta no momento da avaliação.
- Focalize a base do peito do animal. Não confunda a base do peito do animal com separação entre os membros (pernas) anteriores do animal. Análise a base do peito de uma vaca olhando-a de frente ou por trás.
- Não se deixe influenciar pelas condições corporais de uma vaca. Uma vaca angulosa pode ser muito forte, enquanto uma vaca grosseira, pesada, pode ser considerada fraca nesta característica.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para o animal frágil que tenha a frente muito apertada;
 - 20 - 30 pontos para o animal intermediário;
 - 40 - 50 pontos para o animal muito forte, com a frente muito ampla.

♦ Profundidade do corpo

- Observe o meio de uma vaca. A profundidade das últimas costelas é a única coisa medida quando se avalia uma vaca para esta característica. Não se deixe influenciar pela estatura e comprimento do corpo de um animal. O comprimento das pernas do animal não deve influenciá-lo na avaliação desta característica.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para uma vaca muito rasa;
 - 20 - 30 pontos para uma vaca intermediária;
 - 40 - 50 pontos para uma vaca muito profunda.



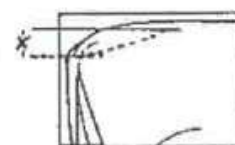
♦ Caracterização leiteira

- Observe a abertura e inclinação das costelas, a massa muscular da coxa, que deve ser magra, porém refinada, sem a caracterização de um animal de corte; o comprimento do pescoço e o achatamento dos ossos da vaca.
- A maior ênfase deve ser dada à abertura e inclinação das costelas.
- Não deixe o estágio de lactação influenciá-lo. Observe a estrutura óssea da vaca e tente não reparar ou desconsidere a condição corporal de uma vaca. O achatamento dos ossos, a abertura das costelas e o comprimento do pescoço de uma vaca são praticamente o mesmo, independentemente dela estar recém-parida ou em condição mais grosseira.

- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para uma vaca extremamente apertada;
 - 20 - 30 pontos para uma vaca intermediária;
 - 40 - 50 pontos para uma vaca extremamente aberta.

♦ Nivelamento da garupa

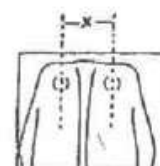
- Observe a inclinação dos ileos para os ísquios. Não se deixe influenciar pela posição da cauda (posicionamento do sacro) ou ângulo pélvico.
- Uma garupa achatada dos ileos para os ísquios recebe o escore de 15 pontos. Garupas com os ísquios mais altos que os ileos recebem escores com valores abaixo de 15 pontos. Garupas com os ísquios abaixo dos ileos recebem escores com valores acima de 15 pontos.



- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 5 pontos para as vacas com os ísquios muito elevados, com os ísquios cerca de seis centímetros acima dos ileos;
 - 20 pontos para as vacas com os ísquios 2 cm abaixo dos ileos;
 - 25 pontos para as vacas com a garupa ligeiramente inclinada;
 - 30 pontos para as vacas com a garupa moderadamente inclinada, com os ísquios cerca de seis centímetros abaixo dos ileos;
 - 40 - 50 pontos para as vacas com a garupa muito inclinada.

♦ Largura da garupa

- Distância entre as pontas dos ísquios.
- Esta medida não é relativa ao resto do animal (largura dos ísquios ou jarretes).



- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para as vacas com o coxal estreito, cerca de 5 a 8 cm de abertura dos ísquios;
 - 20 - 30 pontos para as vacas intermediárias, com cerca de 10 a 13 cm de largura de ísquios;
 - 40 - 50 pontos para as vacas com ampla largura da coxal e cerca de 15 ou mais de largura dos ísquios.

♦ Pernas e pés

- Deve ser observado o posicionamento das pernas posteriores, principalmente nas articulações correspondentes aos jarretes. A vaca é vista lateralmente.
- Uma vaca que tiver uma perna machucada, traumatizada, deve ser observada do lado sadio.
- Não se deixe influenciar pela posição das pernas posteriores. A única coisa que deve ser notada e/ou medida é o grau de curvatura dos jarretes.



- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para a vaca com as pernas extremamente retas;
 - 20 - 30 pontos para a vaca com as pernas intermediárias;
 - 40 - 50 pontos para a vaca com as pernas encurvadas, foiçadas.

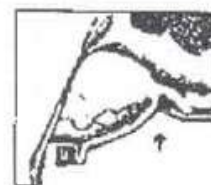
♦ Ângulo do pé

- Esta é uma medida do ângulo do pé levando em conta a pinça da unha. Deve-se observar o talão. Um ângulo intermediário de 45 graus recebe 25 pontos.
- Se o ângulo do pé for diferente em qualquer uma das unhas, meça, então, a unha externa do pé.
- Não se deixe influenciar pelo comprimento da unha. Meça o ângulo da parte superior do pé dos animais quando a unha estiver comprida. A linha formada entre a parte córnea da unha e a quartela, onde existe pêlos junto à unha, é um bom indicador para as vacas que apresentam uma unha comprida. Quanto mais paralelo for esta linha, maior é o talão e conseqüentemente mais alto será o ângulo do pé.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para o talão extremamente baixo;
 - 20 - 30 pontos para o talão do pé intermediário (cerca de 45°);
 - 40 - 50 pontos para o talão do pé alto (mais de 65°).



♦ Inserção do úbere anterior

- Mede-se a força dos ligamentos (O comprimento e a forma da inserção não são observados).
- No caso de algum dano no úbere ou mastite, observe o lado menos afetado.
- Não se deixe influenciar pela profundidade do úbere. É possível ter uma vaca com um úbere de muita capacidade que tenha ligamentos do úbere fortes.
- Nos estábulos de movimentação livre, esta característica pode ser melhor observada com a vaca andando. Vacas mantidas em baias podem ser avaliadas sentindo a firmeza dos ligamentos. Um ligamento de úbere forte permite pouco movimento.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para a inserção de úbere muito fraca (úbere com os ligamentos frouxos);
 - 20 - 30 pontos para a inserção de úbere intermediária;
 - 40 - 50 pontos para a inserção do úbere muito forte.

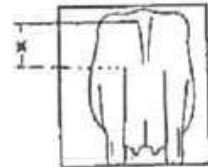


♦ Altura do úbere posterior

- A distância entre o parte inferior da vulva e a parte superior do tecido secretor de leite do úbere posterior é medida.
- Somente a altura dos ligamentos é medido, não se levando em conta a forma e a largura.

- Alguns pequenos ajustamentos podem ser feitos na escala abaixo, quando a vaca for pequena (menos de 135 cm) ou alta (acima de 150 cm).
- Pontue o animal de acordo a seguinte escala:

- 1 ponto para a vaca com a distância de 36 cm ou mais entre a linha de inserção do úbere posterior e a parte inferior da vulva;
- 10 pontos para a vaca com a distância de 32 cm;
- 20 pontos para a vaca com a distância de 29 cm;
- 25 pontos para a vaca com a distância de 27 cm;
- 30 pontos para a vaca com a distância de 25 cm;
- 40 pontos para a vaca com a distância de 21 cm;
- 50 pontos para a vaca com a distância de 18 cm.



♦ Largura do úbere posterior

- Esta é uma medida da largura do úbere posterior no ponto onde os ligamentos laterais do úbere inserem ao corpo da vaca.
- Faça um ajustamento para a largura do úbere posterior de tal maneira que reflita sua largura no tempo da ordenha levando em consideração 10 a 12 horas de intervalo de ordenhas. Isto deve refletir a quantidade de leite que o úbere poderia expandir sua largura no ponto de medida. Esta é a única característica que necessita um ajustamento mental. O momento exato da ordenha não pode ser registrado para cada vaca. Portanto, pelo computador não se pode fazer ajustamento precisos para cada vaca.
- Lembre-se que o computador faz o ajustamento para o estágio de lactação, portanto a vaca no final de lactação receberá um menor escore para a largura do úbere posterior comparado ao momento em que ela está no pico de produção. Não faça ajustamento para o estágio de lactação, somente para o tempo da ordenha (volume de leite).
- Faça as medidas em uma vaca seca. O ajustamento pelo computador será realizado de acordo com o estágio de lactação.
- Pontue o animal seguindo a escala:



- 1 ponto para o úbere com 8 cm de largura;
- 10 pontos para o úbere com 10 cm de largura;
- 20 pontos para o úbere com 13 cm de largura;
- 25 pontos para o úbere com 14 cm de largura;
- 30 pontos para o úbere com 15 cm de largura;
- 40 pontos para o úbere com 18 cm de largura;
- 50 pontos para o úbere com 20 cm de largura.

♦ Ligamento suspensório do úbere (suporte central do úbere)

- É medida unicamente a profundidade do sulco intermamário observado na parte inferior do úbere. O ponto exato para observar esta medida é entre os quartos posteriores do úbere. Não leve em conta o grau que o sulco se prolonga por trás do úbere.

- Não se deixe influenciar pela qualidade, a profundidade, a colocação das tetas ou o seu formato e a irrigação venosa do úbere, quando analisar o suporte mamário. Contudo, necessitam ser realizados alguns ajustamentos levando-se em consideração a irrigação venosa.
- Um sulco na base do úbere de 3,2 cm corresponde a uma pontuação igual a 25. Move-se 0,16 cm para cada ponto na escala.
- Pontue o animal de acordo com a escala:
 - 1 ponto corresponde a 0,64 cm para um suporte negativo;
 - 5 pontos para um úbere plano, sem a presença do sulco;
 - 25 pontos para um úbere com 3,2 cm de sulco;
 - 45 pontos para um úbere com 6,4 cm de sulco.

♦ Profundidade do úbere

- Esta é uma medida absoluta entre o ponto inferior do piso do úbere e a ponta do jarrete. Um escore de 15 pontos reflete o piso do úbere na altura do jarrete. Adicione ou subtraia dois pontos para cada um centímetro acima ou abaixo do jarrete.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 ponto para um úbere profundo, cerca de 7 a 8 cm abaixo do jarrete;
 - 5 pontos para um úbere com 5 cm abaixo do jarrete;
 - 15 pontos para um úbere com o seu piso na altura do jarrete;
 - 30 pontos para um úbere de 7 a 8 cm acima do jarrete;
 - 40 pontos para um úbere com 13 cm acima do jarrete;
 - 50 pontos para um úbere com 18 cm acima do jarrete.

♦ Colocação das tetas anteriores

- Observe a colocação das tetas anteriores dos quartos mamários, olhando-os por detrás da vaca.
- Descreva a localização das tetas sem considerar se elas estão no prumo.
- Não se deixe influenciar pela relação entre as tetas anteriores com as posteriores. Desconsidere as tetas posteriores e concentre sua atenção na colocação das tetas anteriores.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para os úberes com as tetas muito esparsadas;
 - 20 - 30 pontos para os úberes com as tetas centralizadas;
 - 40 - 50 pontos para os úberes com as tetas muito próximas.

♦ Comprimento das tetas

- Avalie o comprimento das tetas. Meça as tetas de maior comprimento quando este variar.
- Não avalie o tamanho (grossura).

- Pontue as tetas de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para as tetas de 2,5 cm de comprimento;
 - 20 pontos para as tetas de 5 cm de comprimento;
 - 25 pontos para as tetas de 6,3 cm de comprimento;
 - 30 pontos para as tetas de 7,6 cm de comprimento;
 - 40 - 50 pontos para as tetas de 10 a 13 cm de comprimento.

5.2 Características secundárias (necessita de mais pesquisa)

♦ Pernas posteriores, vistas por trás

- Observe se a vaca caminha corretamente quando observada por trás.
- Não se deixe influenciar pela colocação das pernas ou elas vistas lateralmente quando for medir esta característica.
- Use ambas pontas da escala. Lembre-se que a tendência natural é para as vacas fecharem ligeiramente os jarretes (unhas para fora) como descrito a seguir.
- Não se deixe influenciar por úberes cheios. Observe as unhas da vaca quando ela coloca o peso sobre as pernas. As vacas que têm as unhas voltadas para fora, neste caso, freqüentemente, fecharão os jarretes quando o úbere esvaziar após a ordenha.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - 10 pontos para as pernas com os jarretes fechados;
 - 20 - 30 pontos para as pernas com os jarretes ligeiramente fechados;
 - 40 - 50 pontos para as pernas com muito pouco ou nenhum fechamento nos jarretes.

♦ Equilíbrio do úbere

- Verificar o grau de inclinação dos quartos anteriores considerando-se a base das tetas anteriores e quartos posteriores na sua parte mais baixa.
- No caso de um quarto mais leve ou cego, o lado não afetado deve ser o avaliado.
- Pontue o animal de acordo com a seguinte escala:
 - 1 ponto para os quartos com 7 cm de inclinação;
 - 10 pontos para os quartos com 5 cm de inclinação;
 - 20 pontos para os quartos com 2,5 cm de inclinação;
 - 25 pontos para os quartos com 1,3 cm de inclinação;
 - 30 pontos para os quartos mantidos no nível;
 - 40 pontos para os quartos com 2,5 cm de inclinação reversa;
 - 50 pontos para os quartos com 5 cm de inclinação reversa.

O escore de tipo é provavelmente a parte mais difícil quando se avalia um animal. Existem diversas opiniões e preferências pessoais no julgamento do animal em qualquer parte do mundo. Todavia, deve-se levar em conta o padrão ideal, considerado nos Estados Unidos como *True Type*, e quanto mais o animal se parece

ou se aproxima do padrão, maior é a pontuação, ou seja, as vacas que parecem com o ideal, podem receber um escore até 94 pontos. Quando se dá um escore para tipo, enfoca-se sobretudo a sua caracterização leiteira. A vaca não deve apenas mostrar a capacidade de produzir grande quantidade de leite, mas ela deve apresentar boas condições para produzir.

A descrição linear da profundidade de corpo, inclinação e largura da garupa são considerados como características de grande importância quando se avalia o tipo do animal. Um escore alto como 9 no sistema canadense e 45-50 no americano, não significa que o animal obterá escore elevado na avaliação final de tipo.

A profundidade do corpo deve ser acima da média. As últimas costelas, longas, oblíquas, chatas, são altamente desejáveis quando um animal apresenta um corpo bem delineado com boa harmonia de linhas e inserções. Um corpo profundo é exigido para que o animal tenha capacidade de ingerir grande quantidade de alimentos volumosos que são mais baratos e, portanto, esta característica apresenta grande interesse econômico. Todavia, um corpo muito profundo nas vacas de primeira cria não é desejável considerando a sua relação com o peso do animal e, conseqüentemente, com a eficiência de produção.

Uma garupa com ligeira inclinação é preferida desde que alguns estudos fazem a relação desta característica com a facilidade de partos e fertilidade de uma maneira geral.

A profundidade do corpo e inclinação da garupa são mais importantes que a largura da garupa na classificação do tipo do animal. Contudo, as vacas estreitas são menos desejáveis, uma vez que isto pode estar relacionado à dificuldade de partos. Uma largura de garupa com o escore de (3 a 5) foi considerado, na Holanda, como o escore de largura de garupa ótimo. Não encontramos na literatura informações sobre a largura recomendada como ótima para as vacas nos Estados Unidos, contudo, por analogia, nos parece que a largura intermediária ou a medianamente larga, com escore de 25 a 35 pontos, como ideal. Estudos realizados na Holanda indicam que o escore 4 corresponde às vacas com maior vida útil. Não foram encontradas informações sobre este assunto de trabalhos realizados no Brasil.

O escore de tamanho e tipo são baseados na funcionabilidade. Portanto, o avaliador deve manter em mente a forma como a vaca deve parecer para que ela possa maximizar a lucratividade. O objetivo é encontrar um equilíbrio entre caracterização leiteira, força, peso corporal que possa contribuir para a produção eficiente de vacas leiteiras.

Finalmente, a frente do animal deve ser considerada na avaliação do tipo. Vacas estreitas podem ser um indicativo de fraqueza. Por outro lado, vacas com uma frente muito forte e vigorosa podem estar em desacordo com a suavidade de inserção das partes do corpo do animal indicando menor caracterização leiteira. Por último, uma linha de dorso forte ajuda a vaca conseguir um escore mais elevado na avaliação final para tipo.

6. Considerações finais

O criador conta com diferentes critérios para desenvolver um programa de melhoramento do seu rebanho. Para que possa obter bons resultados, é importante que o rebanho seja manejado de tal forma que a taxa de concepção seja elevada e,

conseqüentemente, os intervalos de partos fiquem abaixo de 400 dias e, além disso, é necessário que o criador conheça os *pedigrees* dos animais e adote critérios para a escolha de sêmen para auxiliar na orientação dos acasalamentos. Para isso, é necessário que o criador desenvolva um bom programa de seleção, de tal maneira que os animais obtenham uma boa taxa de desenvolvimento ponderal, a mortalidade seja mínima, bem como a taxa de descarte por razões involuntárias seja a menor possível, exigindo-se, portanto, medidas sanitárias, de alimentação e manejo (Pedigree, s.d., Rogers, 1989, Norman e Powell, 1992, Wilcox, 1992 e Durães e Freitas 1999).

É importante também que o criador defina os objetivos de seleção para seu rebanho de tal forma que possa obter os melhores resultados. Para tanto, o criador deve eleger as principais características que julga como alvo de um programa de melhoramento.

As informações quanto ao tipo funcional, principalmente características ligadas ao úbere, pernas e pés devem ser eleitas para complementar o plano de acasalamento, ou seja, entre os melhores reprodutores com informação de produção devem ser escolhidos aqueles que possam melhorar a conformação pelo acasalamento dirigido.

7. Bibliografia consultada

CASTRO, R.P. Sistema linear de classificação. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GADO LEITEIRO, 1985, Campinas. **Tecnologia da Produção Leiteira**. Campinas: FEALQ, 1985, p.95-112.

DURÃES, M.C. Critérios para escolha de touros provados de raças leiteiras. In: PEIXOTO, A.M., MOURA, J.C., FARIA, V.P. Melhoramento genético de bovinos leiteiros. Piracicaba: FEALQ/ESALQ, 1985. p. 181-216.

DURÃES, M.C. Coord. **Curso de melhoramento genético de bovinos leiteiros para técnicos da Cooperativa de Prata**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite/ Núcleo de Treinamento em Bovinocultura Leiteira Tropical, 1997. p.133-145.

DURÃES, M.C. **Avaliação de bovinos leiteiros pela conformação**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 1998. 54 p. (Embrapa Gado de Leite. Circular Técnica, 49).

DURÃES, M.C.; FREITAS, A.F. **Critérios na escolha de touros para a melhoria e o aumento da produtividade de rebanhos leiteiros**. Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 1999. 29 p. (Embrapa Gado de Leite. Circular Técnica, 56).

HEWITT, D. 1986-1996: ten years harmonisation of type classification. In: WHFF Conference in Japan, 1996, Rickmansworth, 1996. Não paginado.

LUCAS, J.L.; PEARSON, R.E.; WINSON, W.E.; JOHNSON, L.P. Experimental linear descriptive type classification. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.67, n.8, p.1767-1777, 1984.

MAGALHÃES JR. M.N. O sistema de classificação linear para a raça Holandesa em Minas Gerais. In: MARTINS, C. E.; COSTA, C.N.; BRITO, J.R.F.; YAMAGUCHI, L.C.T.; PIRES, M. de F.A.; DURÃES, M.C. ed. **MINAS LEITE, QUALIDADE DO LEITE E PRODUTIVIDADE DO REBANHOS LEITEIROS**, 1., 1999, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora, 1999. p. 57-61

PEDIGREE: questions & answers. Brattleboro: Holstein Foundation. 1993. 13p.

- PEIXOTO, A.M. Tipo e produção. In: FEALQ. Exterior e julgamento de bovinos. Piracicaba, SP: 1990. p.113-144.
- NORMAN, H.D., POWELL, R.L. Genetic change attained and possible. In: Van HORN, H.H., WILCOX, C.J. *LARGE dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p. 59-66.
- ROGERS, G.W.; McDANIEL, B.T. The usefulness of selection for yield and functional type traits. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.72, p.187, 1989.
- ROYAL DUTCH CATTLE SYNDICATE. Type classification in the Netherlands. [s.l.], 1996. 7 p.
- THOMPSON, J.R.; FREEMAN, A.E.; BERGER, J. Variation of traits of a mating appraisal program. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.63, n.1, p.133-140, 1980.
- THOMPSON, J.R.; FREEMAN, A.E.; WILSON, D.J.; CHAPIN, C.A.; BERGER, J. Evaluation of a linear type program, in Holsteins. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.67, n.7, p.1610-1617, 1981.
- THOMPSON, J.R.; LEE, K.L.; FREEMAN, A.E. Evaluation of a linearized type appraisal system for Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.66, n.2, p.325-331, 1983.
- WATTIAUX, M.A. Reproduction and genetic selection. In: *TECHNICAL dairy guide*. Madison: University of Wisconsin, 1995. p. 111-145.
- WILCOX, C.J. Growth, type, and dairy beef. In: Van HORN, H.H., WILCOX, C.J. *LARGE dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p.36-41.

Avaliação genética de vacas e touros

Rui da Silva Verneque¹
José Valente¹

1. Introdução

Avaliação genética é um processo pelo qual se procura prever o valor genético dos animais baseando-se em uma ou mais características. O objetivo da avaliação é ordenar de acordo com o valor genético os indivíduos existentes na população ou na amostra. Com isto, pode-se identificar os piores indivíduos que devem ser descartados ou os melhores a serem mantidos. Diferentes métodos de avaliação podem ser usados, desde o mais simples e menos preciso, baseando-se tão somente em dados de produção do animal ou de parentes, até procedimentos mais sofisticados, em que informações são associadas. Utiliza-se modelo estatístico específico e cuja solução pode ser difícil, requerendo processos computacionais demorados e complexos.

A avaliação genética pode basear-se nas informações do próprio indivíduo (quando disponível), nas informações de família, incluindo dados da progênie ou de ascendentes, ou na combinação destas. Quanto mais informações forem usadas para avaliar um animal, mais precisos serão os resultados obtidos.

2. Conceitos úteis

VG - Valor genético - Representa o que o animal transmite à progênie. Significa o quanto da diferença em produção em relação à média da população ou em relação às companheiras de rebanho que o animal transmite para os descendentes.

PTA - Capacidade predita ou prevista de transmissão - Medida do desempenho esperado do animal em relação à média do rebanho. Assim, por exemplo, um touro com PTA de 500 kg para produção de leite significa que se ele for usado numa população com nível genético igual ao usado para avaliá-lo, cada filha produzirá em média 500 kg por lactação a mais do que a média do rebanho, decorrente do uso daquele touro. A PTA é a metade do VG e é o termo usado quando a avaliação genética é executada usando-se modelo animal.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – rsverneq@cnpgl.embrapa.br; jvalente@cnpgl.embrapa.br

- CMPP - Capacidade mais provável de produção e PPA - Capacidade prevista de produção** - Servem para previsão do desempenho de uma vaca em lactações futuras.
- DP - Diferença prevista ou predita** - É a diferença em produção, para mais ou para menos, esperada em cada lactação das progênies do touro em relação às progênies dos demais touros usados na avaliação.
- TPI - Índice de produção e tipo** - É um índice que inclui as PTAs para proteína, gordura, tipo e índice composto para ubere e índice composto para pés e pernas.
- REL ou R% - Confiabilidade** - É uma medida de associação ou correlação entre o valor genético previsto ou PTA de um animal e seu valor genético ou PTA verdadeiros. Outros termos similares: repetibilidade ou precisão da prova.
- REP - Repetibilidade** - A repetibilidade de uma característica significa a correlação entre medidas repetidas de um mesmo animal.
- h^2 - Herdabilidade** - Representa a proporção hereditária da variância fenotípica. É a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes.

3. Avaliação genética e seleção de vacas

A produção de uma vaca em uma lactação pode ser usada para avaliá-la. Todavia, em geral, uma única lactação fornece pouca informação a respeito do potencial genético da vaca. Isto ocorre porque tal produção pode estar influenciada por efeitos de origem não-genética. Uma das mais importantes fontes de influências não-genéticas sobre a produção de uma vaca é o efeito de rebanho. A produção da vaca pode variar muito se ela for bem ou mal manejada no rebanho. Perda total ou parcial dos quartos mamários, gera redução permanente em produção de leite em lactações subseqüentes, originando o denominado efeito de meio permanente.

Em média, cerca de 80% das diferenças entre rebanhos são decorrência de efeito de ambiente e apenas cerca de 20% de origem genética. Assim, a padronização das produções das vacas, eliminando os efeitos tais como número de ordenhas, idade da vaca, período de serviço e seco, ano e época de parto, composição genética, entre outros, é fundamental para que a avaliação genética produza resultados com o mesmo padrão para comparações.

Basicamente, são dois os processos pelos quais se realiza a seleção de vacas. Um é pelo cálculo da capacidade mais provável de produção (CMPP) e o outro pela previsão do valor genético (VG).

A obtenção da capacidade mais provável de produção tem como objetivo a seleção das melhores vacas que devem ser mantidas no rebanho ou a identificação das piores que devem ser descartadas.

Segundo Milagres (1980), a CMPP responde por 50%, aproximadamente, da variação em torno da média do rebanho. O acaso e condições temporárias de meio respondem pelos outros 50%. Da variação atribuída à capacidade real de produção, cerca de 50% são representados pelo valor genético da vaca, isto é, $\frac{1}{4}$ do todo.

A CMPP representa o que a vaca poderá produzir no futuro, durante expressões repetidas da característica. Ela é, assim, função do efeito médio dos genes que influenciam a característica (por exemplo, produção de leite) e também dos efeitos de dominância, epistasia e de ambiente permanente.

Por outro lado, o VG refere-se ao mérito genético que o animal transmite à progênie. É função apenas do efeito médio dos genes. A previsão do VG tem como principal objetivo a seleção de vacas de reposição e a seleção de vacas para serem mães de touros jovens que deverão ser escolhidos para participarem do teste de progênie.

3.1 Cálculo da capacidade mais provável de produção (CMPP)

Obtida a média de n-produções do animal, a sua capacidade mais provável de produção pode ser calculada algebricamente como:

$$CMPP = \bar{Y} + \frac{nr}{1 + (n-1)r} \bar{P}_d$$

em que:

$\bar{Y}$ é a média da característica na população ou no rebanho;

$\bar{P}_d$ é a produção média da vaca desviada da média das companheiras de rebanho;

$\frac{nr}{1 + (n-1)r}$ é a precisão da avaliação da vaca e representa uma ponderação para o número de lactações (n) da vaca. Quanto maior n maior será o fator de ponderação; r é o coeficiente de repetibilidade da característica considerada;

A produção média da vaca i, desviada da média das companheiras de rebanho é calculada como:

$$\bar{P}_d = \frac{1}{n} \left(\sum_{i=1}^{n_i} P_{di} \right) = \frac{1}{n} \left(\sum_{i=1}^{n_i} (Y_i - \bar{Y}_c) \right)$$

em que:

n_i é o número de lactações da vaca ou é o número de classes de rebanho-ano-época em que a vaca tem registro de produção;

P_{di} é a produção da vaca, desviada da média ajustada das companheiras de rebanho, dentro da classe de rebanho-ano-época;

Y_i é a produção da vaca na lactação i, e

$$\bar{Y}_c = \bar{Y} + \frac{n_c}{n_c + c} (\bar{Y}_{ci} - \bar{Y}) \quad , \text{ em que:}$$

$\bar{Y}_c$ é a média ajustada das companheiras de rebanho na classe rebanho-ano-época i;

- n_c número de companheiras de rebanho;
 $\bar{Y}_{ci}$ é a média de produção das companheiras de rebanho, ajustada para o número de companheiras, referente a lactação i da vaca;
 c é a relação entre o componente de variância residual e o componente de variância de vaca, ou seja,

$$c = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_v^2}$$

A CMPP poderia ser calculada como um simples desvio da média de produção da vaca e a média da população, ponderada pela repetibilidade da característica avaliada. Mas, como se sabe, a média de produção do rebanho pode variar entre anos e épocas de parto e, assim, é preciso considerar a produção média da vaca como o desvio da produção média das suas companheiras de rebanho que são as vacas que (P_{di}) pariram no mesmo rebanho-ano-época de parto. Além disso, o número de companheiras de rebanho varia de uma lactação para outra, exigindo que a média de produção das companheiras seja ponderada pelo número de companheiras de rebanho em cada lactação.

3.1.1 Passos para cálculo da CMPP

1. Corrigir os dados para os efeitos de fatores não-genéticos;
2. Calcular a média ajustada da produção das companheiras de rebanho por classe de rebanho/ano/época ($\bar{Y}_{ci}$);
3. Calcular a produção desviada da média ajustada das companheiras de rebanho por classe de ($\bar{Y}_c$) ano/época;
4. Calcular a média das produções desviadas de cada vaca ($\bar{P}_d$);
5. Calcular a média dos desvios de produção de cada vaca ($\bar{Y}_c$);
6. Estimar a CMPP.

3.1.2 Exemplo

Calcular a CMPP para a produção de leite das cinco (5) vacas, cujos dados encontram-se na Tabela 1. Suponha $h^2 = 0,25$, $r = 0,45$, $c = 1$ e $\bar{y} = 3.000$ kg. Nas Tabelas de 1.a a 1.e é mostrado o detalhamento dos cálculos.

Tabela 1. Produção de leite de cinco vacas, em três classes de ano-época.

Vaca	Ano-época 1	Ano-época 2	Ano-época 3
1	3.100	3.200	3.300
2	3.250	-	3.280
3	3.000	-	3.118
4	2.900	2.920	
5	2.700	2.780	

Tabela 1.a. Cálculo da média das companheiras de rebanho.

Ano-época	Vaca	Média das companheiras
1	1	$Y1.1 = (3.250 + 3.000 + 2.900 + 2.700)/4 = 2.962,5$
	2	$Y2.1 = (3.100 + 3.000 + 2.900 + 2.700)/4 = 2.925,0$
	3	$Y3.1 = (3.100 + 3.200 + 2.900 + 2.700)/4 = 2.975,0$
	4	$Y4.1 = (3.100 + 3.250 + 3.000 + 2.700)/4 = 3.012,5$
	5	$Y5.1 = (3.100 + 3.250 + 3.000 + 2.900)/4 = 3.062,5$
2	1	$Y1.2 = (2.920 + 2.780)/2 = 2.850,0$
	4	$Y4.2 = (3.200 + 2.780)/2 = 2.990,0$
	5	$Y5.2 = (3.200 + 2.920)/2 = 3.060,0$
3	1	$Y1.3 = (3.280 + 3.118)/2 = 3.199,0$
	2	$Y2.3 = (3.300 + 3.118)/2 = 3.209,0$
	3	$Y3.3 = (3.300 + 3.280)/2 = 3.290,0$

Tabela 1.b. Cálculo da média ajustada das companheiras de rebanho.

Ano-época	Vaca	Média ajustada das companheiras
1	1	$Yc 1.1 = 3.000 + 4/(4+1) (2.962,5 \cdot 3.000) = 2.970,0$
	2	$Yc 2.1 = 3.000 + 4/(4+1) (2.925,0 \cdot 3.000) = 2.940,0$
	3	$Yc 3.1 = 3.000 + 4/(4+1) (2.975,0 \cdot 3.000) = 2.980,0$
	4	$Yc 4.1 = 3.000 + 4/(4+1) (3.012,5 \cdot 3.000) = 3.010,0$
	5	$Yc 5.1 = 3.000 + 4/(4+1) (3.062,5 \cdot 3.000) = 3.050,0$
2	1	$Yc 1.2 = 3.000 + 2/(2+1) (2.850,0 \cdot 3.000) = 2.900,0$
	4	$Yc 4.2 = 3.000 + 2/(2+1) (2.990,0 \cdot 3.000) = 2.993,3$
	5	$Yc 5.2 = 3.000 + 2/(2+1) (3.060,0 \cdot 3.000) = 3.040,0$
3	1	$Yc 1.3 = 3.000 + 2/(2+1) (3.199,0 \cdot 3.000) = 3.132,7$
	2	$Yc 2.3 = 3.000 + 2/(2+1) (3.209,0 \cdot 3.000) = 3.139,3$
	3	$Yc 3.3 = 3.000 + 2/(2+1) (3.290,0 \cdot 3.000) = 3.193,3$

Tabela 1.c. Cálculo da produção desviada de cada vaca por classe de ano-época.

Ano-época	Vaca	Média ajustada das companheiras
1	1	$Pd1 = 3.100 \cdot 2.970,0 = 130,0$
	2	$Pd2 = 3.250 \cdot 2.940,0 = 310,0$
	3	$Pd3 = 3.000 \cdot 2.980,0 = 20,0$
	4	$Pd4 = 2.900 \cdot 3.010,0 = -110,0$
	5	$Pd5 = 2.700 \cdot 3.050,0 = -350,0$
2	1	$Pd1 = 3.200 \cdot 2.900,0 = 300,0$
	4	$Pd4 = 2.920 \cdot 2.993,3 = -73,3$
	5	$Pd5 = 2.780 \cdot 3.040,0 = -260,0$
3	1	$Pd1 = 3.300 \cdot 3.132,7 = 167,3$
	2	$Pd2 = 3.280 \cdot 3.139,3 = 140,7$
	3	$Pd3 = 3.118 \cdot 3.193,3 = -75,3$

Tabela 1.d. Cálculo da média desviada de produção de cada vaca.

Vaca		Média
1	$(130,0 + 300,0 + 167,3)/3$	199,10
2	$(310,0 + 140,7)/2$	225,35
3	$(20,0 - 75,3)/2$	-27,65
4	$(-110,0 - 73,3)/2$	-91,65
5	$(-350,0 - 260,0)/2$	-305,0

Tabela 1.e. Cálculo da CMPP.

Vaca	N	Média	$\frac{nr}{1 + (n-1)r}$	Média desviada	CMPP
1	3	3.200,00	0,7105	199,10	3.141,46
2	2	3.265,00	0,6207	225,35	3.139,87
3	2	3.059,00	0,6207	-27,65	2.982,84
4	2	2.910,00	0,6207	-91,65	2.943,11
5	2	2.740,00	0,6207	-305,00	2.810,69

3.1.3 Exercício 1

Sejam as produções de sete vacas relacionadas na Tabela 2. Supondo-se $r = 0,50$, $c = 1$ e $\bar{Y} = 3,767$ kg, calcule a CMPP das vacas e classifique-as baseando-se neste índice.

Tabela 2. Produções de sete vacas com médias em duas classes de ano-época para cálculo de CMPP.

Vaca	Classe de Ano-Época	
	1	2
1	3.000	4.000
2	3.500	3.500
3	3.200	3.200
4	2.800	4.500
5	3.100	4.200
6	-	3.700
7	-	3.300

3.2 Predição do valor genético (VG)

O valor genético de uma vaca pode ser predito usando-se diferentes informações. As que produzem preditores do valor genético com maior confiabilidade

são aquelas baseadas no próprio desempenho da vaca. Por exemplo, a produção de leite da vaca é a melhor indicadora do seu potencial genético. Agregando-se informações de parentes aos dados da vaca, pode-se melhorar a confiabilidade da avaliação.

Quando se consideram informações de parentes (pai, mãe, avó, avô etc.) na avaliação da vaca tem-se o que se denomina índice da vaca que será apresentado no item 3.3.

O valor genético predito de uma vaca i pode ser expresso por:

$$VG_i = \frac{nh^2}{1 + (n-1)r} \bar{P}_d$$

em que:

n é o número de lactações da vaca

h^2 é a herdabilidade da característica considerada

r é a repetibilidade da característica

$\bar{P}_d$ é a produção média da vaca desviada da média das companheiras de rebanho, cuja expressão é a mesma usada no cálculo da CMPP.

Se $n=1$ então VG se transforma em $VG_i = h^2 \bar{P}_d$.

3.2.1 Exemplo

Consideremos os dados da Tabela 1, apresentados no exemplo do item 3.1.2. Calcular o VG para cada uma das vacas.

Na Tabela 1.d, são apresentadas as médias desviadas da produção de cada uma das cinco vacas. Baseando-se nas informações dadas, as estimativas dos VGs das mesmas vacas são obtidas e apresentadas na Tabela 3.

Tabela 3. Estimativas de VGs para o exemplo do item 3.1.2.

Vaca	$VG = \frac{nh^2}{1 + (n-1)r} \bar{P}_d$		VG
1	$3 * 0,25 / (1 + (3-1) * 0,45) * 199,10$	=	78,59
2	$2 * 0,25 / (1 + (2-1) * 0,45) * 225,35$	=	77,71
3	$2 * 0,25 / (1 + (2-1) * 0,45) * 32,65$	=	-11,25
4	$2 * 0,25 / (1 + (2-1) * 0,45) * 91,65$	=	-31,60
5	$2 * 0,25 / (1 + (2-1) * 0,45) * 305,90$	=	-105,48

3.2.2 Exercício 2

Usando os dados do Exercício 1 do item 3.1.3 (Tabela 2), calcule o valor genético das sete vacas e classifique-as pelo valor genético. Discuta as diferenças encontradas entre VG e CMPP.

3.3 Índice da vaca – método das companheiras de rebanho (MCR)

Conforme mencionado em parágrafos anteriores, a inclusão de informações de parentes na avaliação da vaca pode contribuir para o aumento da confiabilidade da avaliação. A contribuição é maior para características de baixa herdabilidade e quanto maior for o coeficiente de parentesco do indivíduo com a vaca.

Quando se combinam as informações de parentes aos dados individuais para avaliar uma vaca obtém-se o que se denomina índice da vaca. A expressão geral para um índice é dada por:

$$I = b_1Y_1 + b_2Y_2 + \dots + b_nY_n = \sum_{i=1}^n b_iY_i$$

em que:

b_i é um fator de ponderação para a $i^{\text{ésima}}$ informação;

Y_i é o valor da $i^{\text{ésima}}$ informação ajustada, geralmente expressa como desvio da média da população.

3.3.1 Índice de seleção usando o método das companheiras de rebanho (MCR)

O índice da vaca, quando se usa o MCR, considerando-se até cinco lactações por vaca e informações do pai e da mãe, é:

$$I_{(MCR)} = b_1DV + b_2VG_t + b_3VG_m + b_4RA$$

para

$$b_1DV = b_{11}DV_1 + b_{12}DV_2 + b_{13}DV_3 + b_{14}DV_4 + b_{15}DV_5$$

com

$$DV_i = \frac{n_i}{n_i - 1} \left(\frac{P_{ci} - AHM_i}{AHM_i} \right) * M_i$$

$$AHM_i = M + \frac{n_i}{n_i + 1} (HM_i)$$

em que:

RA é a média genética das companheiras de rebanho, estimada como a metade dos valores genéticos dos pais das companheiras de rebanho;

VG_t é o valor genético do touro t ;

VG_m é o valor genético da mãe da vaca m ;

P_{ci} é a produção de leite da vaca, pré-ajustada para os efeitos de idade ao parto e outros efeitos não-genéticos;

- HM_j é a média da característica para o rebanho-ano-estação j ;
 n_j é o número de vacas utilizadas para calcular a média de determinada classe de rebanho-ano-estação j ;
 M é a média geral da população;
 AHM_j é a média de todas as lactações pré-ajustadas, iniciadas no rebanho-ano-estação j .

Os b são coeficientes de regressão parciais que variam segundo a informação disponível, a precisão das estimativas do valor genético do pai e da mãe, as correlações genéticas e fenotípicas entre as lactações e as herdabilidades consideradas para a produção de leite em cada característica.

O coeficiente de regressão para ponderar a média genética das companheiras de rebanho é calculado como $b_4 = 1 - b_2 - b_3$.

As herdabilidades e as correlações genéticas e fenotípicas utilizadas para o cálculo dos coeficientes de regressão parciais estão na Tabela 4. Os coeficientes parciais de regressão são calculados pela resolução do sistema de equações.

$Cb = G$ que pode ser escrita como:

$$\begin{bmatrix} 1 & r_{x_1x_2} & r_{x_1x_3} & r_{x_1x_4} & r_{x_1x_5} & \frac{1}{2}h_i^2r_i^2 & \frac{1}{2}h_i^2r_m^2 \\ & 1 & r_{x_2x_3} & r_{x_2x_4} & r_{x_2x_5} & \frac{1}{2}h_i^2r_i^2r_{G_1G_2} & \frac{1}{2}h_i^2r_m^2r_{G_1G_2} \\ & & 1 & r_{x_3x_4} & r_{x_3x_5} & \frac{1}{2}h_i^2r_i^2r_{G_1G_3} & \frac{1}{2}h_i^2r_m^2r_{G_1G_3} \\ & & & 1 & r_{x_4x_5} & \frac{1}{2}h_i^2r_i^2r_{G_1G_4} & \frac{1}{2}h_i^2r_m^2r_{G_1G_4} \\ & & & & 1 & \frac{1}{2}h_i^2r_i^2r_{G_1G_5} & \frac{1}{2}h_i^2r_m^2r_{G_1G_5} \\ & & & & & h_i^2r_i^2 & 0 \\ & & & & & & h_i^2r_m^2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_{11} \\ b_{12} \\ b_{13} \\ b_{14} \\ b_{15} \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} h_i^2 \\ r_{G_1G_2}h_ih_2 \\ r_{G_1G_3}h_ih_3 \\ r_{G_1G_4}h_ih_4 \\ r_{G_1G_5}h_ih_5 \\ 1/2h_i^2r_i^2 \\ 1/2h_i^2r_m^2 \end{bmatrix}$$

Simétrica

em que

- $r_{x_i x_j}$ e $r_{G_i G_j}$ são respectivamente as correlações fenotípicas e genotípicas entre as lactações i e j ;
 h_i^2 é a herdabilidade da produção de leite para a lactação i ;
 r_i e r_m são as precisões das estimativas dos valores genéticos dos touros e das mães.

Para a produção de leite, a solução para este sistema de equações é obtida considerando-se os valores apresentados na Tabela 4 e assumindo-se $r_m = 0,6$ e $r = 0,5, 0,8$ ou $0,91$. Os valores dos b utilizados para se calcular o valor genético pelo índice para as diversas situações, e a precisão (r_i) das estimativas dos valores estão na Tabela 5.

Tabela 4. Herdabilidades (na diagonal) e correlações genéticas (acima da diagonal) e fenotípicas (abaixo da diagonal) para a produção de leite nas primeiras cinco lactações.

Lactações	Lactações				
	1	2	3	4	5
1	0,25	0,85	0,85	0,85	0,85
2	0,55	0,20	0,85	0,85	0,85
3	0,50	0,60	0,20	0,85	0,85
4	0,45	0,55	0,60	0,20	0,85
5	0,40	0,50	0,55	0,60	0,20

A avaliação usando-se o MCR é mais complexa do que aquela baseada apenas na produção individual da vaca. Todavia, é um processo que produz preditores do valor genético das vacas com maior precisão do que quando se usam apenas informações individuais.

Para avaliar uma vaca, o MCR considera a própria produção da vaca, resultado da avaliação do pai e da mãe.

A metodologia dos modelos mistos usando modelo animal no qual cada animal é avaliado conforme as produções individuais e a produção de parentes, pela inclusão de uma matriz de parentesco, é atualmente o sistema recomendado para avaliação de vacas e touros principalmente quando se dispõe de informações de *pedigree*. No próximo capítulo será apresentada uma abordagem mais detalhada desse método.

4. Avaliação genética de touros

A eficiência de um programa de seleção para produção de leite depende mais da seleção de touros do que de vacas, porque os touros produzem muito mais descendentes do que as vacas, principalmente se for usada a inseminação artificial. Em consequência, pode-se praticar maior intensidade de seleção de machos do que de fêmeas. Por outro lado, a produção de leite não pode ser medida diretamente nos machos. Desta forma, a avaliação genética de touros, para as características impossíveis de serem medidas diretamente nos machos deve ser baseada na produção de parentes próximos. Para a produção de leite e seus constituintes, a avaliação genética de touros que resulta em maior confiabilidade é aquela que envolve a produção de filhas.

Como métodos para avaliação de touros citam-se: o baseado na produção média das filhas, o baseado na comparação mãe/filha, método de comparação com companheiras de rebanho e comparação com contemporâneas, método dos mínimos quadrados e método dos modelos mistos, usando o modelo touro ou modelo animal.

Tabela 5. Coeficientes (b) de regressão utilizados no índice de seleção de vacas em função da informação disponível.

	Vaca					Touro	Mãe	r_i
	b_{11}	b_{12}	b_{13}	b_{14}	b_{15}	b_2	b_3	
Apenas a vaca	0,2500							0,500
	0,2086	0,0754						0,516
	0,1920	0,0438	0,0678					0,526
	0,1842	0,0267	0,0413	0,0676				0,536
	0,1810	0,0191	0,0258	0,0418	0,0698			0,546
vaca + mãe	0,2327						0,3836	0,549
	0,1957	0,0681					0,3732	0,561
	0,1809	0,0394	0,0620				0,3665	0,569
	0,1739	0,0237	0,0376	0,0623			0,3605	0,577
	0,1710	0,0149	0,0234	0,0385	0,0647		0,3544	0,585
vaca + touro1*	0,2381					0,3810		0,535
	0,1997	0,0704				0,3702		0,547
	0,1843	0,0408	0,0638			0,3634		0,556
	0,1771	0,0247	0,0388	0,0640		0,3573		0,564
	0,1741	0,0156	0,0241	0,0398	0,0663	0,3512		0,573
vaca + touro2	0,2188					0,3906		0,586
	0,1853	0,0623				0,3809		0,595
	0,1717	0,0358	0,0573			0,3746		0,602
	0,1653	0,0213	0,0347	0,0580		0,3689		0,608
	0,1628	0,0130	0,0214	0,0358	0,0604	0,3631		0,615
vaca + touro3	0,2091					0,3955		0,611
	0,1780	0,0582				0,3836		0,618
	0,1653	0,0333	0,0540			0,3802		0,624
	0,1594	0,0195	0,0326	0,0550		0,3748		0,629
	0,1571	0,0117	0,0200	0,0339	0,0575	0,3691		0,635
vaca+mãe+touro1	0,2203					0,3899	0,3899	0,582
	0,1864	0,0629				0,3801	0,3801	0,592
	0,1727	0,0362	0,0578			0,3737	0,3737	0,598
	0,1663	0,0216	0,0350	0,0585		0,3680	0,3680	0,605
	0,1638	0,0133	0,0216	0,0361	0,0610	0,3621	0,3621	0,612
Vaca+mãe+touro2	0,2000					0,4000	0,4000	0,632
	0,1712	0,0543				0,3913	0,3913	0,639
	0,1594	0,0309	0,0509			0,3856	0,3856	0,644
	0,1538	0,0179	0,0306	0,0521		0,3803	0,3803	0,648
	0,1517	0,0105	0,0187	0,0321	0,0547	0,3749	0,3749	0,654
Vaca+mãe+touro3	0,1898					0,4051	0,4051	0,656
	0,1635	0,0500				0,3970	0,3970	0,661
	0,1526	0,0283	0,0474			0,3915	0,3915	0,665
	0,1475	0,1616	0,0284	0,0489		0,3865	0,3865	0,669
	0,1456	0,0092	0,0172	0,0301	0,0516	0,3813	0,3813	0,674

Touro 1 = baixa precisão na sua avaliação genética ($r_i = 0,5$);Touro 2 = média precisão ($r_i = 0,8$);Touro 3 = alta precisão ($r_i = 0,91$).

4.1 Método de mínimos quadrados

A produção de leite de um grupo de vacas pode ser descrita por um modelo estatístico da forma:

$$Y_{kij} = \mu + R_k + T_i + e_{kij}$$

em que:

- Y_{kij} é a produção de leite da vaca j , filha do touro i , no rebanho k ou rebanho-ano-época k ;
- μ é uma constante comum a toda observação;
- R_k é o efeito do rebanho k ;
- T_i é o efeito do touro i ;
- e_{ij} é o efeito residual, aleatório. Pressupõe-se que $e_{ikij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$

Na forma de matrizes, o modelo pode ser representado como:

$$Y = Xb + Zt + e$$

em que:

- Y é um vetor de ordem $n \times 1$ representando as produções de cada vaca em uma lactação;
- b é um vetor de ordem $r \times 1$, representando os efeitos fixos de rebanho ou rebanho-ano-época (r = número de classes de efeitos fixos);
- t é um vetor de ordem $t \times 1$ dos efeitos fixos do touro (t é o número de touros);
- X é uma matriz de dimensão $n \times r$ que contém zeros (0) e uns (1) associando os diferentes níveis de r a cada observação de Y ;
- Z é uma matriz de zeros e uns de ordem $n \times t$, associando os diferentes touros a cada observação de Y .

As estimativas de b e t pelos métodos dos mínimos quadrados satisfazem ao sistema de equações normais dado por:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix} \quad (1)$$

Em avaliações genéticas de touros, o objetivo principal é estimar o seu efeito genético (t) sobre a característica avaliada, livre dos efeitos de b . Assim, após a eliminação dos efeitos não-genéticos b , por um processo de absorção das equações de b nas equações para t , o sistema de (1) torna-se:

$$Z'SZ \hat{t} = Z'SY \text{ em que } S = I - X(X'X)^{-1}X' \quad (2)$$

I é uma matriz identidade de ordem $n \times t$, com 1 (um) na diagonal e 0 (zero) fora da diagonal.

A estrutura de $(Z'SZ)$ é:

$$\begin{bmatrix} n_{.1} - \sum_k \frac{n_{k1}^2}{n_{k.}} & -\sum_k \frac{n_{k1}n_{k2}}{n_{k.}} & \dots & -\sum_k \frac{n_{k1}n_{kt}}{n_{k.}} \\ -\sum_k \frac{n_{k1}n_{k2}}{n_{k.}} & n_{.2} - \sum_k \frac{n_{k2}^2}{n_{k.}} & \dots & -\sum_k \frac{n_{k2}n_{kt}}{n_{k.}} \\ \vdots & \vdots & \dots & \vdots \\ -\sum_k \frac{n_{k1}n_{kt}}{n_{k.}} & -\sum_k \frac{n_{k2}n_{kt}}{n_{k.}} & \dots & n_{.t} - \sum_k \frac{n_{kt}^2}{n_{k.}} \end{bmatrix}$$

em que

$n_{.i} = \sum_k n_{ki}$ é o número total de filhas do touro i;

$n_{k.} = \sum_i n_{ki}$ é o número total de vacas no rebanho k;

n_{ki} é o número de filhas do touro i no rebanho k;

A estrutura de $Z'SY$ para um determinado touro i é da forma:

$$Z'SY_i = \sum_k (n_{ki} \bar{P}_{ki} - n_{ki} (n_{k.} \bar{P}_{k.}) / n_{k.})$$

em que $\bar{P}_{ki}$ é a média de produção das filhas do touro i no rebanho k e $\bar{P}_{k.}$ é a média de produção de todas as vacas no rebanho.

As estimativas dos valores genéticos dos touros são obtidas por:

$$\hat{t} = (Z'SZ)^{-1} Z'SY$$

4.2 Comparação com contemporâneas e com companheiras de rebanho

Os métodos da comparação com contemporâneas e das companheiras de rebanho foram amplamente usados no período inicial da inseminação artificial e tiveram grande impacto no melhoramento das populações de gado de leite. Todavia, atualmente são pouco usados pelo fato de fornecerem estimativas de valor genético viciadas. As condições em que eram usadas eram basicamente as mesmas, sendo que no primeiro não se corrigiam as lactações para idade da vaca, uma vez que

somente a primeira lactação era utilizada, e no segundo vacas de qualquer idade, com ajustamento para essa variável. A pressuposição básica destes métodos é que as filhas de um certo touro eram comparadas com as filhas de outro touro que representavam a média em rebanho médio da população. Isto significava que as condições seguintes deveriam estar satisfeitas:

1. Touros e vacas são uma amostra ao acaso da população;
2. A população é estática, ou seja, não ocorria progresso genético;
3. Não existe a diferença entre descarte de filhas companheiras ou contemporâneas;
4. As filhas recebem o mesmo tratamento que as companheiras ou contemporâneas.

Nestes métodos, a matriz $Z'SZ$, definida no item 4.1 só apresenta os elementos da diagonal, ou seja: $\sum_k (n_{ki} - \frac{n_{ki}^2}{n_k})$ que é usada para o cálculo do número efetivo de filhas de um dado reprodutor i . Além disso, na mesma diagonal de $Z'SZ$ adiciona-se $\frac{\sigma_e^2}{\sigma_t^2}$. Assim, o sistema de equações obtido em 4.1 torna-se:

$$(Z'SZ + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_t^2}) \hat{t} = Z'SY \text{ e}$$

$$\hat{t}^* = (Z'SZ + I \frac{\sigma_e^2}{\sigma_t^2})^{-1} Z'SY$$

Em que $\hat{t}^*$ representa o vetor com solução usando matriz com elementos exclusivamente na diagonal e σ_e^2 e σ_t^2 são a variância do erro e de touros, respectivamente.

À metade de $\hat{t}^*$, que é o valor genético do touro, denomina-se DP ou DEP e representa a diferença (para mais ou para menos) esperada na progênie decorrente do uso do touro.

4.3 Modelos lineares mistos

A metodologia dos modelos mistos permite a avaliação de um touro fornecendo preditores do valor genético com propriedades BLUP (melhor preditor linear não-viciado). Assim, esta metodologia, por apresentar propriedades estatísticas muito vantajosas sobre as demais, constitui-se atualmente na melhor opção para avaliação de touros e de vacas.

Algumas propriedades desejáveis e vantagens do modelo linear misto (BLUP)

- ♦ Minimiza a variância do erro da predição dentre preditores lineares não-viciados ou viesados.
- ♦ BLUP de $M't$ é $M'\hat{t}$ e $\hat{t}$ é BLUP de t . Assim, os valores genéticos para cada característica podem ser avaliados e essas avaliações ponderadas

pelos valores econômicos que podem diferir de rebanho para rebanho e de uma geração para outra.

- ♦ Minimiza o quadrado médio dos erros das predições dentro da classe das predições lineares de translação invariante.
- ♦ Maximiza a correlação entre $\hat{t}_i$ e t_i dentro da classe das predições lineares não-viciado viciadas.
- ♦ Dentro da classe linear, translação invariante, predições BLUP maximizam a probabilidade de selecionar o melhor de qualquer par de candidatos.
- ♦ Possibilita considerar os efeitos dos acasalamentos seletivos pela matriz de parentesco.
- ♦ As equações são de fácil solução.
- ♦ O parentesco entre os animais com observações e aqueles a serem avaliados podem facilmente ser utilizados usando-se matriz de parentesco (A).
- ♦ Dispensa casualização dos acasalamentos.
- ♦ Elimina as maiores fontes de variação causadas pelo ambiente.
- ♦ Possibilita o uso das informações de parentes, reduzindo o erro da estimativa do valor genético dos touros.

4.3.1 Modelo touro

Fazendo-se uma modificação no sistema de equações normais de (1) do item 4.1, adicionando-se a matriz $G^{-1} = A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_t^2}$ no lado esquerdo das equações correspondentes aos efeitos de touro, obtém-se:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{t} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

Da mesma forma, o sistema de (2) torna-se:

$$(Z'SZ + G^{-1}) \hat{t} = Z'SY$$

e

$$\hat{t} = (Z'SZ + A^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_t^2})^{-1} Z'SY$$

A matriz A^{-1} é a inversa da matriz de coeficientes de parentesco entre os touros que permite a utilização de informações de outros parentes, além das filhas, na avaliação do reprodutor.

σ_e^2 e σ_t^2 , conforme já especificado anteriormente, representam a variância do erro e de touros, respectivamente.

4.3.1.1 Exemplo

Seja um exemplo apresentado por Henderson (1973 e 1982). Uma amostra em que quatro touros são acasalados ao acaso com vacas da mesma população e as progênie são testadas em uma mesma condição de ambiente. Além disso, admite-

se que as observações das progênie são corrigidas por todos os efeitos conhecidos de ambiente, por meio de fatores de correção, tal como idade. O modelo para a observação da progênie j do $i^{\text{ésimo}}$ touro é:

$$Y_{ij} = m + s_i + e_{ij}$$

Admite-se que os touros não são parentes, isto é, $\text{Var}(s) = I \sigma_s^2$ e $\text{Var}(e) = I \sigma_e^2$ e s e e não são relacionados. Ainda que os touros tenham todos 20 filhas, as quais produziram médias de 5.350, 3.800, 3.500 e 3.800 kg de leite, respectivamente. Então, as equações do modelo misto para esta situação são dadas por:

$$\begin{bmatrix} 80 & 20 & 20 & 20 & 20 \\ 20 & 20+\alpha & 0 & 0 & 0 \\ 20 & 0 & 20+\alpha & 0 & 0 \\ 20 & 0 & 0 & 20+\alpha & 0 \\ 20 & 0 & 0 & 0 & 20+\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{s}_1 \\ \hat{s}_2 \\ \hat{s}_3 \\ \hat{s}_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 329.000 \\ 107.000 \\ 76.000 \\ 70.000 \\ 76.000 \end{bmatrix} \quad (3)$$

Se a herdabilidade da característica for 0,25, $\sigma = \sigma_e^2 / \sigma_s^2 = (4 - h^2)/h^2 = 15$. Então, para se obter a solução para o sistema, basta adicionar 15 na diagonal da matriz acima especificada nos locais onde aparecem α e resolver a equação. Neste caso, a solução resultante é:

$$\begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{s}_1 \\ \hat{s}_2 \\ \hat{s}_3 \\ \hat{s}_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 4.412,5 \\ 707,14 \\ -178,57 \\ -350,00 \\ -178,57 \end{bmatrix} \quad (4)$$

Agora, supondo-se que os touros um e dois parentes de irmãos completos e o três meio-irmão dos touros um e dois. O touro quatro não é relacionado a nenhum dos três. Neste caso, a matriz A é da forma:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0,5 & 0,25 & 0 \\ 0,5 & 1 & 0,25 & 0 \\ 0,25 & 0,25 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} e$$

$$A^{-1} = \begin{bmatrix} 1,363636 & -0,636364 & -0,181818 & 0 \\ -0,636364 & 1,363636 & -0,181818 & 0 \\ -0,181818 & -0,181818 & 1,090909 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Considerando o mesmo valor para a herdabilidade, então, para se obter a solução do sistema, adiciona-se às equações normais de (3), $15 * A^{-1}$, e resolve-se o sistema. A solução resultante é:

$$\begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{s}_1 \\ \hat{s}_2 \\ \hat{s}_3 \\ \hat{s}_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 4.059,79 \\ 620,31 \\ 0,31 \\ -261,34 \\ -148,45 \end{bmatrix} \quad (5)$$

Observe que, pela simples inclusão da matriz de parentesco, os resultados obtidos em (4) e (5) são muito diferentes. Há mudanças de classificação de touros e touro que era negativo tornou-se positivo. Esta é consequência da contribuição do parentesco sobre a avaliação dos animais. Dependendo do relacionamento entre os animais sob avaliação, mudanças drásticas podem ocorrer pela inclusão da matriz de parentesco.

4.4 Modelo animal - avaliação genética de vacas e de touros

Em 1989, o modelo animal tornou-se a base para a avaliação genética de vacas e touros nos Estados Unidos. Desde então, o uso dessa metodologia tem-se expandido. As avaliações são computadas de forma diferente das anteriormente descritas. Em vez de se utilizar o termo DP para touros e índice genético para vacas, no modelo animal utiliza-se o termo PTA ou capacidade prevista de transmissão, que é a metade do valor genético do indivíduo, e é obtido a partir de uma avaliação simultânea de vacas e touros, baseada nos registros de produção das vacas. O modelo animal produz preditores do valor genético.

As equações para o modelo animal proporcionam soluções diretas para os animais que têm registro de produção. O mérito dos animais sem produção, tais como touros ou as mães das vacas para os quais não existem registro de produção, pode ser estimado com a utilização da matriz de parentesco. A metodologia tem as mesmas propriedades BLUP e requer definições e estimativas precisas dos componentes da matriz de variância e covariância.

Um aspecto importante desse modelo é que todos os animais nele incluído são avaliados conjuntamente, em contraste com a avaliação em separado de machos e fêmeas, que ocorre com os outros procedimentos.

4.4.1 Algumas vantagens do modelo animal, segundo Van Vleck (1992)

Simplicidade - A primeira vantagem do modelo animal é que, embora a aritmética possa não parecer simples, o procedimento de avaliação é intuitivamente fácil de entender e explicar, uma vez que se utiliza uma equação para cada efeito e os coeficientes de parentesco para interligar touros e ancestrais-base que não têm registro de produção.

Aumento da confiabilidade da prova - Repetibilidade é um termo comum que foi utilizado para indicar quão bem o valor genético de um touro foi predito.

Confiabilidade é agora o termo recomendado e descreve a correlação entre o verdadeiro valor genético e o valor genético predito. É a raiz quadrada da repetibilidade. Estes termos dão idéia da intensidade de utilização do touro.

O procedimento do modelo animal incorpora todo parentesco existente entre indivíduos. A repetição genética parcial que é utilizada aumenta a confiabilidade da avaliação genética.

Facilidade de estabelecimento de base genética - É importante enfatizar que avaliações genéticas não são absolutas. Diferenças entre animais ou entre pares de animais podem ser preditas, mas não o valor genético exato. Aqui entra a idéia de base genética. Uma base genética é um conjunto arbitrário estabelecido segundo um critério escolhido pelo profissional responsável pela avaliação genética. Por exemplo, o valor genético predito médio para os animais nascidos em determinado ano pode ser "forçado" a zero. Após terem sido resolvidas as equações, suponha que a média do valor genético predito (VG) para os animais nascidos em 1987 seja -25 kg. Para forçar a base para o ano de 1987, basta adicionar aos VGs de todos animais 25 kg. A nova média de VG, para animais nascidos no ano de 1987, será zero e para animais nascidos em outros anos ficará acrescida de 25 kg.

Correção para acasalamento preferencial - Acasalamento preferencial ocorre quando alguns touros são acasalados com as melhores vacas, em relação aos acasalamentos adotados para outros touros. Se não for feita correção para este tipo de efeito, um reprodutor de qualidade inferior pode ser avaliado como sendo melhor do que ele é realmente, por receber crédito pelos efeitos das fêmeas com as quais ele foi acasalado.

As ligações criadas pelo parentesco na avaliação conjunta, utilizando-se o modelo animal, automaticamente ajusta a PTA para o efeito de acasalamento preferencial. Isto ocorre porque a metade da estimativa do efeito genético, devido à mãe, é subtraída da estimativa do valor genético da filha, ou seja:

$$PTA(\text{touro}) = \text{Ponderação}(\sum(PTA(\text{das filhas}) - PTA(\text{das mães})/2)).$$

em que a ponderação depende do número de filhas.

Correção para vícios causados pela seleção - Se na avaliação genética forem incluídas todas as vacas que tenham no mínimo a primeira lactação, o efeito de seleção baseado nesta lactação será corrigido, utilizando-se modelo animal. Alguns estudos mostram resultados seriamente viciados se a primeira lactação de cada vaca avaliada não for considerada. Assim, é muito importante que se criem mecanismos eficientes de identificação correta da primeira lactação das vacas a serem avaliadas.

Correção para correlação de meio ambiente (c^2) - Tratar ou manejar filhas de determinado(s) reprodutor(es) de uma forma melhor do que as demais vacas no rebanho resulta em uma correlação de ambiente entre filhas dentro de rebanho. Tal procedimento pode viciar a prova do touro. Uma maneira de considerar o efeito

de correlação de ambiente é incluir no modelo um efeito da interação touro x rebanho, com uma variância apropriada. Este efeito é considerado nas avaliações genéticas como c^2 com valor próximo a 14% da variância total. O sentido da inclusão desse efeito é reduzir a influência de filhas em um mesmo rebanho, quando comparadas a uma filha por rebanho na prova do touro.

4.4.2 O que o modelo animal não faz, segundo Van Vleck (1992)?

Correção para tratamento preferencial - Infelizmente o modelo animal, assim como qualquer outra metodologia, não consegue corrigir para efeitos de tratamento preferencial, isto é, melhor manejo ou utilização de produtos estimulantes (hormônios) dado às filhas de algum touro. Assim, a única forma de evitar erros na avaliação é não praticar tratamento preferencial.

Ajustamento para heterogeneidade de variância e herdabilidade - Nenhum método de avaliação genética pode, por si só, considerar diferenças em variabilidade, tanto genética como de ambiente, de rebanho para rebanho ou de período para período. Qualquer ajustamento para diferenças em variância deve ser similar para todos modelos.

Comparação de avaliações realizadas em diferentes países - Se no Brasil e em outro país são realizadas avaliações genéticas utilizando-se modelo animal, os resultados das avaliações de vacas e touros obtidos nos dois países não podem ser comparados diretamente. Uma razão é que as bases genéticas das avaliações são diferentes. Mesmo se o ano tomado como base for o mesmo em ambos países, as bases não são comparáveis, porque diferentes animais são incluídos na média forçada a zero. Para que seja possível realizar comparações, há necessidade de que se façam avaliações com os dados combinados.

4.4.3. Modelo geral

Um modelo geral para descrever a produção de um animal pode ser representado por:

$$Y_{ij} = F_i + A_{jr} + P_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} é o valor observado da característica (leite, gordura, proteína, etc.), na vaca j ;

F_i é o efeito fixo de rebanho-ano-época de parto e outros efeitos fixos incluídos no modelo;

A_{jr} é o valor genético aditivo do animal j considerado aleatório;

P_j é o efeito permanente de meio;

e_{ij} é o efeito residual associado a cada observação, considerado aleatório com média 0 e variância constante.

O mesmo modelo, na forma matricial pode ser assim descrito:

$$y = X\beta + Zu + Zp + e$$

- y é um vetor $n \times k$ contendo as observações para as características avaliadas, com n o número de observações e k o número de características;
- X é a matriz de incidência dos efeitos fixos (rebanho-ano, época, composição genética e idade da vaca ao parto, entre outras);
- β é um vetor de parâmetros desconhecidos representando os efeitos fixos;
- Z é uma matriz de incidência dos efeitos aleatórios para animais e vacas;
- u é um vetor de classes de efeitos aleatórios, que incluiu os valores genéticos previstos dos animais que estavam sendo avaliados;
- p é um vetor de efeito permanente de meio, decorrente de registros repetidos de uma mesma vaca;
- e é um vetor dos erros aleatórios.

As pressuposições assumidas para um modelo desse tipo são:

$$E(a) = E(p) = E(e) = 0$$

$$\text{Var}(X\beta) = 0; \text{Var}(a) = G, \text{Var}(P) = P, \text{Var}(e) = R,$$

em que:

$E(Y)$ significa valor esperado de Y , $\text{Var}(Y)$ significa variância de Y , G é uma matriz de variância e covariância entre os efeitos aleatórios de animal premultiplicada pela matriz de coeficientes de parentesco (A) entre os animais. Se $k = 1$ (uma única característica) $G = A * \sigma_a^2$. P é uma matriz de variância dos efeitos de meio permanentes com elementos apenas na diagonal. Se $k = 1$, $P = I * \sigma_p^2$. R é uma matriz de variância dos efeitos residuais com elementos apenas na diagonal. Se $k = 1$, $R = I * \sigma_e^2$. Admite-se adicionalmente que os efeitos de u e p são não correlacionados entre si. Assim, a partir dessas pressuposições, tem-se:

$$E(Y) = X\beta \text{ e } \text{Var}(Y) = ZGZ' + ZPZ' + R$$

Para o caso univariado ($k = 1$) o sistema de equações para o modelo animal é:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & 0 & X'Z \\ X'Z & Z'Z + A^{11}\alpha & A^{12}\alpha & Z'Z \\ 0 & A^{21}\alpha & A^{22}\alpha & 0 \\ Z'X & Z'Z & 0 & Z'Z + I\gamma \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u}_1 \\ \hat{u}_2 \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \\ 0 \\ Z'Y \end{bmatrix} \quad (6)$$

As matrizes A^{11} , A^{12} , A^{21} e A^{22} são as inversas das matrizes A_{11} , A_{12} , A_{21} e A_{22} que representam as matrizes de coeficientes de parentesco entre animais com registros de produção, entre animais com e sem registro de produção e entre animais sem registro de produção. $A_{12} = A_{21}$. $\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}$ e $\gamma = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$.

A solução do sistema de equações em (6) irá fornecer as estimativas dos valores genéticos preditos para os animais avaliados. Em geral, a solução não é

fácil de ser obtida, pois o grande número de animais e/ou de classes de efeitos fixos torna quase impossível obter a inversa da matriz do lado esquerdo das equações de (6). Assim, há necessidade de se usar métodos de aproximações sucessivas. Atualmente, existem algoritmos bem adaptados e testados que favorecem a obtenção das soluções, sem necessidade de inversão daquela matriz.

5. Sistemas para avaliação genética de vacas e touros

Até 1980 as avaliações genéticas realizadas no Brasil usavam procedimentos simples, usando-se "pacotes" de análise estatística, tais como o SAS (Statistical Analysis System), programa Harvey entre outros, os quais calculam as médias do valor genético de touros ou vacas usando-se o método de mínimos quadrados. De 1980 a 1982 a Embrapa contratou consultoria do Dr. Jean Dommerholt (DOMMERHOLT J., 1982) e implementou o uso de um sistema de avaliação que usa o método das companheiras de rebanhos. Este sistema foi usado na Embrapa Gado de Leite até 1994.

No final de 1994 as avaliações genéticas passaram a ser realizadas usando-se procedimentos mais sofisticados, tal como o método da máxima verossimilhança para estimação de componentes de variância e modelo animal, incluindo matriz de parentesco por meio de um arquivo de pedigree mais ou menos completo, de acordo com a raça e as disponibilidades de informação. Nessa época iniciou-se o uso de pacotes que adotam tais procedimentos.

Assim, deu-se o início do uso dos sistemas MTDFREML (Boldman et. al., 1994) e DFREML (Meyer, 1988). Esses sistemas realizam a avaliação genética em análise uni ou multivariada usando para estimação dos componentes de (co)variância o método da máxima verossimilhança restrita (REML) e, na procura do máximo da função de verossimilhança, usa um algoritmo especial em um processo que dispensa uso de derivadas ou inversas de matrizes (veja Verneque, 1994). Além desses sistemas, amplamente usados no Brasil, existem outros como o MTC (Multiple Trait Component) (Misztal, 1990) e o PEST (Groeneveld, 1990).

O uso dos sistemas acima mencionados tem provocado alterações substanciais no processo de avaliação genética de vacas, de touros e de outros animais em todo o mundo. Nos próximos anos deverão surgir novos sistemas usando outras metodologias, talvez métodos Bayesianos, com vistas à tornar cada vez mais precisas as avaliações genéticas de animais.

6. Bibliografia consultada

BOLDMAN, K.G., VAN VLECK, L.D. Derivative-free restricted maximum likelihood estimation in animal models with a sparse matrix solver. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 74, n. 12, p. 4337-4343, 1991.

BOLDMAN, K.G., KRIESE, L.A., VAN VLECK, L.D.; VAN TASSEL, C.P.; KACHMAN, S.D. **A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Lincoln: Department of Agriculture/ Agriculture Research Service, 1994. 120p.

DOMMERHOLT J. **Sire and cow evaluation program**. Coronel Pacheco: Embrapa Gado de Leite, 1982, 42p. (mimeo).

ELER, K.P. **Avaliação genética de vacas leiteiras**. Ribeirão Preto: USP/Fac. Med. Ribeirão Preto/Departamento de Genética e Matemática Aplicada à Biologia. 1987. 65p. (Monografia).

HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. In: ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM, 10., 1973, Champaign. **Proceedings...** Menasha: American Society of Animal Science, 1973. p. 41.

FOLEY, R.C., BATH, D.L., DICKINSON, F.F.; TUCKER, H.A. **Dairy cattle: principles, practices, problems, profits**. Philadelphia: Lea & Febiger, 1973. 693p.

GROENEVELD, E.; KOVAK, M. A note on multiple solutions in multivariate restricted maximum likelihood covariance component estimation. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p.2221, 1990.

HENDERSON, C.R. Theoretical bases and computational methods for a number of different animal models. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 71, suppl. 2, p. 1-16, 1989.

HENDERSON, C.R. Avaliação de vacas e touros. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINO LEITEIRO NOS TRÓPICOS, 1., 1983, Juiz de Fora. **Anais...** Juiz de Fora: Embrapa Gado de Leite, 1982, p. 138-189.

MARTINEZ, M. Avaliação genética de touros puros e mestiços. In: SIMPÓSIO SOBRE PRODUÇÃO ANIMAL, 6., 1989, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1989, p. 77-106.

MARTINEZ, M.L.; TEODORO, R.L. Programa nacional de melhoramento genético do gado Gir leiteiro. *Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, v. 16, n. 177, p. 7-9, 1992.

MEYER, K. A set of programs to estimate variance components under individual animal model. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 71, n. 2, p. 33-34, 1988.

MISZTAL, I. Restricted maximum likelihood estimation of variance components in animal model using sparse matrix inversion and a supercomputer. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, n. 1, p. 163-72, 1990.

MILAGRES, J.C. **Melhoramento animal: seleção**. Viçosa: UFV, 1980, 77p.

MILAGRES, J.C. **Melhoramento animal avançado: seleção**. Viçosa: UFV, 1981, 101p.

MILAGRES, N.M. **Melhoramento genético de gado de leite - seleção de vacas e touros**. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 1997. 40p. (Embrapa Gado de Leite. Circular Técnica, 43).

SCHAEFFER, L. Animal models: why, how and when to use them. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL. 1., 1996, Ribeirão Preto. Ribeirão Preto, 1996, p. 21-40.

SILVA, M.A. **Melhoramento animal: métodos de seleção**. Viçosa: UFV, 1982. 49p.

VAN VLECK, L.D. Animal model for bull and cow evaluation. In: *LARGE Dairy Herd Management Symposium*, 1992, Nebraska. Nebraska, 1992. p. 1-31.

VANRADEN, P.M., ERNST, C.A., WIGGANS, G.R. et al. Ability of animal model and modified contemporary comparison evaluations of parents to predict future progeny performance. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.72, n.1, p.72, 1989.

VERNEQUE, R.S. Procedimentos numéricos e estimação de componentes de covariância em análise multivariada pelo método da máxima verossimilhança restrita: modelos mistos aplicados ao melhoramento animal. Piracicaba, SP, ESALQ, 1994. 155p. Tese de Doutorado.

Interação genótipo/ambiente

Cláudio Napolis Costa¹

1. Introdução

A variação nas características economicamente importantes nos animais domésticos é parcialmente controlada pela herança genética. A expressão genética nestas características está sob o controle cumulativo de um grande número de genes que constituem o genótipo do indivíduo, em que os efeitos aditivos dos genes individualmente são pequenos. O modelo básico do desempenho animal define a expressão fenotípica do caráter na soma dos efeitos genético e de ambiente e da interação entre eles. Uma interação genótipo/ambiente (GxA) é observada quando diferenças fenotípicas entre diferentes genótipos são desiguais de um ambiente para outro.

Uma revisão geral dos principais tipos de classificação da interação genótipo/ambiente apresentados por diversos autores foi realizada por Reis e Lobo (1991). A título de ilustração apresentam-se na Figura 1 os tipos classificados por Pani (1971) conforme aqueles autores. Observa-se que as interações podem envolver: a) alterações na ordem de classificação (mudança de posto) dos genótipos, segundo o seu desempenho em cada ambiente, ou b) alterações na magnitude das diferenças entre os desempenhos dos genótipos. Neste particular, tais diferenças podem significar alterações na magnitude absoluta e relativa das variâncias genéticas, ambiental e fenotípica, cujo grau de proporcionalidade vai determinar a alteração da magnitude da heritabilidade entre ambientes. Neste caso, admite-se a existência da interação genótipo/ambiente pela heterogeneidade de variância.

A presença da interação genótipo/ambiente assume importância se existem diferenças entre os ambientes de seleção e produção, o que pode implicar desempenho diferenciado e portanto em resposta realizada pela seleção significativamente inferior àquela potencialmente esperada. Um componente importante dos programas de seleção é a estimativa precisa dos valores genéticos. A modelagem apropriada das avaliações genéticas deve considerar as mudanças potenciais na classificação, magnitude dos valores genéticos e ganhos genéticos nos diferentes ambientes. Portanto, os programas de melhoramento delineados para melhorar o desempenho dos animais em diferentes ambientes não devem ignorar a possibilidade da interação GxA.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – cnc8@cnpq.embrapa.br

Falconer (1952) propôs o uso da correlação genética para descrever a interação GxA ao definir a medição da mesma característica em dois ambientes como características distintas. No contexto da correlação genética, a obtenção de uma estimativa significativamente diferente da unidade é evidência para rejeição da hipótese de que a expressão da característica é controlada pelos mesmos genes, e que os valores genotípicos não mudam substancialmente nos dois ambientes.

Diferenças extremas no ambiente podem afetar a expressão dos valores genotípicos produzindo uma correlação genética significativamente diferente da unidade, o que indica a presença da interação GxA devido à reclassificação dos valores genéticos. Neste cenário os animais devem ser avaliados nas condições ambientais nas quais sua progênie expressará seu desempenho para garantir que elas serão efetivas no aumento da eficiência da produção.

Quando a classificação não é afetada, a interação GxA pode ainda existir. Dickerson (1962) referiu-se à pseudo-interação quando há diferenças significativas na magnitude das variâncias genéticas e/ou residual entre ambientes. A heterogeneidade de variâncias tem consequências nas decisões de seleção e ganhos genéticos resultantes; ignorá-la pode implicar superavaliação e seleção de uma maior proporção de indivíduos de rebanhos em ambientes de maior variação (Hill, 1984; Van Vleck, 1987; Vinson, 1987).

Este capítulo apresenta uma revisão informativa sobre estudos realizados sobre a interação GxA em gado de leite. É uma extensão atualizada daquela apresentada por Costa (1999). Inicialmente descreve-se sobre alguns aspectos metodológicos, sem maior detalhamento, pois o objetivo é apenas reafirmar a importância de métodos estatísticos adequados a tais estudos. Na sequência, apresentam-se alguns resultados e suas implicações nos programas nacionais de seleção. Se, em geral, as estimativas de correlação genética situam-se próximas da unidade entre regiões, estados ou níveis de produção nacional, há uma tendência em se ajustar para a heterogeneidade de variâncias, devido às suas implicações na seleção de vacas elite, potenciais mães de touros. Na sequência aborda-se a importância da interação GxA no contexto internacional, em que a correlação genética entre países é um parâmetro básico no procedimento "*Multiple Across-Country Evaluation*" (MACE) utilizado para as avaliações genéticas internacionais realizadas trimestralmente pelo *International Evaluation Bull Service* (Interbull). O capítulo se encerra com algumas considerações finais, após a apresentação de resultados e algumas estimativas de correlação genética que suportam a realização das avaliações internacionais para as características não-produtivas ou funcionais, particularmente para as características de conformação.

2. Avaliação da interação genótipo/ambiente

Falconer (1952) estendeu o conceito de correlação genética para comparar a expressão genotípica e a resposta à seleção em diferentes ambientes como características distintas com respostas à seleção parcialmente desiguais devido à menor pleiotropia. Outros estudos subseqüentes apresentaram contribuições importantes para a teoria genética ao descrever os efeitos potenciais da interação GxA (Robertson, 1959; Dickerson, 1962).

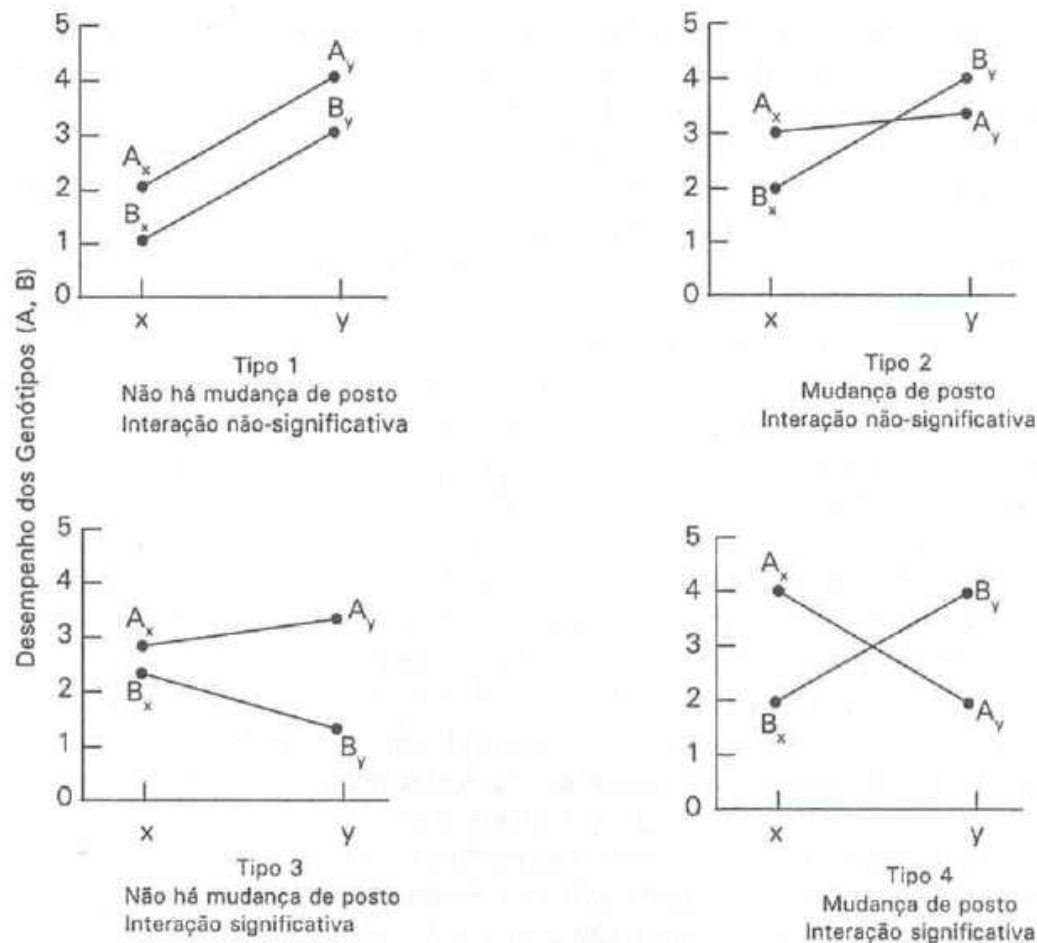


Figura 1. Tipos de interação genótipo/ambiente, segundo Pani (1971).

Fonte: (Reis e Lôbo, 1991).

Pani e Lasley (1972) revisaram a interação GxA nos animais domésticos discutindo diferentes métodos para estimar a correlação genética entre diferentes ambientes. Os métodos para estimar a interação GxA pela correlação genética geralmente envolvem coeficientes obtidos pela correlação intraclasses, correlação de ordem (*rank*), ou correlação simples (produto-momento). Mathur e Horst (1994) estenderam a discussão de Pani e Lasley (1972) com uma comparação compreensiva da eficiência relativa de métodos alternativos para estimativas da interação GxA usando o desempenho de aves de postura. Entre as alternativas consideradas, o coeficiente de correlação entre valores genéticos estimados em diferentes ambientes foi a medida mais confiável para prever a resposta à seleção com intensidades de seleção iguais. Entretanto, estes autores observaram que a precisão da estimativa dos valores genéticos depende do número efetivo da progênie e valor da heritabilidade da característica. Para as características de baixa heritabilidade, a estimativa de correlação genética simples (produto-momento) é menor que 1,0, mesmo se não há interação. Portanto, as baixas estimativas obtidas por correlações simples entre provas de reprodutores para características de baixa heritabilidade devem ser cuidadosamente interpretadas como indicadores da presença de interação GxA.

Uma contribuição metodológica importante para a estimativa de correlação genética foi apresentada por Schaeffer et al. (1978). Esses autores descreveram um procedimento de modelo misto para características múltiplas, para estimar

simultaneamente componentes de (co)variância heterogêneos quando as características correlacionadas não são medidas nos mesmos animais. Gianola (1986) descreveu um procedimento similar para estimar a correlação genética entre valores genéticos entre diferentes ambientes baseados em algoritmos EM com estimadores REML quando as variâncias genética e residual são heterogêneas. Quaas et al. (1989) apresentaram um modelo multivariado que considera heterogeneidade de variância genética e residual para múltiplos efeitos aleatórios. Uma das pressuposições do modelo é que a heterogeneidade associada aos efeitos genéticos se deve à escala, o que implica igualdade da correlação entre efeitos genéticos, independentemente da classe em que se expressam, e na redução do número de parâmetros a serem estimados.

Cameron (1993) revisou vários métodos de modelos mistos para a estimativa de correlação genética (r_g), enfatizando a utilização de metodologia apropriada porque métodos univariados e bivariados não resultam em soluções idênticas para as respectivas equações dos modelos mistos. As soluções para as equações de reprodutores em uma análise univariada são obtidas independentemente, ao invés de simultaneamente, o que não garante uma matriz de (co)variância genética positiva definida para características entre ambientes e uma estimativa de correlação genética dentro do espaço do parâmetro, isto é, $-1,0 < r_g < 1,0$.

O mercado internacional de germoplasma de gado de leite tem criado relacionamentos genéticos entre populações, especialmente com reprodutores tendo grupos de progênie de meio-irmãs em diferentes países. Quando o germoplasma (sêmen) de um reprodutor de um país é exportado para um outro país, uma potencial interação GxA pode ser analisada por um modelo para características múltiplas, considerando o desempenho em cada país como características distintas. A pressuposição básica para as análises entre países origina-se do fato de que alguns touros, ou pelo menos pais de touros são usados em diferentes países. Comparando-se as estimativas de variância genética em cada país e as co-variâncias e correlação genéticas entre países, obtém-se informação sobre uma possível interação GxA.

Um cenário de potencial interação GxA é apresentado na Figura 2. Nessa figura os retângulos representam países, ambos com diferentes programas e objetivos de seleção, ou pelo menos diferentes bases de recursos. Os rebanhos em um determinado país, por exemplo, podem ser classificados individualmente, por região, ou em grupos como, por exemplo, pelo desvio-padrão para a produção de leite, definindo-se assim diferentes ambientes que podem apresentar diferentes estimativas de componentes de variância e heritabilidade. Este cenário contém duas estimativas de correlação genética, oferecendo informações sobre interação GxA. O coeficiente de correlação genética r_{GAB} representa a interação GxA entre países. Os coeficientes r_{GA} e r_{GB} quantificam a interação GxA entre níveis de ambiente dentro de cada país, o que fornece um tipo de limite superior para r_{GAB} (Brascamp et al., 1985).

3. Estudos de interação genótipo e ambiente em gado de leite

A interação GxA em gado de leite tem sido mais estudada nos países do hemisfério norte (região temperada). O genótipo geralmente tem sido definido pelos valores genéticos dos animais. O ambiente tem variado na sua definição: rebanhos, classes de rebanho, regiões ou estados dentro de um país e países. Os primeiros estudos concentraram-se nas questões sobre o tipo de ambiente na qual a seleção deveria ser praticada e se os valores genéticos dos reprodutores se classificariam

igualmente nos diferentes ambientes. Estes estudos forneceram estimativas de componentes de variância e de heritabilidade para os ambientes alternativos, e as estimativas de correlação genética entre ambientes para a mesma característica, geralmente produção de leite.

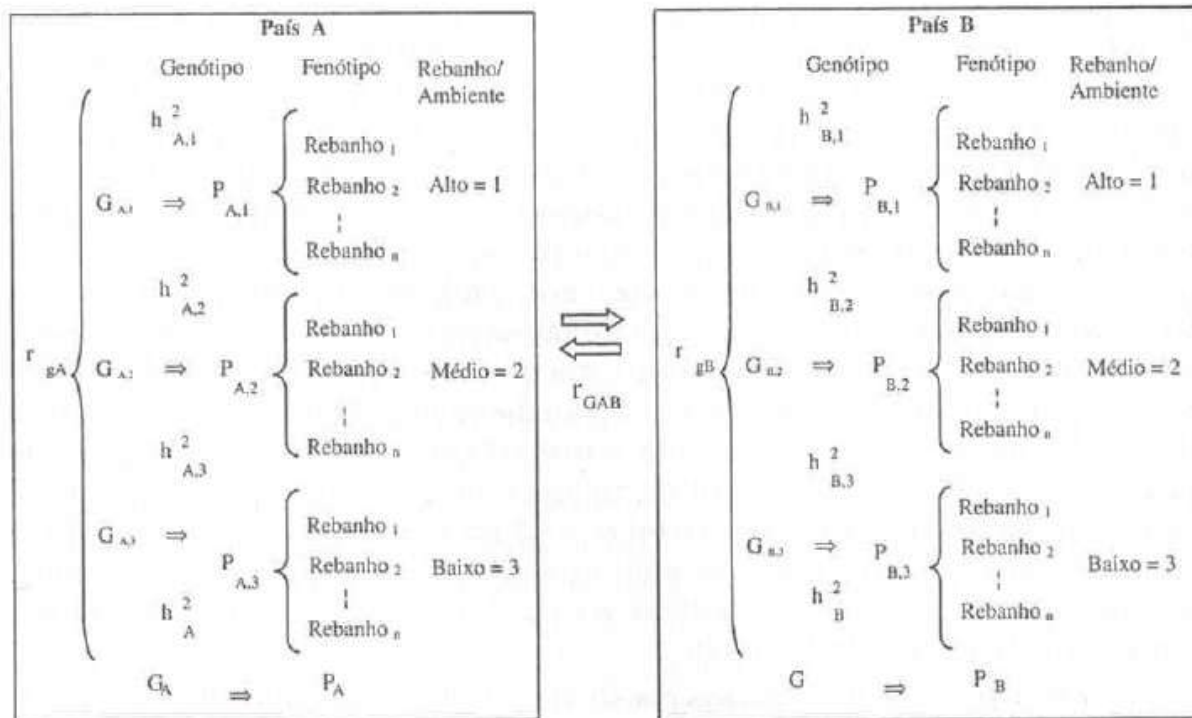


Figura 2. Representação esquemática de potencial interação GxA na produção de leite em gado de leite. Valores fenotípicos (P) e heritabilidade (h^2) são mostradas para cada país e ambiente de classificação dos rebanhos. A correlação genética r_{GAB} descreve a correlação entre valores genéticos para estes países. As correlações genéticas entre ambientes dentro do respectivo país são representadas por r_{gA} e r_{gB} .

Na revisão elaborada por Costa (1999) são apresentadas estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos para a produção de leite em diferentes ambientes e países nas regiões temperada, tropical e subtropical. A maioria das estimativas para a correlação genética para a produção de leite entre diferentes ambientes na região temperada tem sido próximas de 1,0. Cromie et al. (1998) relataram uma correlação genética para a produção de leite igual a 0,82 entre os 10% melhores e piores rebanhos classificados pela média de produção de leite do rebanho na Irlanda. Van der Werf e Napel (1991) obtiveram estimativas de 0,78 para a produção de leite entre grupos de baixa e alta produção na Holanda.

Robertson (1959) considerou que a interação GxA tem importância agrícola e biológica quando a correlação genética é menor que 0,80. Assim, há uma indicação mínima de significância para a reclassificação de valores genéticos entre países ou ambientes representados por grupos de rebanhos na região temperada. Entretanto, estes estudos demonstraram substancial relevância de heterogeneidade de variância para os componentes genético e residual entre ambientes. Portanto, heterogeneidade de variância, apesar de não causar reclassificação nos valores genéticos, é a forma primária de interação GxA na região temperada.

As estimativas apresentadas nos estudos revisados por Costa (1999) indicam, com poucas exceções, aumento nas variâncias genética (reprodutor) e residual e maiores herdabilidades à medida que a produção de leite aumenta. Esta tendência positiva tem sido observada independentemente da classificação do ambiente (média de produção de leite de rebanho, média de produção de leite por rebanho-ano, média de desvio-padrão para a produção de leite por rebanho-ano (DPPL-RA)). Ambas as variâncias, genética e residual, aumentaram com as classes de ambiente, mas não de modo proporcional entre si, o que resultaria em estimativas de heritabilidade aumentando progressivamente. No estudo de Stanton et al. (1991b), com países da América Latina (AL), e nos de Costa et al. (2000) e Torres et al. (2000), no Brasil, observou-se esta tendência positiva nas variâncias genética e residual com aumento do DPPL-RA (e da média de produção de leite), porém menores valores de heritabilidade para os rebanhos em alto DPPL-RA pelo aumento mais proporcional na variância residual. No estudo de Ceron Munoz (1999) observaram-se maiores valores para as estimativas de variância genética e residual para a região de Valle del Cauca, que apresentou a menor média de produção de leite entre três regiões consideradas. Deve-se observar contudo que o número de touros com progênie nesta região (69) foi significativamente inferior ao existente (> 300) nas outras duas. Esta diferença permite considerar um possível efeito de amostragem associado aos maiores valores obtidos para as estimativas de variância nesta região. Os valores de heritabilidade foram semelhantes.

Poucos estudos revisados por Costa (1999) envolveram diferentes países. Carabaño et al. (1989) obtiveram estimativas de 0,79 e 0,82 para a produção de leite entre os Estados Unidos da América (USA) e Espanha. Rozzi et al. (1991) obtiveram valores superiores a 0,90 entre Itália e Espanha. No estudo de Stanton et al. (1991b), envolvendo os Estados Unidos da América, México, Colômbia e Porto Rico e ambientes na AL definidos por todos os países e grupos de rebanhos classificados por DPPL-RA, as correlações genéticas variaram de 0,78 entre USA e Colômbia a 0,92 entre USA e todos os países da AL conjuntamente. As estimativas correspondentes para USA e grupos de alto e baixo DPPL-RA na AL foram 0,89 e 0,82 respectivamente. Houri Neto (1996) obteve estimativa de correlação genética para as produções de leite entre USA e o Brasil igual a 0,60, em análise bivariada com 149 touros da raça Holandesa, com progênie nos dois países. O autor todavia não apresentou as estimativas dos componentes de $co(variância)$. Em estudo mais recente, Costa et al. (1998, 2000) obtiveram estimativas de correlação genética entre USA e o Brasil iguais a 0,85 e 0,89 para as produções de leite e de gordura respectivamente. Quando se consideraram informações de rebanhos classificados em grupos de alto e baixo DPPL-RA no Brasil e todas as informações do USA, as estimativas foram respectivamente 0,87 e 0,79 para a produção de leite e 0,89 e 0,90 para a produção de gordura. Estudo semelhante realizado por Cienfuego-Rivas et al. (1999) resultou em estimativas de correlações genéticas para a produção de leite entre rebanhos classificados em grupos de alto e baixo DPPL-RA no México e todas as informações do USA iguais a 0,60 e 0,71 respectivamente. Quando se consideraram as informações de todos os rebanhos conjuntamente nos dois países, a correlação genética estimada foi 0,63. As correlações de ordem entre valores genéticos de touros foram menores que 0,70, indicando a reclassificação de touros nos ambientes mexicanos, que caracteriza a presença da interação genótipo/ambiente.

Tomando-se como referência o valor limite 0,80 de Robertson (1959), as estimativas de correlação genética dos estudos de Carabaño et al. (1989), Stanton et al. (1991b), Cienfuegos-Rivas et al. (1999) e Costa et al. (2000) respectivamente para a Espanha, Colômbia e baixo DPPL-RA na AL, México e Brasil, sugerem mudanças significativas na classificação entre valores genéticos de touros entre estes ambientes e USA. Em adição, independentemente de país ou classificação dos rebanhos, as estimativas de variâncias genética (reprodutor) e residual nos referidos estudos foram muito menores na Espanha, AL, Brasil e México, do que nos Estados Unidos da América. Certamente, as práticas de manejo e alimentação são mais similares entre regiões ou grupos de rebanho em um país que entre países. É também esperado que tais práticas sejam mais similares entre países na região temperada que entre países de regiões temperada e (sub) tropical. Diferenças no ambiente (condições climáticas, métodos de alimentação, exposição a doenças) são as condições mais prováveis para a presença de interação GxA, devido à reclassificação de valores genéticos. Os resultados revelam a tendência de redução na correlação genética para a produção de leite quando as diferenças entre os ambientes são mais pronunciadas.

McDowell (1992) informou que nas regiões de clima quente são produzidos animais dos genótipos europeus de tamanho menor, mas com eficiências biológica e econômica aceitáveis quando as condições de manejo são adequadas. Neste sentido, Vaccaro (1990) observou que o manejo das raças especializadas nas condições tropicais e as práticas de alimentação em particular são fatores-chave associados com a sobrevivência, crescimento e potencial leiteiro. A expressão das diferenças genéticas entre reprodutores serão maiores onde as condições de ambiente são mais favoráveis para a expressão fenotípica do potencial leiteiro (Wiggans e VanVleck, 1978; Meinert et al. 1992). Portanto, o ambiente tropical pode restringir o desenvolvimento e desempenho produtivo de bovinos das raças leiteiras especializadas e, limitando a completa expressão genotípica, reduzir a variabilidade.

A diferenciação mais precisa entre distintas regiões ou sistemas pode ajudar a explicar as diferenças entre produção média e estimativas de variância diferindo entre regiões. Dependendo do sistema de produção, os produtores têm diferentes práticas de manejo e diferentes objetivos de seleção. Um exemplo de efeito ambiental é o da quantidade de concentrado fornecido a vacas baseado na sua produção. Diferenças no método de suplementação de concentrados, em particular se é oferecida em relação à produção ou em quantidades fixas, e ingestão de energia líquida, afetam as variâncias genética e residual (Wiggans e VanVleck, 1978; Tong et al., 1976). Cromie et al. (1998) investigou a existência de interação genótipo/ambiente entre rebanhos agrupados pelo nível de concentrado (kg/vaca/ano) fornecido a vacas Holandesas na Irlanda. As correlações genéticas entre os dois grupos para as produções de leite, gordura e proteína foram 0,92, 0,89 e 0,91, respectivamente. Embora não tenham concluído pela reclassificação significativa de touros entre sistemas de alimentação, estes autores observaram efeitos de escala nas variâncias genéticas entre os dois níveis. Portanto, se alguns produtores são mais criteriosos que outros em orientar a alimentação das vacas conforme o seu potencial genético, pode-se induzir a heterogeneidade de variância genética entre rebanhos. Estes mesmos autores estimaram correlações genéticas entre rebanhos agrupados por nível de produção, variação genética para a produção de leite, regiões ou estação de parto. A correlação genética para a produção de leite entre os rebanhos agrupados

nos decis superior e inferior foi 0,82, com considerável efeito de escala e evidência de reclassificação nos rebanhos de baixa produção de leite.

Alguns estudos procuraram avaliar a interação GxA pelo exame de diferenças na classificação de touros para produção de leite em diferentes países. O critério de classificação foi a correlação simples dos valores genéticos (VG, provas de touros) estimados dentro de países. Os resultados de alguns estudos usando este critério são mostrados na Tabela 1. As estimativas variam de 0,42 a 0,95. Quando os estudos são considerados por região geográfica, a menor estimativa envolvendo países temperados é 0,71, entre a Alemanha e o Canadá. As estimativas envolvendo países de regiões temperada, tropical e subtropical variam de 0,42 entre os Estados Unidos da América e Equador (Powell et al., 1990) a 0,91 entre os Estados Unidos da América e México (Powell e Sieber, 1992).

As correlações entre VG preditos entre ambientes podem dar uma informação sobre a interação GxA. As baixas correlações entre valores genéticos entre países nas regiões temperada e subtropical sugerem que a interação GxA possa existir. Entretanto, a interpretação das correlações entre VG preditos em diferentes ambientes não é direta. Notter e Diaz (1993) observaram que as correlações entre valores genéticos estimados em diferentes ambientes devem ser interpretadas relativamente ao seu valor esperado. As estimativas de correlação genética observadas nestas condições são geralmente < 1 , mas, conforme observado por Calo et al. (1983) e Blanchard et al. (1983), citados por Notter e Diaz (1993), o valor esperado da correlação é também $< 1,0$, mesmo se a *underlying* correlação genética é igual à unidade. As esperanças destas correlações são influenciadas pela precisão das avaliações dos animais em ambos os ambientes, pela seleção dos animais escolhidos para avaliação, pelo parentesco entre eles e pelo modelo de avaliação em ambos os ambientes.

Os resultados de Houri Neto (1996) e Costa (1998) apresentados na Tabela 1, com estimativas obtidas por grupos classificados pela precisão das estimativas de valores genéticos de touros evidenciam a dependência da correlação genética da precisão das estimativas dos valores genéticos. A correlação aumentou com a precisão. A estimativa de correlação genética simples, obtida por Costa (1998), para valores genéticos de 358 touros em análises univariadas em cada país, foi 0,71, enquanto aquela obtida da análise bivariada foi 0,92. Portanto, metodologia apropriada e dados adequados, particularmente para características de baixa heritabilidade, devem ser usados para se investigar a presença de interação GxA.

4. Implicações da interação genótipo e ambiente nos programas de seleção e cruzamento

4.1 Seleção

A avaliação dos efeitos da interação GxA nos programas de seleção tem sido baseada principalmente em estimativas de correlações entre efeitos de reprodutor em diferentes ambientes, ou pela variância devido à interação touro x rebanho. A interação touro x rebanho reflete a similaridade entre filhas de um touro no mesmo rebanho, e representa tanto a interação GxA como a covariância de meio ambiente entre o desempenho de meio-irmãs companheiras de rebanho. A similaridade entre progênie em um mesmo ambiente pode ser atribuída a fatores comuns de ambiente, ou particularmente tratamento preferencial (Meyer, 1987; referenciando vários autores).

Tabela 1. Estimativas de correlação produto/momento (r) entre avaliações genéticas de touros da raça Holandesa para a produção de leite entre países por região geográfica.

Região*	País ^b		Nº de touros	r	Referência
	1	2			
Subtropical	ZB	USA	35	0,56	Mpofu (1992)
	USA	MEX	233	0,46	McDowell et al. (1976)
			28	0,86	
			47	0,71	
			100	0,65	
	USA,CA	PR	18	0,66	
			44	0,56	
			62	0,43	
	MEX	CA	64	0,61	
	USA	MEX	67	0,91	Powell e Sieber (1992)
	CA	MEX	51	0,91	
	USA	EC	107	0,42	Powell et al. (1990)
	USA	BR	149	0,46	Houri Neto (1996)
			146	0,45	
			134	0,46	
			108	0,46	
			83	0,53	
			31	0,65	
	USA	BR	358	0,71	Costa (1998)
			49	0,59	
			58	0,59	
			71	0,73	
			86	0,73	
			52	0,79	
			42	0,76	
Temperada	WG	USA	44	0,72	Philipsson (1987)
	WG	CA	28	0,71	
	NL	USA	39	0,82	
	NL	CA	19	0,84	
	NL	WG	29	0,87	
	UK	CA	27	0,84	
	UK	NZ	44	0,89	
	IT	CA	178	0,81	Rozzi et al. (1990)
	IT	USA	162	0,78	
	CA	USA	171	0,94	Powell e Sieber (1992)
	USA	CA	141	0,90	
	USA	IT	276	0,94	
	USA	NL	214	0,89	
	CA	IT	79	0,95	
	CA	NL	53	0,91	
	DL	FR	1110	0,81	Sigurdsson et al. (1996)
	DL	IT	700	0,83	
	DL	NL	983	0,90	
	DL	USA	1042	0,83	
	FR	IT	887	0,86	
	FR	NL	1391	0,88	
	FR	USA	2042	0,92	
	IT	NL	620	0,86	
	IT	USA	1347	0,90	
	NL	USA	1039	0,87	

* Subtropical: inclui pelo menos um país da região, e Temperada: ambos os países da região.

^b BR - Brasil; CA - Canadá; DL - Alemanha; EC - Equador; FR - França; IT - Itália; MEX - México; NL - Holanda; NZ - Nova Zelândia; PR - Porto Rico; UK - Reino Unido; USA - Estados Unidos da América; WG - Alemanha Oc.; ZB - Zimbábue.

Os efeitos da interação entre touro e rebanho são expressos pela fração da variância total devido a este efeito e representados por c^2 . Ignorar esta interação pode inflar as estimativas de variância genética e causar superestimação da precisão das avaliações de touros, mesmo se a reclassificação de touros não for afetada consideravelmente. O impacto deste vício torna-se mais severo nas provas de touros cujas filhas estão localizadas em um ou muito poucos rebanhos. A distribuição destes touros em relação à população total de touros determina a necessidade de se incorporar os efeitos c^2 num esquema nacional de avaliação genética.

As estimativas dos efeitos de interação touro x rebanho tem variado de 1-4% da variância total para a produção de leite (Meyer, 1987; Banos e Shook, 1990; Van der Werf e Napel, 1991; Dimov et al., 1995). Para a contagem de células somáticas de vacas Holandesas nos USA, Banos e Shook (1990) argumentaram que os efeitos de interação touro x rebanho foram inferiores a 2% da variância total. Samore et al. (1999) observaram pequena proporção (0,35 a 1,5%) da variância total explicada pelo efeito touro x rebanho, incluído no modelo que proporcionou ligeira redução da variância genética aditiva para o escore de células somáticas de vacas da raça Holandesa na Itália. Canavesi et al. (1995) concluíram, mediante estudos de simulação com um modelo animal, que a inclusão da interação touro x rebanho, quando a interação não afeta os dados, reduz a precisão da estimativa dos valores genéticos, e não recomenda a sua inclusão para simplesmente ajustar a heterogeneidade de variância entre rebanhos.

Araújo et al. (2000) obtiveram estimativas para o componente de interação touro x rebanho equivalendo a 2,7 - 4,0% da variância fenotípica total da produção de leite em 305 dias e idade adulta na raça Holandesa no Brasil. Embora de pequena amplitude, os efeitos da interação foram significativos e a sua inclusão em um modelo de avaliação genética é essencial para se evitar a superestimação da precisão dos valores genéticos de touros, principalmente em situações em que a distribuição de touros não é uniforme entre rebanhos.

Hill (1984) demonstrou o impacto de assumir homogeneidade se a seleção é realizada em ambientes heterogêneos. As frações selecionadas dos ambientes mais variáveis aumentam quando a intensidade de seleção e a diferença nas variâncias aumentam. Este aumento na fração selecionada justifica-se se a heritabilidade é maior no ambiente mais variável.

A questão prática referente a ignorar a heterogeneidade de variância nas avaliações genéticas é saber se os sacrifícios na precisão da avaliação são economicamente importantes. Pressupondo-se que as variações são homogêneas, não há maiores efeitos nas avaliações de touros se estes são usados em todos os ambientes e a heritabilidade aumenta com o aumento da variação residual (Vinson, 1987; Garrick e Van Vleck, 1987; Winkelman e Schaeffer, 1988; Boldman e Freeman, 1990). Entretanto, quando as heritabilidades são menores no ambiente em que as variâncias residuais são as maiores, uma séria redução na eficiência de seleção pode ocorrer ao se considerar erroneamente que as variâncias são homogêneas (Garrick e Van Vleck, 1987).

Com relação às avaliações de vacas, o efeito de ignorar a heterogeneidade de variância é mais sério porque as vacas são avaliadas dentro de rebanho. Assim, mais vacas seriam selecionadas como mães de touros de rebanhos em ambientes com maior variabilidade (Everett et al., 1982; Powell et al., 1983). Em adição, os

vícios se acumulam ao longo do tempo se as avaliações de vacas incorporam informações das ancestrais que produzem no mesmo rebanho, ou de avaliações genéticas de vacas baseadas no modelo animal que incorpora as avaliações dos pais e mães (Vinson, 1987; Boldman e Freeman, 1990).

O ajuste para a heterogeneidade de variância tem importância nas avaliações genéticas para a identificação de vacas elite, potenciais mães de touros. A identificação correta das vacas elite favorece a competitividade entre os seus criadores e entre as centrais de inseminação interessadas nos contratos para utilizá-las como mães de touros jovens para o teste de progênie. Nos Estados Unidos da América realiza-se o pré-ajustamento dos registros de produção para a heterogeneidade da variância fenotípica dentro de rebanhos (Wiggans e Van Raden, 1991). Este procedimento promove o aumento do desvio-padrão para touros testados em regiões de baixa variância e a identificação de menos vacas elite em rebanhos de alta variância. A implementação deste ajuste resultou no uso de maior estimativa de herdabilidade para rebanhos de maior variância. O efeito geral foi a redução na percentagem de vacas elite identificadas em rebanhos de maior variância e aumento na concentração de vacas elite nos rebanhos de menor variância. Estudo recente de Powell et al. (1998) mostrou que os ajustes não acarretaram desigualdade na designação do *status* elite para vacas. Há questionamentos a tal procedimento (Robert-Granié et al., 1999) em favor de outro que promova o ajuste simultaneamente à estimativa dos parâmetros de localização e dispersão como o proposto pelo método de Meuwissen et al. (1996) baseado em um modelo multiplicativo que ajusta para a heterogeneidade de variância fenotípica dentro de rebanho-ano ao realizar as estimativas de valores genéticos de touros e vacas no sistema de avaliação genética da Holanda.

Vários outros países têm considerado a necessidade do ajustamento de variância/heritabilidade nos procedimentos de avaliação genética. Independentemente do método e procedimentos aplicados, estudos têm sido conduzidos visando implementar tais ajustes para maior precisão nas estimativas dos valores genéticos de touros e vacas.

Ibañez et al. (1996) utilizaram a análise de agrupamento (*cluster analysis*) para combinar fontes de variação (região, período e nível de manejo) e avaliar o impacto do agrupamento no ajuste para heterogeneidade de variância nas avaliações genéticas para a produção de leite de vacas Holandesas na Espanha. O ajuste afetou significativamente a avaliação de vacas (correlação entre valor genético para as top 1.000 vacas foi 0,82), melhorando a seleção de mães de touros. O ajuste foi menos efetivo para touros, com apenas 9% dos touros saindo da lista dos top 100, mas não houve mudanças sistemáticas na classificação de touros importados (sêmen) e nacionais.

Dodenhoff e Swalve (1998) observaram heterogeneidade de variância fenotípica e de heritabilidade para a produção de proteína do leite na raça Holandesa em diversas regiões no Norte da Alemanha. Estes autores derivaram fatores de ajustamento considerando diferentes heritabilidades entre regiões e concluíram que o método foi eficiente com relação à proporção de vacas selecionadas entre regiões. O impacto do ajustamento foi menor para a avaliação de touros, mas ainda importante devido aos efeitos das mudanças de classificação de touros na competição entre os programas de seleção de centros de inseminação artificial.

Canavesi e Cassandro (1998) também compararam diferentes métodos de ajustamento para heterogeneidade de variância para as avaliações genéticas na Itália

e concluíram pela necessidade de melhor conhecimento dos fatores determinantes da heterogeneidade de variância para definição apropriada dos procedimentos de ajuste. Os autores ainda recomendaram a análise dos efeitos de diferentes métodos de ajuste nas estimativas de tendências genéticas e seus impactos nas avaliações genéticas internacionais.

Na França, Robert-Granié et al. (1999) também avaliaram diferentes modelos para o ajuste da heterogeneidade de variâncias mantendo uma razão de variâncias constante, comparativamente ao modelo de homogeneidade de variância. As avaliações de touros foram pouco afetadas, mas observou-se que na avaliação de touros estrangeiros (mais populares, usados em rebanhos de maior nível de produção e maior variabilidade), houve uma redução nas diferenças entre os touros nacionais franceses e os touros de sêmen importado de maior valor. O ajuste para heterogeneidade de variâncias foi importante na classificação de vacas. Os modelos para ajuste da heterogeneidade produziram resultados similares e promoveram mudanças na variabilidade genética e na tendência genética no período estudado. Tendência de heterogeneidade de variâncias ao longo do tempo pode promover erros nos resultados das avaliações internacionais usando os procedimentos MACE, que deveriam então considerar o efeito de heterogeneidade de variâncias (Miglior et al., 1998).

Com o desenvolvimento dos modelos de avaliação baseados no ajuste das produções (de leite) do dia do controle – *test day models* (Swalve, 2000; Schaeffer et al., 2000), a preocupação em se fazer o ajuste para heterogeneidade de variâncias também passou a existir, mesmo porque a produção varia ao longo da lactação de uma mesma vaca. Em adição, vacas de diferentes estágios de lactação contribuem para os registros de uma mesma classe de rebanho-dia do teste e podem estar sob diferentes sistemas de manejo. Portanto, de forma similar à correção para heterogeneidade de variância nos sistemas de avaliação genética baseadas nas produções totais de lactação, também têm sido investigados métodos de ajuste para modelos de avaliação baseados no ajuste de produções do dia do controle (Reents et al., 1998; Kistemaker e Schaeffer, 1998; Rekaya et al., 1999). Os modelos utilizados no Canadá e na Alemanha utilizam registros ajustados para padronizar a variância fenotípica antes da avaliação genética. Os métodos estudados promoveram pequeno impacto na reclassificação de touros e vacas na Alemanha, mas reduziu o desvio-padrão das estimativas dos valores genéticos e das tendências genéticas (Reents et al., 1998), enquanto no Canadá houve maior efeito na reclassificação das vacas, o que é importante na seleção de mães de touros (Kistemaker e Schaeffer, 1998).

Além de seus efeitos nas avaliações genéticas, a heterogeneidade de variância entre ambientes tem um efeito importante nos ganhos de seleção. Powell e Norman (1984) informaram que o impacto da seleção de touros para o aumento da produção de leite é maior em rebanhos com maior produção do que em rebanhos de menor produção média. Similarmente, Meinert et al. (1988) e Meinert et al. (1992) observaram maiores respostas à seleção com aumento do desvio-padrão da produção de leite por rebanho-ano.

A redução da variância genética parece ser a causa de reduzida resposta à seleção na América Latina (Figura 3). Os resultados de Stanton et al. (1991a) e

Costa et al. (1998) indicaram que a resposta à seleção para leite de touros nos Estados Unidos da América é menor na América Latina que nos Estados Unidos da América, e que é menor em rebanhos de baixo DPPL-RA (desvio-padrão para a produção de leite por rebanho-ano) do que em rebanhos de alto DPPL-RA na AL, comparativamente aos Estados Unidos da América. As respostas correlacionadas à seleção de touros nos Estados Unidos da América para a produção de leite no Brasil são reduzidas (0,56 e 0,67 em rebanhos de baixo e alto DPPL-RA, respectivamente). Por outro lado, se há informações do desempenho da progênie de touros em ambientes no país exportador semelhantes aos do país importador, pode-se prever com maior precisão o desempenho das meia-irmãs nos ambientes tropicais. Quando se utilizaram informações das progênie de touros em rebanhos classificados em baixo DPPL-RA nos Estados Unidos da América melhorou-se a predição do desempenho esperado da progênie no Brasil e no México (Costa, 1998; Cienfuegos-Rivas, 1999). Tais resultados indicam que os investimentos em sêmen importado têm limitada chance de retorno econômico (Hollman et al., 1990), particularmente nos rebanhos classificados em grupos de baixo DPPL-RA. O uso de sêmen de touros provados nacionais é uma alternativa econômica para a melhoria genética destes rebanhos.

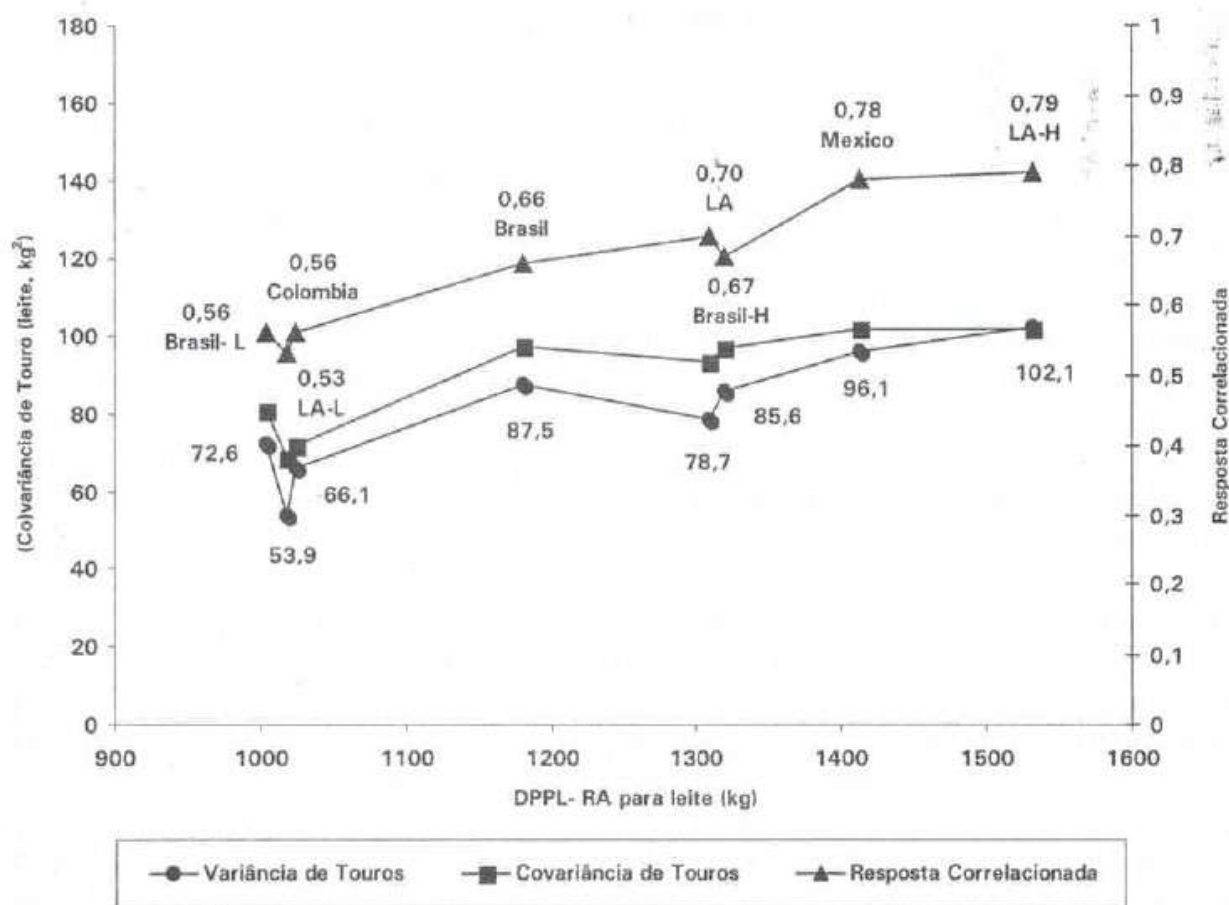


Figura 3. (Co)variâncias de touro e coeficientes de resposta correlacionada por países e ambientes classificados por DPPL-RA na América Latina.

Fonte: Costa et al. (1998).

4.2. Cruzamento

A interação genótipo/ambiente também se manifesta no contexto das estratégias de cruzamento, componente importante de programas de melhoramento orientados para a utilização eficiente das raças de bovinos de aptidão leiteira. O modelo proposto por Cunningham (1981), baseado em dupla interação das diferenças raciais para efeitos aditivos e não-aditivos com o ambiente, indica que a heterose é mais importante do que as diferenças aditivas em um ambiente ruim. Em um ambiente bom, os efeitos aditivos são mais expressivos do que os de heterose (Figura 4). Nas regiões temperadas a heterose para a produção de leite tem menor importância do que nas regiões tropicais, onde o cruzamento entre as raças européias e zebuínas apresenta estimativas com valor de 28% da média dos pais (Cunningham e Syrstad, 1987).

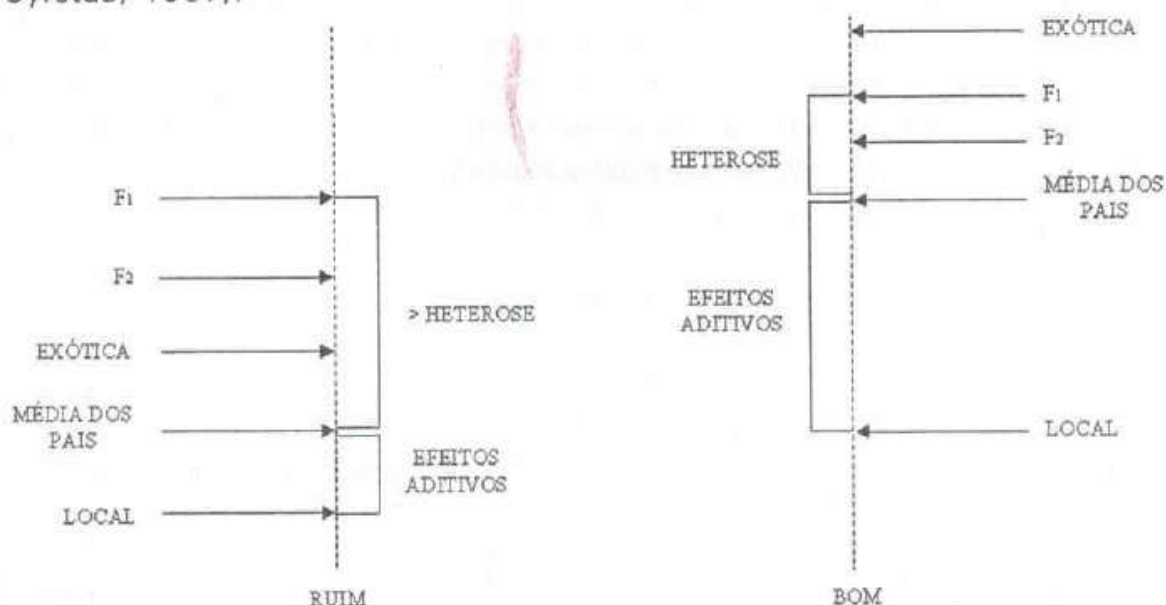


Figura 4. Modelo ilustrativo dos efeitos diferenciais – aditivo e heterose de duas linhagens: exótica e local, em ambiente bom ou ruim (Cunningham, 1981).

O caso particular do modelo de Cunningham (1981) é claramente ilustrado na Tabela 2, cujos resultados para a produção de leite são apresentados graficamente na Figura 5.

Os resultados da Tabela 2 foram obtidos da avaliação da estratégia de cruzamentos mais apropriada a sistemas de produção classificados em baixo ou alto nível de manejo, na Região Sudeste do Brasil, realizado por Madalena et al. (1990). A avaliação baseou-se na comparação de seis grupos de fêmeas contemporâneas dos cruzamentos entre as raças Holandesa Vermelha e Branca e Guzerá, cuja metodologia é apresentada detalhadamente no trabalho dos autores acima referido.

A interação entre grupo genético e nível de manejo foi significativa para a maioria das características estudadas. Os grupos genéticos variaram sua resposta à melhoria no manejo, medida pela diferença entre os seus desempenhos nas classes de alto e baixo nível de manejo. Os grupos 1/4, 1/2 e 5/8 apresentaram baixa resposta em produção de leite e sua duração da lactação foi muito reduzida; os grupos 3/4 e 7/8 aumentaram substancialmente a produção de leite e exibiram alterações moderadas na duração da lactação; o grupo HF apresentou maiores diferenças em produção de leite e duração da lactação.

Tabela 2. Características da primeira lactação de animais de seis grupos genéticos, oriundos de cruzamento Holandês:Zebu, em fazendas classificadas em dois níveis de manejo.

Grupo genético	Nível alto				Nível baixo			
	Duração da lactação (dias)	Produção de leite (kg)	Produção de gordura (kg)	Produção de proteína (kg)	Duração da lactação (dias)	Produção de leite (kg)	Produção de gordura (kg)	Produção de proteína (kg)
1/4	211	1.396	55	48	268	1.180	54	40
1/2	305	2.953	132	100	375	2.636	114	83
5/8	191	1.401	46	43	283	1.423	59	45
3/4	329	2.981	121	94	367	2.251	94	70
7/8	295	2.821	104	84	304	1.672	66	51
HF	365	3.147	113	93	258	1.226	49	38

Fonte: Adaptado de Madalena et al. (1990).

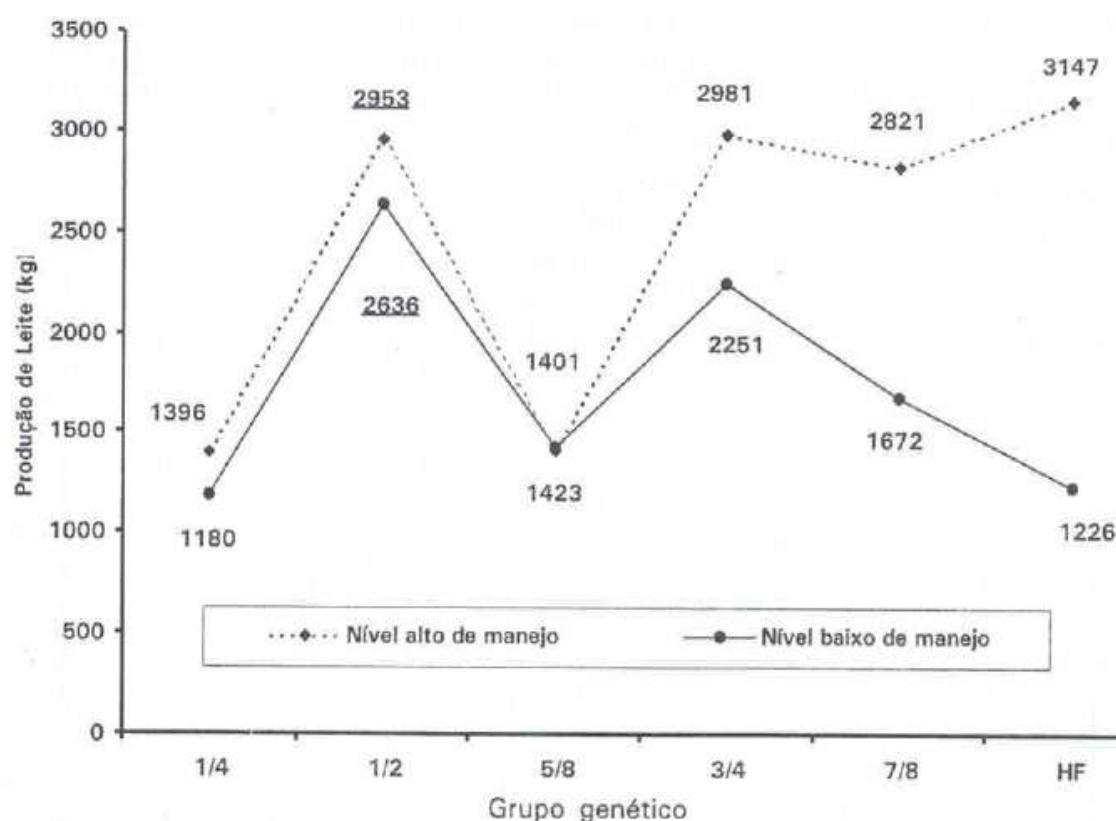


Figura 5. Produção de leite de vacas de diferentes grupos genéticos em dois níveis de manejo em rebanhos na Região Sudeste do Brasil.

Os efeitos genéticos (aditivos) foram maiores no nível alto de manejo, enquanto os de heterose tenderam a ser maiores no nível baixo do que no nível alto de manejo. O 1/2 geralmente apresenta maior produção de leite, mas a sua superioridade diminui em relação aos grupos com maior porcentagem de sangue europeu com a melhoria do nível de manejo. Portanto, heterose é mais importante em condições mais estressantes. No baixo nível de manejo, o desempenho produtivo reduziu substancialmente à medida que a fração de genes europeus afastou-se de 1/2.

De forma similar aos resultados obtidos por Madalena et al. (1990) na classe de alto nível de manejo, os resultados de Freitas et al. (2000), na Tabela 3 e Figura 6, ilustram o aumento da produção de leite de vacas mestiças em grupos genéticos com maior fração de genes da raça Holandesa. Estes autores avaliaram o desempenho produtivo e a duração da primeira lactação de vacas mestiças originadas do cruzamento entre as raças Holandesa e Gir classificadas em cinco grupamentos genéticos (1/2, 3/4, 7/8, 15/16 e 31/32) presentes em 38 rebanhos no Estado de Minas Gerais.

Tabela 3. Produção média de leite, de gordura, e duração da primeira lactação de vacas mestiças de cruzamento entre as raças Holandesa (H) e Gir (G).

Grupo genético ¹	Número de observações	Produção de leite (kg)	Produção de gordura (kg)	Duração da lactação (dias)
1/2 H:Z	109	3.680 ± 134	129 ± 4,9	288 ± 8,0
3/4 H:Z	333	3.995 ± 80	140 ± 2,9	292 ± 4,8
7/8 H:Z	293	3.853 ± 89	135 ± 3,2	297 ± 5,4
15/16 H:Z	150	3.938 ± 113	138 ± 4,1	298 ± 6,8
31/32 H:Z	583	4.126 ± 69	143 ± 2,5	299 ± 4,1

¹ Fração de contribuição das raças no cruzamento.

Fonte: Adaptado de Freitas et al. (2000).

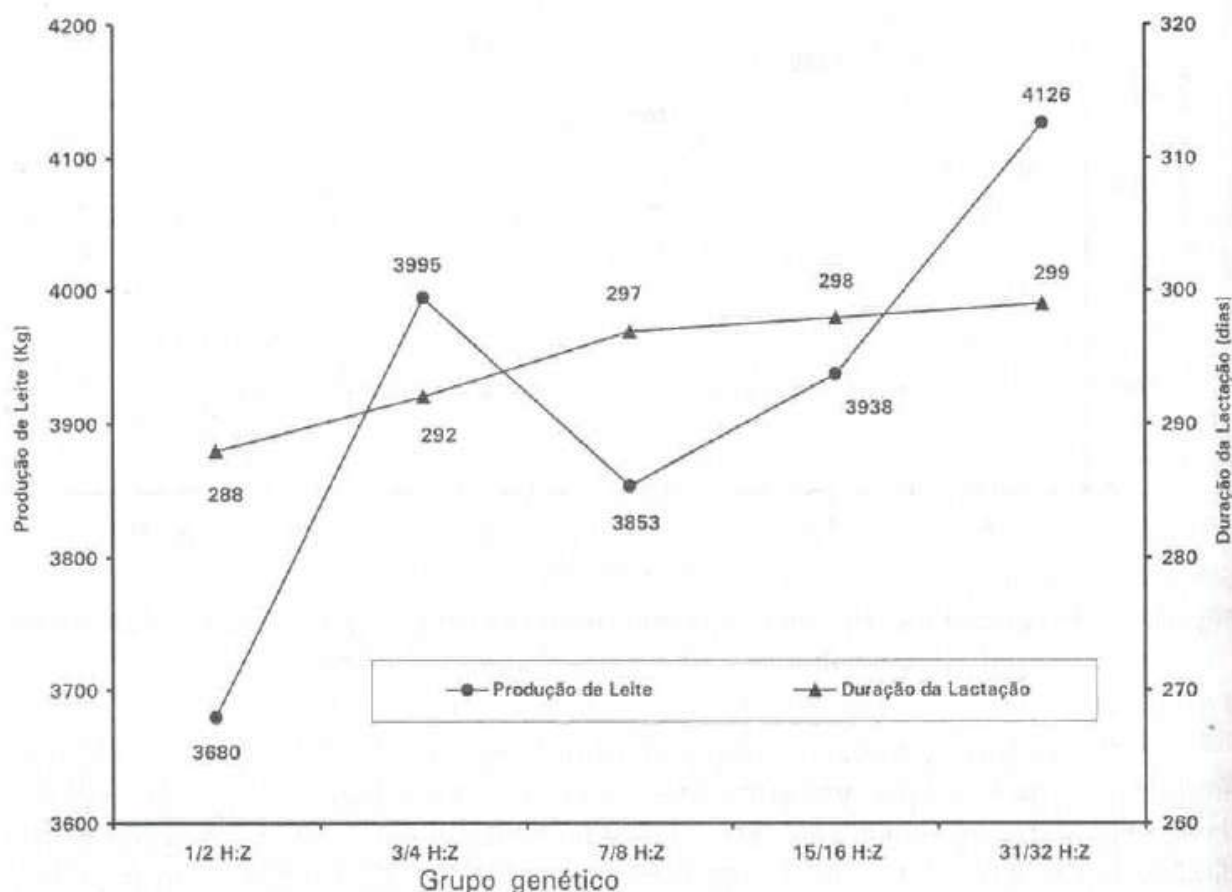


Figura 6. Produção média de leite e duração da lactação de vacas mestiças de cruzamento entre as raças Holandesa e Gir em rebanhos no Estado de Minas Gerais.

Os autores concluíram que, sob boas condições de manejo e alimentação, animais com maior fração de contribuição da raça Holandesa têm possibilidade de expressar seu potencial genético (animais 31/32 H:Z superiores em 18%, 17% e 10% aos animais 1/2 H:Z em produção de leite, de gordura e duração da lactação, respectivamente), indicando a viabilidade da estratégia de cruzamento absorvente nas condições observadas nos rebanhos considerados no estudo.

5. Importância da interação genótipo e ambiente nas avaliações genéticas internacionais

A disponibilidade de germoplasma de países com programas de seleção bem-sucedidos criou a oportunidade para o aumento das taxas de progresso genético pela importação. A consistente expansão do intercâmbio de germoplasma de gado de leite e a competitividade entre os programas de seleção resultou na necessidade de se avaliar precisamente os touros testados em diferentes países, com diferentes objetivos de seleção, diferentes métodos, sob diferentes condições de ambiente para as características economicamente importantes em uma base internacional. Este desenvolvimento fortaleceu a atuação do Interbull, criado na década de 1980 para organizar a coleta e disseminação de informações sobre as metodologias de avaliação genética e programas de seleção de bovinos de leite praticados em diferentes países.

Neste contexto, tem havido uma evolução sistemática nos procedimentos de avaliação genética internacional. Na década de 80, os métodos de comparação entre países (combinação de pares de países) se basearam nas equações de conversão (fórmulas de regressão) desenvolvidas por Goddard (1985) e Wilmink et al. (1986). Apesar de serem fáceis de calcular e aplicar, estas equações se tornaram questionáveis à medida que eram estimadas com informações selecionadas, ignoravam parentesco entre touros e não permitiam a classificação internacional de touros.

Schaeffer (1985) propôs um método linear para a avaliação conjunta das provas nacionais de touros, que posteriormente foi melhorado (Schaeffer, 1994) pela inclusão de todos os parentescos disponíveis/conhecidos entre os animais (dentro e entre populações) e da interação $G \times A$, que possibilita a reclassificação de animais entre países. A metodologia desenvolvida por Schaeffer (1985, 1994), denominada avaliação múltipla entre países "*Multiple Across-Country Evaluation*" (MACE), é atualmente utilizada pelo Interbull para as avaliações internacionais. A metodologia inclui a de-regressão das provas de touros obtidas em cada país e raça participantes do Interbull em uma avaliação conjunta, com procedimentos BLUP, entre países (Sigurdsson e Banos, 1995; Banos e Sigurdsson, 1996). Esta metodologia permite a todos os países obterem provas de todos os touros para as características produtivas expressas na unidade, escala e base genética de cada país individualmente.

Na Tabela 4 são apresentadas estimativas de correlação genética para a produção de leite na raça Holandesa entre alguns países participantes do Interbull. Observa-se que as correlações genéticas entre as produções nos Estados Unidos da América (USA) e países da Europa são altas (> 0.9), mas menores (0,77 - 0,84) entre estes países e Austrália e Nova Zelândia, que por sua vez apresentam correlação genética entre si igual 0,91. Em síntese, a correlação é maior entre países onde as características são definidas de modo semelhante e os sistemas de produção não diferem muito. Na situação da Nova Zelândia, onde a pecuária leiteira se baseia no

uso de pastagens de forma extensiva, a correlação genética com países caracterizados por sistemas de produção mais intensivos é menor.

Tabela 4. Correlações genéticas entre países para a produção de leite na raça Holandesa.

País*	NZL	USA	GER	FRA	NLD
AUS	0,91	0,79	0,81	0,84	0,82
NZL		0,78	0,77	0,82	0,81
USA			0,89	0,92	0,94

*AUS - Austrália, GER - Alemanha, FRA - França, NLD - Holanda, NZL - Nova Zelândia, USA - Estados Unidos da América.

Fonte: Interbull (1999).

A magnitude da correlação tem um impacto considerável na classificação de touros internacionais nas condições nacionais. Embora as correlações genéticas para as características produtivas sejam altas entre países, elas são suficientemente baixas para alterar de forma significativa as classificações internacionais de touros entre países. Devido à correlação genética ser menor que 1,0, um grupo separado de resultados deve ser calculado para cada país participante, onde as classificações de seus respectivos touros podem variar entre si (Figura 7). Neste contexto, a precisão das estimativas de correlação genética usadas pelo Interbull é de importância fundamental. Banos (1999) apresentou os resultados de um estudo preliminar sobre a sensibilidade das avaliações genéticas internacionais quando se utilizam estimativas de correções genéticas com valores errados. Em simulação, para um valor real de $r_g = 0,90$, quando utilizou subestimativas de r_g variando de 0,85 a 0,89, observou o aumento do erro de predição e da variância do erro de predição. Estes resultados têm estimulado o Interbull a desenvolver estudos sobre o assunto.

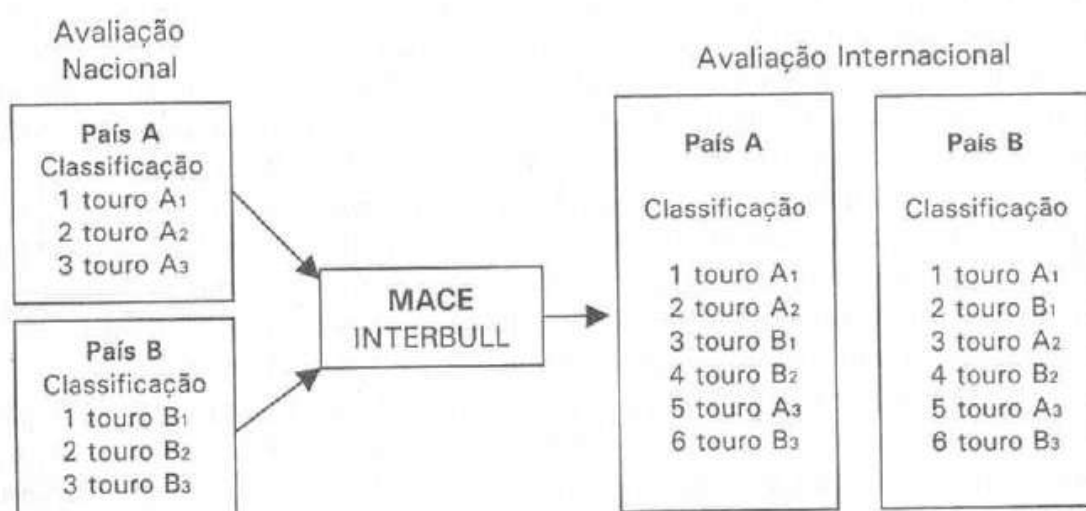


Figura 7. Ilustração de classificação de touros de países A e B na avaliação internacional calculada para os respectivos países utilizando-se $r_g < 1,0$ no método MACE pelo Interbull.

Fonte: Adaptado de Philipsson (1998).

O sucesso dos programas de seleção de diferentes países pode ser medido em função do número de touros de diferentes origens encontrados entre os touros internacionais de classificação *top*, na escala de cada país, para diferentes características. O número de touros *top* é função da consistência da seleção para os objetivos desejados; tamanho da população e número de touros em teste; precisão das avaliações; intensidade de seleção dos touros; eficiência do teste e uso dos touros em termos de tempo e intervalo de gerações; e eficiência no uso de importações superiores devido à interação genótipo e ambiente entre países (Philipsson, 1998). Neste particular, a Tabela 5 ilustra diferenças entre objetivos de seleção e interação GxA significativas entre populações da raça Jersey em três países: Dinamarca, Nova Zelândia e Estados Unidos da América. A seleção na população Jersey da Dinamarca tem ênfase na produção de gordura, enquanto na dos Estados Unidos da América a seleção enfatiza a produção de leite. Estes países têm sistemas de produção intensivos, enquanto na Nova Zelândia os sistemas se baseiam no uso de pastagens de forma extensiva, causando o efeito de interação GxA. Esta classificação internacional mostra que os touros dos Estados Unidos da América dominam a lista *top* para a produção de leite, independentemente do ambiente. Entretanto, para a produção de gordura, os touros da Dinamarca são superiores em seu próprio país, e são também encontrados freqüentemente entre os touros *top* nos Estados Unidos, enquanto os touros da Nova Zelândia dominam completamente o seu mercado doméstico. O último efeito pode ser atribuído a diferenças nos objetivos de seleção e à seleção de material genético sob condições de pastejo.

Tabela 5. Origem dos 100 melhores touros Jersey classificados em três diferentes países para as produções de leite e de gordura (Interbull/Agosto 1997).

Origem ^a	Produção de leite			Produção de gordura		
	DEN	NZL	USA	DEN	NZL	USA
DEN	1	4	91	59	7	33
NZL	0	10	85	15	81	4
USA	0	5	91	48	7	44

^a DEN = Dinamarca, NZL = Nova Zelândia, USA = Estados Unidos da América.

Fonte: Philipsson (1998).

A internacionalização dos programas de seleção nas últimas décadas têm sido orientada pelo mercado e levado a um intenso uso de touros originados de poucos países. Neste sentido, há uma diminuição considerável da diversidade genética. Tendências observadas no número de pais de touros (*sires of sons*) realizadas pelo Interbull indicam um decréscimo no tamanho efetivo da população Holandesa no mundo (Wickham e Banos, 1998). A aplicação da metodologia MACE, ao considerar a interação GxA, parece ser uma ferramenta efetiva para conservar a variação dentro da raça para atender a diferentes ambientes. Na Tabela 6 pode ser visto o impacto de se considerar a interação GxA nas avaliações genéticas internacionais de diferentes raças pelo Interbull.

Tabela 6. Aumento sobre o número total dos 100 touros *top*, por raça, quando se considera a interação GxA pela aplicação de correlações genéticas menores que 1.0 (Interbull/Agosto, 1997).

Raça	Número de países	Número de touros <i>top</i>	
		$r_g = 1,0$	$r_g < 1,0$
Ayrshire	8	100	142
Suíça Parda	10	100	168
Guernsey	4	100	122
Holandesa	19	100	256
Jersey	6	100	191
Simental	6	100	174

Fonte: Philipsson (1998).

Para os 100 touros de classificação *top* em todos os países, no caso da raça Holandesa, por exemplo, observa-se que o número de touros classificados aumenta 2,5 vezes quando comparado à situação de apenas uma classificação comum ($r_g = 1,0$) de touros. O aumento é função da magnitude da correlação genética entre países e das diferenças no nível genético e precisão de avaliação entre países (Philipsson, 1998). Desta forma, ao se considerar a interação GxA na avaliação de touros para diferentes mercados, além de se alcançar maior precisão e atender diferentes objetivos de seleção, há uma contribuição para melhor conservação dos recursos genéticos.

6. Características funcionais

Mais recentemente, um dos aspectos que têm merecido considerável atenção em diversos países são as características não-produtivas ou funcionais. Uma análise das informações de avaliações genéticas demonstra o interesse dos países na inclusão de características associadas à sanidade e reprodução animal, além das características de conformação, em seus objetivos de seleção. A inclusão destas características está associada à competitividade e sustentabilidade dos programas de seleção, que requerem a avaliação e seleção para tais características simultaneamente às características produtivas. No cenário nacional, os problemas estão focalizados na definição das características economicamente importantes e nos métodos mais adequados para sua avaliação.

No plano internacional, a exemplo das avaliações genéticas internacionais para as características produtivas, o Interbull tem desempenhado um papel efetivo na definição de procedimentos para o melhoramento genético de características funcionais – *Genetic Improvement of Functional Traits - GIFT*, estimulando pesquisas e organizando *workshops* (Interbull, 1996). Os parâmetros genéticos, particularmente as correlações genéticas entre países, têm sido estimados, obtendo-se resultados promissores conforme relatado por (Klei e Lawlor, 1998). Estes autores utilizaram dados de seis países (Canadá, Estados Unidos da América, França, Alemanha, Itália e Holanda), para 18 características de conformação, sendo 12 características padrão, 2 opcionais e 4 adicionais. Em geral as características de úbere apresentaram altas

correlações entre países refletindo maior uniformidade na sua observação. A Tabela 7 ilustra estimativas de correlação genética para a profundidade de úbere. A menor correlação é 0,82 entre Canadá e Alemanha. Para as características corporais, exceto estatura, os autores observaram uma maior variação nas estimativas de correlação genética entre países. O mesmo comportamento foi observado para pernas e pés, exceto para vista lateral das pernas traseiras.

Tabela 7. Estimativas de correlação genética entre seis países e respectiva variância dos valores genéticos obtidos de cada país para a característica profundidade de úbere.

Característica	País ¹	USA	CAN	NLD	DEU	ITA	FRA	Variância da avaliação
Profundidade de úbere	USA	0,28	0,91	0,97	0,93	0,97	0,96	2,34
Profundidade de úbere	CAN		0,27	0,89	0,82	0,91	0,90	35,62
Profundidade de úbere	NLD			0,45	0,94	0,95	0,96	22,16
Profundidade de úbere	DEU				0,31	0,92	0,92	195,41
Profundidade de úbere	ITA					0,29	0,95	2,23
Profundidade de úbere	FRA						0,35	0,77

¹ CAN = Canadá, FRA = França, DEU = Alemanha, ITA = Itália, NLD = Holanda, USA = Estados Unidos da América.

Fonte: (Klei e Lawlor, 1998).

Na Tabela 8 apresentam-se estimativas de correlação genética entre a PTAT (*Predicted Transmitting Ability for Type*) usada nos Estados Unidos da América e outras relacionadas à conformação geral utilizadas em outros países. As estimativas foram superiores a 0,76 entre PTAT nos Estados Unidos da América e outros países. A menor estimativa foi 0,53 entre tipo corporal na Alemanha e composto de tipo na França. Estas baixas correlações resultam de definição diferenciada das características nos diferentes países, e portanto da não-correspondência entre a forma de avaliação na classificação linear e/ou composição da característica entre países.

Tabela 8. Estimativas de correlação genética entre seis países e respectiva variância dos valores genéticos obtidos de cada país para as características PTAT e de conformação geral.

Característica	País ¹	USA	CAN	NLD	DEU	ITA	FRA	Variância da avaliação
PTAT	USA	0,29	0,87	0,78	0,76	0,85	0,78	0,81
Conformação	CAN		0,18	0,69	0,62	0,74	0,80	31,60
Escore Final	NLD			0,30	0,56	0,73	0,64	19,52
Tipo Corporal	DEU				0,30	0,68	0,53	134,68
Escore Final	ITA					0,15	0,65	0,60
Composto de Tipo	FRA						0,30	0,75

¹ CAN = Canadá, FRA = França, DEU = Alemanha, ITA = Itália, NLD = Holanda, USA = Estados Unidos da América.

Fonte: (Klei e Lawlor, 1998).

Para as características funcionais, as informações são ainda escassas. Rogers et al. (1998) reportaram correlações genéticas entre vida produtiva nos Estados Unidos da América e mastite clínica na Dinamarca e Suécia iguais a 0,28 e 0,59 respectivamente. As correlações genéticas entre as medidas de contagem/escore de células somáticas entre os Estados Unidos da América e estes países foram próximas da unidade (Tabela 9). As correlações obtidas por Rogers et al. (1998) entre as características de úbere (tipo e saúde) indicam que avaliações entre países para mastite clínica poderiam alcançar precisão moderada para touros testados em países onde informações sobre mastite clínica não estão disponíveis.

Tabela 9. Correlações genéticas aproximadas entre produção de proteína, vida produtiva, escore de células somáticas e características de tipo (úbere) nos Estados Unidos da América (USA) e contagem de células somáticas e mastite clínica na Dinamarca e Suécia.

Característica USA	Dinamarca		Suécia	
	SCC ²	Mastite Clínica ³	SCC ²	Mastite Clínica ³
Produção de proteína	-0,18	-0,28*	-0,32*	-0,99
Vida produtiva	0,06	0,28	0,30*	0,59*
SCS ¹	-0,87*	-0,66	-0,99*	-0,49*
Profundidade de úbere	0,37*	0,45*	0,52*	0,52*
Ligamento de úbere dianteiro	0,38*	0,34*	0,39*	0,31*

¹ SCS - Escore de células somáticas (log2); ² SCC - Contagem de células somáticas (log10); ³ Mastite Clínica - Ocorrência ou não de tratamento entre 10 dias antes do parto até 150 dias (Suécia) ou 180 dias (Dinamarca) após o parto; *Correlações entre avaliações de touros diferentes de 0 (P < 0,05).

Fonte: Rogers et al. (1998).

7. Considerações finais

Na maioria, os estudos sobre interação GxA com as características produtivas de gado de leite foram desenvolvidos nos países da região temperada. Os resultados destes estudos indicam que entre grupos genéticos sujeitos a uma variação entre ambientes favoráveis, as correlações genéticas não desviam significativamente da unidade. Embora as correlações genéticas utilizadas pelo Interbull/MACE para as características produtivas sejam altas entre países, elas permitem alterar significativamente as classificações internacionais de touros entre países. Os resultados mais recentes das análises entre países para as características de tipo têm mostrado altas correlações, e os desvios da unidade refletem mais diferenças em critério do que em resposta da conformação dos animais a diferentes sistemas de manejo ou clima.

A heterogeneidade de variância e de heritabilidade tem sido observada entre ambientes ou grupos de rebanhos classificados pela média de produção, pela variação da produção por rebanho-ano, ou regiões dentro de países. Portanto, heterogeneidade de variância, apesar de não causar a reclassificação nos valores genéticos, é a forma primária de interação GxA nas regiões temperadas. Ignorar a heterogeneidade

de variância parece não afetar significativamente as avaliações de touros, mas tem importância na identificação de vacas elite. Há também indicações de que pode resultar em maiores respostas à seleção de touros em rebanhos de maior nível de produção ou variabilidade. Diferentes métodos de ajuste para a heterogeneidade de variância têm sido avaliados e implementados nos sistemas de avaliação genética na maioria dos países participantes do Interbull. As preocupações transcendem as barreiras nacionais e já se considera necessário avaliar um procedimento de ajuste para a heterogeneidade de variância na metodologia MACE. Portanto, os programas de melhoramento delineados para melhorar o desempenho dos animais em diferentes ambientes não devem ignorar a possibilidade da interação GxA diante dos seus possíveis efeitos nas avaliações genéticas internacionais.

A produção de leite de animais importados é geralmente inferior nas regiões tropicais e subtropicais. Além de problemas associados com o clima, ecto e endoparasitos, o manejo é influenciado por diferentes limitações de recursos daquelas de regiões temperadas. Alguns resultados sugerem que o fator de ambiente mais importante pode ser o nível de alimentação. Nas regiões tropicais e subtropicais, os resultados da avaliação de diferentes estratégias de cruzamento indicam a diferenciação entre genótipos conforme o nível de manejo nos rebanhos.

A questão importante a resolver na situação de interação GxA é se a resposta à seleção em condições menos favoráveis (tropicais) se aproxima daquela de condições mais favoráveis. As diferenças entre a resposta da progênie e entre valores genéticos de touros são muito comprimidas nas regiões tropicais e subtropicais da América Latina quando comparadas aos Estados Unidos da América. Tal evidência sugere que a resposta à seleção de touros norte-americanos é menor em grupos de rebanhos de menor variância do que nos grupos de maior variância na América Latina do que nos Estados Unidos da América. Portanto, o uso de germoplasma importado (p. ex., sêmen) em algumas situações de manejo pode ser inapropriada. A compressão das variâncias genética e residual em países com ambientes restritivos levam a menor resposta à seleção de touros importados, o que parcialmente impede a implementação de estratégias de seleção baseada na importação de germoplasma porque há indicações de que os retornos econômicos são reduzidos para estes investimentos genéticos.

Além de fatores climáticos, limitações econômicas e demandas de mercado particulares a cada país (ou região) também contribuem para estabelecer diferenças no ambiente e nos objetivos de seleção. A existência de GxA significa que cada país deve estruturar seus programas de avaliação e selecionar para a eficiência da produção nas próprias condições, orientando-se em seus objetivos nacionais. A integração ao Interbull é uma decisão estratégica no sentido de estabelecer competitividade aos programas de seleção ao agregar informações internacionais aos procedimentos de avaliação nacionais e favorecer as decisões dos criadores nos investimentos em melhoria genética de seus rebanhos.

8. Bibliografia consultada

ARAÚJO, C.V.; TORRES, R.A.; COSTA, C.N.; LOPES, P.S.; PEREIRA, C.S.; EUCLYDES, R.F.; TORRES FILHO, R.A. Interação reprodutor x rebanho na produção de leite da raça Holandesa no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 992-999, 2001 (Suplemento 1).

- BANOS, G. Identifying genetically superior stock across country. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1999, Viçosa. **Anais...** Viçosa: UFV, 1999. p. 21-34.
- BANOS, G.; SIGURDSSON, A. Application of contemporary methods for the use of international data in national genetic evaluations. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 79, p. 1117-1125, 1996.
- BANOS, G.; SHOOKS, G.E. Genotype and environment interaction and genetic correlations among parities for somatic cell count and milk yield. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 2563-2573, 1990.
- BOLDMAN, K.G.; FREEMAN, A.E. Adjustment for heterogeneity of variances by herd level in dairy cow and sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 503-512, 1990.
- BRASCAMP, E.W.; MERKS, J.W.M.; WILMINK, J.B.M. Genotype environment interaction in pig breeding programmes: methods of estimation and relevance of the estimates. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 13, p. 135-146, 1985.
- CANAVESI, F.; SCHAEFFER, L.R.; BURNSIDE, E.B.; JANSEN, G.B.; ROZZI, P. Sire-by-herd interaction effect when variances across herds are heterogeneous. II. Within-herd variance component estimates. *Journal Animal Breeding and Genetics*, Berlin, v. 112, p. 107-116, 1995.
- CANAVESI, F.; CASSANDRO, M. Comparison of different procedures to account for heterogeneity of variance within country. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p. 85-90. (Interbull Bulletin, 17).
- CAMERON, N.D. Methodologies for estimation of genotype with environment interaction. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 35, p. 237-249, 1993.
- CARABAÑO, M.J.; WADE, K.M.; VAN VLECK, L.D. Genotype by environment interactions for milk and fat production across regions of the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 173-180, 1990.
- CARABAÑO, M.J.; VAN VLECK, L.D.; WIGGANS, G.R.; ALENDIA, R. Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy cattle in Spain and the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 72, p. 3013-3022, 1989.
- CERÓN MUÑOZ, M.F. **Interação genótipo/ambiente na produção de leite e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa em diferentes regiões da Colômbia.** Jaboticabal: UNESP/Fac. de Ciências Agrárias e Veterinárias, 1999. 89 p. Tese Mestrado.
- CIENFUEGOS - RIVAS, E.G.; OLTENACU, P.A.; BLAKE, R.W.; SCHWAGER, S.J.; CASTILO-JUAREZ, H.; RUIZ, F.J. Interaction between milk yield of Holstein Cows in Mexico and the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 82, p. 2218-2223, 1999.
- COSTA, C.N. **Genetic relationships for milk and fat yields between Brazilian and United States Holstein cattle populations.** Ithaca: Cornell University, 1998. 175 p. Ph.D. Dissertation.
- COSTA, C.N. Interação genótipo e ambiente em gado de leite. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1999, Viçosa. **Anais...** Viçosa: UFV, 1999. p. 161-192.

- COSTA, C.N. An investigation into heterogeneity of variance for milk and fat yields of Holstein cows in Brazilian herd environments. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 22, p. 375-381, 1999.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A. Genetic relationships for milk and fat yields between Holstein populations in Brazil and the United States. In: 6th WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 1998, Armidale. *Proceedings...* Armidale: UNE, 1998. v. 23, p. 323-326.
- COSTA, C.N.; BLAKE, R.W.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, P.A.; QUAAS, R.L.; SEARLE, S.R. Genetic analysis of Holstein Cattle populations in Brazil and the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 83:2963-2974, 2000.
- CROMIE, A.R.; KELLEHER, D.L.; GORDON, F.G.; RATH, M. Genotype by environment interaction for milk production traits in Holstein Friesian dairy cattle in Ireland. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. *Proceedings...* Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p 100-104. (Interbull Bulletin, 17).
- CUNNINGHAM, E.P. Selection and crossbreeding strategies in adverse environments. In: Animal genetic resources conservation and management. Rome: FAO, 1981. (FAO Anim. Prod. Health Paper 24, p. 279).
- CUNNINGHAM, E.P.; SYRSTAD, O. Crossbreeding *Bos indicus* and *Bos Taurus* for milk production in the tropics. Rome: FAO, 1987. (FAO. Anim. Prod. Health Paper 68, p. 90).
- DICKERSON, G.E. Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. *Animal Production*, Edinburgh, v. 4, p. 47-63, 1962.
- DIMOV, G.; ALBUQUERQUE, L.G.; KEOWN, J.F.; VAN VLECK, L.D.; NORMAN, H.D. Variance of interaction effects of sire and herd for yield traits of Holsteins in California, New York, and Pennsylvania with an animal model. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 78:939-946, 1995.
- DODENHOFF, J.; SWALVE, H.H. Heterogeneity of variances across regions of northern Germany and adjustment in genetic evaluation. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 53, p. 225-236, 1998.
- EVERETT, R.W.; KEOWN, J.F.; TAYLOR, J.F. The problem of heterogeneous within herd error variances when identifying elite cows. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 65 (Suppl. 1), p. 100. (Abstr.), 1982.
- FALCONER, D.S. The problem of environment and selection. *American Naturalist*, Chicago, v. 86, p. 293-298, 1952.
- FREITAS, M.S.; DURÃES, M.C.; FREITAS, A.F.; BARRA, R.B. Comparação da produção de leite, gordura e duração da lactação em cinco graus de sangue originados de cruzamentos entre Holandês e Gir em Minas Gerais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, Belo Horizonte. (no prelo).
- GARRICK, D.J.; VAN VLECK; L.D. Aspects of selection for performance in several environments with heterogeneous variances. *Journal Animal Science*, Savoy, v. 65, p. 409-421, 1987.
- GIANOLA, D. On selection criteria and estimation of parameters when the variance is heterogeneous. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, v. 72, p. 671-677, 1986.
- GODDARD, M. A method for comparing sires evaluated in different countries. *Livestock Production Science*, Amsterdam. v. 13, p. 321-331, 1985.

- HILL, W.G. On selection among groups with heterogeneous variance. *Animal Production*, Edinburgh, v. 39, p. 473-477, 1984.
- HILL, W.G.; EDWARDS, M.R.; AHMED, M.K.A.; THOMPSON, R. Heritability of milk yield and composition at different levels of variability of production. *Animal Production*, Edimburgh, v. 36, p. 59-68, 1983.
- HOLMANN, F.; BLAKE, R.W.; MILLIGAN, R.A.; BARKER, R.; OLTENACU, P.A.; HAHN, M.V. Economic returns from United States artificial insemination sires in Holstein herds in Colombia, Mexico and Venezuela. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 2179-2189, 1990.
- HOURI NETO, M. **Interação genótipo/ambiente e avaliação genética de reprodutores da raça Holandesa, usados no Brasil e nos Estados Unidos da América**. Belo Horizonte: EV-UFGM, 1996. 204p. Tese de Doutorado.
- IBÁÑEZ, M.A.; CARABAÑO, M.J.; FOULLEY, J.L.; ALENDA, R. Heterogeneity of herd-period variances in the Spanish Holstein-Friesian Cattle: sources of heterogeneity and genetic evaluation. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 45, p. 137-147, 1996.
- INTERBULL (International Bull Evaluation Service). INTERNATIONAL WORKSHOP ON GENETIC IMPROVEMENT OF FUNCTIONAL TRAITS IN CATTLE, 1996, Gembloux, Belgium. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1996. 245 p. (Interbull Bulletin, 12).
- INTERBULL (International Bull Evaluation Service). Evaluation Summaries. Appendix 1. <http://www.interbull.slu.se/eval/append922.htm>. Consultado em 04 Jul 1999.
- KISTEMAKER, G.J.; SCHAEFFER, L.R. Adjustment for heterogeneous herd-test-day variances. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p. 55-59. (Interbull Bulletin, 17).
- KLEI, B.; LAWLOR, T.J. MACE for conformation traits. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p. 15-21. (Interbull Bulletin, 17).
- MADALENA, F.E.; LEMOS, A.M.; TEODORO, R.L.; BARBOSA, R.T.; MONTEIRO, J.B.N. Dairy production and reproduction in Holstein - Friesian and Guzerá crosses. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 73: 1872-1886, 1990.
- MATHUR, P.K.; Horst, P. Methods for evaluating genotype-environment interactions illustrated by laying hens. *Journal Animal Breeding and Genetics*, Berlim, v. 111, p. 265-288, 1994.
- MCDOWELL, R.E. Dairy production in developing countries. *Proceedings New Zealand Society Animal Production*, Hamilton, v. 52, p. 3-5, 1992.
- MCDOWELL, R.E.; WIGGANS, G.W.; CAMOENS, J.R.; VAN VLECK, L.D.; ST. LOUIS, D.G. Sire comparisons for Holsteins in Mexico versus the United States and Canada. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 59:298-304, 1976.
- MEINERT, T.R.; PEARSON, R.E.; VINSON, W.E.; CASSEL, B.G. Effect of within-herd variance and herd mean production on response to selection within herd. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 71:3405-3414, 1988.
- MEINERT, T.R.; PEARSON, R.E.; VINSON, W.E.; HOYT, R.S. Estimates of genetic trend in an artificial insemination progeny test program and their association with herd characteristics. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 75:2254-2264, 1992.

- MEUWISSEN, T.H.E.; DE JONG, G.; ENGEL, B. Joint estimation of breeding values and heterogeneous variances of large data files. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 79, p. 310-316, 1996.
- MEYER, K. Estimates of variances due to sire x herd interaction and environment covariances between paternal half-sibs for first lactation dairy production. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 17, p. 95-115, 1987.
- MIGLIOR, F.; WEIGEL, K.A.; BARRAS, G. Impact of heterogeneity of variance over time on International comparisons using simulation approach. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p. 40-45. (Interbull Bulletin, 17).
- MPOFU, N. **Genetic and economic evaluation of dairy cattle breeding strategies for Zimbabwe**. Guelph: University of Guelph, ON. Canada, 1992. Ph.D. Thesis.
- NOTTER, D.R.; DIAZ, C. Use of covariances between predicted breeding values to assess the genetic correlation between expressions of a trait in 2 environments. *Genetic Selection Evolution*, Paris, v. 25, p. 353-372, 1993.
- PANI, S.; LASLEY, J.F. Genotype x environment interactions in animals. Theoretical considerations and review findings. Columbia: Agric. Exp. Sta., Univ. Missouri, Columbia, MO, 1972.(Res. Bull. 992).
- PHILIPSSON, J. Standards and procedures for international genetic evaluations of dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 70, p. 418-417, 1987.
- PHILIPSSON, J. Global use of bulls and the "INTERBULL System". *Acta Agriculturae Scandinavica*, Section A, Animal Science, Oslo, v. 29, p. 98-107, 1998.
- POWELL, R.L.; NORMAN, H.D. Response within herd to sire selection. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 67, p. 2021-2027, 1984.
- POWELL, R.L.; NORMAN, H.D.; WEINLAND, B.T. Cow evaluation at different milk yield of herds. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 66, p. 148-154, 1983.
- POWELL, R.L.; WIGGANS, G.R.; PLOWMAN, R.D. Evaluation of Holstein bulls and cows in Ecuador. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 3330-3335, 1990.
- POWELL, R.L.; WIGGANS, G.R.; NORMAN, H.D. Equity of elite cows status across states. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 81, p. 2518-2523, 1998.
- POWELL, R.L.; SIEBER, M. Direct and indirect conversions of bull evaluations for yield traits between countries. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 75, p. 843-851, 1992.
- QUAAS, R.L.; GARRICK, D.J.; MCELHENNEY, W.H. Multiple trait prediction for a type of model with heterogeneous genetic and residual covariance structures. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 67, p. 2529-2535, 1989.
- REENTS, R.; DOPP, I.; SCHMUTZ, M.; REINHARDT, F. Impact of application of a test day model to dairy production traits on genetic evaluations of cows. In: INTERBULL ANNUAL MEETING, 1998, Uppsala. **Proceedings...** Uppsala: Int. Bull Eval. Serv., 1998. p. 49-54. (Interbull Bulletin, 17).
- REIS, J.C.; LÔBO, R.B. **Interações genótipo/ambiente nos animais domésticos**. Ribeirão Preto, SP. 1991. 194 p.
- REKAYA, R.; CARABAÑO, M.J.; TORO, M.A. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein - Friesian Cattle. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 57, p. 203-217, 1999.

- ROBERT-GRANIÉ, C.; BONAITI, B.; BOICHARD, D.; BARBAT, A. Accounting for variance heterogeneity in French dairy cattle genetic evaluation. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 60, p. 343-357, 1999.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, Washington, v. 15, p. 469-485, 1959.
- ROGERS, G.W.; BANOS, G.; SANDER NIELSEN, U.; PHILIPSSON, J. Genetic correlations among somatic cell scores, productive life, and type traits from the United States and udder health measures from Denmark and Sweden. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 81, p. 1445-1453, 1998.
- ROZZI, P.; SCHAEFFER, L.R.; BURNSIDE, E.B.; SCHLOTE, W. International evaluation of Holstein-Friesian dairy sires from three countries. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 24, p. 15-28, 1990.
- ROZZI, P.; CARABANO, M.J.; IBANEZ, M.A. Ranking of dairy bulls under different environments. In: 42nd Annual Meeting EAAP, 1991, Berlin. **Proceedings...Berlin**, 1991.
- SAMORE, A.B.; VAN ARENDONK, J.A.M.; CANAVESI, F. Impact of sire by herd effect on variance component estimation for somatic cell scores in Italian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, Champaign, 82 (Suppl. 1):30. (Abstr.), 1999.
- SCHAEFFER, L.R. Model for international evaluation of dairy sires. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 12, p. 105-115, 1985.
- SCHAEFFER, L.R. Multiple country comparison of dairy sires. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 77, p. 2671-2678, 1994.
- SCHAEFFER, L.R.; JAMROZIK, J.; KISTEMAKER, G.J.; VAN DOORMAL, B.J. Experience with a test-day model. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 83, p. 1135-1144, 2000.
- SCHAEFFER, L.R.; WILTON, J.W.; THOMPSON, R. Simultaneous estimation of variance and covariance components from multitrait mixed model equations. *Biometrics*, Washington, v. 34, p. 199-208, 1978.
- SHORT, T.H.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. Heterogenous within-herd variance. 1. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of grade Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 3312-3320, 1990.
- SIGURDSSON, A.; BANOS, G. Dependent variables in international sire evaluations. *Acta Agriculturae Scandinavica*, Section A, Animal Science, Oslo, v. 45, p. 209-217, 1995.
- SIGURDSSON, A.; BANOS, G.; PHILIPSSON, J. Estimation of genetic (co)variance components for international evaluation of dairy bulls. *Acta Agriculturae Scandinavica*, Section A, Animal Science, Oslo, v. 46, p. 129-136, 1996.
- STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. Response to selection of United States Holstein sires in Latin America. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 74, p. 651-654, 1991a.
- STANTON, T.L.; BLAKE, R.W.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D.; CARABANO, M.J. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico and Puerto Rico. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 74, p. 1700-1714, 1991b.
- SWALVE, H.H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 83, p. 1115-1124, 2000.

- TONG, A.K.W.; KENNEDY, B.W.; MOXLEY, J.E. Effects of correcting for feeding levels on estimates of genetic parameters of milk yield and composition. *Canadian Journal Animal Science*, Ottawa, v. 56, p. 523-529, 1976.
- TORRES, R.A.; BERGMANN, J.A.G.; COSTA, C.N.; PEREIRA, C.S.; VALENTE, J.; PENNA, V.M.; TORRES FILHO, R.A.; ARAÚJO, C.V. Heterogeneidade de variância e avaliação genética de bovinos da raça Holandesa no Brasil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, 29(4): 1050-1059, 2000.
- VACCARO, L.P. Survival of European dairy breeds and their crosses with zebus in the tropics. *Animal Breeding Abstracts*, Wallinford, v. 58, p. 475-494, 1990.
- VAN Der WERF, J.H.J.; TEN NAPEL, J. Estimation of genotype-environment interaction for milk production under Dutch circumstances. In: 42nd Annual Meeting EAAP, 1991, Berlin. *Proceedings...Berlin*, 1991.
- VAN VLECK, L.D. Selection when traits have different genetic and phenotypic variances in different environments. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 70, p. 337-344, 1987.
- VINSON, W.E. Potential biases in genetic evaluations from differences in variation within herds. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 70, p. 2450-2455, 1987.
- WICKMAM, B.W.; BANOS, G. Impact of International Evaluations on Dairy Cattle Breeding Programmes. In: 6th WORLD CONGRESS GENETICS APPLIED LIVESTOCK PRODUCTION, 1998, Armidale. *Proceedings... Armidale: UNE*, 1998. v. 23, p. 315-322.
- WIGGANS G.R.; VANRADEN, P.M. Method and effect of adjustment for heterogeneous variance. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 74, p. 4350-4357, 1991.
- WIGGANS G.R.; VAN VLECK, L.D. Evaluation of sires in herds feeding differing proportions of concentrates and roughages. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 61, p. 246-249, 1978.
- WILMINK, J.B.M.; MEIJERING, A.; ENGEL, B. Conversion of breeding values for milk from foreign countries. *Livestock Production Science*, Amsterdam, v. 14, p. 223-229, 1986.
- WINKELMAN, A.; SCHAEFFER, L.R. Effect of heterogeneity of variance on dairy sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 71, p. 3033-3039, 1988.

Análise de *pedigree* e escolha de sêmen

Marcus Cordeiro Durães¹
Ary Ferreira de Freitas¹

1. Introdução

A escolha de um animal pode ser feita tanto pelo desempenho próprio como também por meio das informações de seus parentes. No caso de um animal jovem, que ainda não possui dados de produção, a seleção do mesmo deve ser feita por meio da análise de seu *pedigree* e de suas características de conformação. No passado, o *pedigree* de um animal consistia no registro do seu nome e de seus ancestrais. Atualmente, um *pedigree* completo traz estimativa do mérito genético do animal e informações de desempenho de seus ascendentes para características de produção e tipo e os respectivos valores genéticos.

A compreensão das informações contidas em um *pedigree* auxilia muito na hora da escolha dos animais a serem selecionados, mas não basta entender as informações nele contidas. É necessário também avaliar visualmente o animal para ver se ele é portador de algum defeito. Por exemplo, um animal possui um *pedigree* excelente, todavia exibe problemas de aprumo. A solução é simples: rejeita-se o animal e escolhe-se outro de *pedigree* equivalente pois é obvio que não é desejável um animal com problemas de aprumo ou com qualquer outro tipo de problema de conformação.

Ponderando o *pedigree* e o fenótipo, sendo o animal selecionado, o produtor conta com recursos de acasalamentos direcionados para produzir a descendência com maior capacidade de produção e melhor tipo. Para isso, existe no mercado sêmen de touros provados avaliados pelas características de produção e tipo.

Neste artigo foi analisado detalhadamente um *pedigree* e descritos alguns critérios para a escolha de sêmen de touros provados.

2. Avaliação de *pedigree*

É comum, na avaliação de um *pedigree*, dar ênfase à linha baixa, ou seja, à linha materna. Neste caso, deve-se analisar com muita atenção as informações contidas no *pedigree* do animal, verificando os dados de produção de leite, gordura,

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – dcm075@cnpqg.embrapa.br; ary@cnpqg.embrapa.br

ordem de partos, número de dias em lactação, e, preferencialmente, observando se a vaca possui o índice de avaliação de seu mérito genético.

Nos programas de melhoramento, os touros são escolhidos, inicialmente, pelo *pedigree* com a finalidade de participarem do teste de progênie. Nestes *pedigrees* estão incluídas as capacidades previstas de transmissão (PTA) do pai, da mãe e dos avós maternos, ou índices que incluem tais valores. Um deles é o índice da média dos pais, PM, expresso pela soma da metade do valor genético (VG) dos pais, ou seja $PM = 0,5 \text{ VG do touro} + 0,5 \text{ VG da mãe}$, e o outro é o índice de *pedigree* $= 0,5 \text{ VG do touro} + 0,25 \text{ VG do avô materno}$.

Aproximadamente 70 a 75% do ganho genético teórico possível de ser obtido para o aumento da produção de leite em uma população, submetida à inseminação artificial é resultante da seleção dos pais dos tourinhos. O desempenho esperado (DP) de um animal pode ser estimado pela seguinte fórmula: $DP = PTA \text{ do pai} + PTA \text{ da mãe}$.

Supondo que a filha de um touro cujo valor da PTA para leite seja igual a 544 kg e a PTA de sua mãe seja igual a 453 kg, o desempenho esperado da novilha será igual a $544 + 453 = 997 \text{ kg}$. A melhor estimativa da futura capacidade de produção desta novilha em relação às suas companheiras de rebanho é de 997 kg. Sua capacidade de transmissão é metade deste valor, que é aproximadamente igual a 498 kg, em virtude da estimativa do mérito dos filhos ser igual ao valor médio dos pais.

O *pedigree* completo de um animal da raça Holandesa pode ser visualizado na Figura 1 e, para auxiliar a sua interpretação, foram descritas em detalhes todas as informações nele contidas. Como tal, o *pedigree* constitui em um instrumento indispensável na hora da escolha de um animal (*Pedigree*, 1993).

Quando um pai de um tourinho é testado, não há necessidade de se considerar o avô e avó paternos. Pelo lado da mãe, basta considerar o avô e a descendência (meio-irmãs e irmãs maternas do touro).

3. Descrição dos termos assinalados no *pedigree* da Figura 1

A = Índice predito de produção e tipo (PTPI) e nível P

Linha 1: Nome do animal, classificação percentual e valor do PTPI, data do nascimento e sexo. O nível P indica a classificação percentual do animal baseada neste índice e serve para comparar os animais registrados do mesmo sexo nascidos no mesmo ano. A novilha Ellen recebeu a classificação P9, ou seja, foi classificada no 90.^o percentil. Isto indica que esta novilha foi classificada entre os dez por cento dos melhores animais nascidos em 1993. O PTPI estima a capacidade de um animal jovem transmitir suas características. Este valor combina a metade da capacidade prevista de transmissão da mãe (CTPI) e a metade da capacidade de transmissão total do touro, também conhecido como índice do desempenho total (TPI) do touro. O PTPI da Ellen é +1178.

Linha 2: o número de registro, neste exemplo, 15101726.

A WOODBINE MASCOT ELLEN-ET 15101726		P9 PTPI +1178	23DST4468 2/18/93 FEMALE
B PTA +33F# +42P# 46R PTAS 7/95 PTAY PTAT +1.58T# +1.35UDC# 46R 7/95			
C SINGING-BROOK N-B MASCOT-ET*TL 2020049 5-07 88 VVE GM 7/95		D TPI +1480	
F PTA +1711M +53F +73P 99R PTAS +226CY +205 +232 7/95 PTAY -0.04 08 100%US PTAT +1.54T +1.60UDC 99R 7/95 D/AV 24199M 3.6 875F 3.2 780P 83.0T		E CTPI +873	
G WOODBINE-K VALIANT ELEANOR-ET 11725394 6-03 93 EEEE 2E GMD DOM		H CTPI +873	
I PTA +664M +12F +11P 84R PTAS +41CY +74 +59 7/95 PTAY -0.06 -0.05 100%US PTAT +1.61T +1.10UDC 86R 7/95 PPA +5843M +224F +154P			
J DHI 2-03 2 305 25910 3.6 1923 3.1 814 365 30228 3.7 1179 3.2 963 4-02 2 305 30580 4.1 1262 3.1 950 365 34807 4.3 1490 3.2 1103			
L WHITTIER-FARMS NED BOY 1806201 11-05 90 VEE		*TL TPI GM 7/89	
PTA +226M +19F +25P 99R PTAS +80CY +34 +60 7/95 PTAY +.05 +.09 100%US PTAT - .81T - .75UDC 99R 7/95 D/AV 21388M 3.7 789F 3.2 687P 80.6T			
M JACKBUILT CHAIRMAN MANDY 11356580 6-03 92 EEEE 2E GMD DOM		*TL CTPI GM 7/95	
PTA +992M +17F +31P 89R PTAS +85CY +111 +110 7/95 PTAY - .09 +.00 100%US PTAT +2.59T +2.18UDC 90R 7/95 PPA +760M +4F +27P			
K LIFE 1854 109940 3.7 4032 3.1 3395			
DHIR 2-02 2 305 19770 3.4 608 3.1 608 365 23130 3.5 608 3.1 714 3-06 2 305 22240 3.3 608 3.1 714 365 22240 3.3 608 3.1 697 5-00 2 305 23100 3.4 608 3.1 790 365 23100 3.4 608 3.1 684 7-09 2 305 23190 3.4 608 3.1 766 365 23190 3.4 608 3.1 661 D/AV 20600M 3.7 759F 3.2 660P 83.5T			
S-W-D VALIANT 1650414 10-06 95 EEE		*TL TPI GM 1/90	
PTA -334M -5F -1P 99R PTAS -11CY -37 -23 7/95 PTAY +.03 +.05 100%US PTAT +.79T -.18UDC 99R 7/95 D/AV 20600M 3.7 759F 3.2 660P 83.5T			
NORTH-CROFT ELLA ELEVATION 8760089 12-03 97 EEEE 4E GMD DOM		*TL CTPI GM 7/95	
PTA +491M -23F -7P 94R PTAS -59CY +37 +3 1/95 PTAY -.19 -.10 100%US PTAT +.82T +.91UDC 93R 7/95 PPA +7898M +325F			
DHI 2-09 2 305 28160 3.4 946 3.1 1101 364 32803 3.4 1101 4-07 2 305 34110 4.0 1369 3.1 1411 328 35517 4.0 1369 3.1 1411 5-09 2 305 39780 4.0 1580 3.1 1696 365 44143 3.8 1696 7-07 2 305 44020 4.3 1906 3.1 2028 365 48731 4.2 2028 10-00 2 305 30190 4.5 1403 3.2 951 365 36314 4.5 1533 3.2 1160 LIFE 1892 205347 3.9 8100			
ALL-AMERICAN AGED COW 1982 ALL-AMERICAN AGED COW 1981 ALL-AMERICAN AGED COW 1980 ALL-AMERICAN 3 YR COW 1977			

*TL TESTED FREE OF BLAD

60 0146.0 09/14/95 BB5257101

Figura 1. Apresentação de um *pedigree* completo mostrando o nome da novilha (A), de seu pai (C), de sua mãe (G) e de seus avós paternos e maternos com as informações de cada ascendente.

B = Capacidade prevista de transmissão (PTA), avaliado em 7/95

Linha 1: Capacidade prevista de transmissão para produção de leite, (+33F) gordura, (+42P) proteína, tipo e precisão da informação. Para animais jovens, esses valores são estimados tomando a média das PTA do pai. Reconhece-se que o valor é uma média quando o sinal '#' for usado. A precisão da informação de tipo para Ellen baseada na informação de seus pais é de 46%. (46R)

Linha 2: O valor de PTA em dólares (PTA\$). Para o cálculo desta característica, é necessário ter informações de produção. Portanto, os animais jovens não têm este valor disponível.

Linha 3: Os valores de PTA em percentagem, para gordura e proteína, respectivamente.

Linha 4: PTA para tipo (+1,58), composto de úbere (+1,35UDC) e precisão na estimativa (46R), ou seja, 46% de confiabilidade.

C = Informação de classificação do Pai

Linha 1: Nome do animal e o respectivo índice de desempenho total (TPI = 1.480)

Linha 2: O número de registro, a idade em anos e meses (cinco anos e sete meses) quando o animal foi classificado; escore final (88 pontos); categoria mais elevada de classificação (V V E = Muito Boa, duas vezes e Excelente), e reconhecimento (Medalha de ouro, e mês e ano em que foi prestada a homenagem). Isto significa o seguinte:

O touro Singing Brook N-B Mascot foi classificado aos cinco anos e sete meses e recebeu um escore de 88 pontos. Ele foi classificado como Muito Bom (MB) na aparência geral, MB em caracterização leiteira e Excelente (E) quanto a capacidade corporal.

GM mostra que o touro foi nomeado como Medalha de Ouro, seguido deste reconhecimento. Os avós foram nomeados também como GM.

D = Índice de desempenho total (TPI)

O TPI combina a capacidade prevista de transmissão para proteína, gordura, tipo e composto de úbere para classificar touros quanto a sua capacidade de transmitir de forma equilibrada essas quatro características. O *pedigree* indica que o touro Mascot tem o TPI igual a 1.480 na época da avaliação de acordo com o mês e ano de avaliação (07/95).

E = Índice composto de úbere (UDC)

Este índice combina as informações das características lineares de tipo levando em conta seis características do úbere. As seis características de composto de úbere são as seguintes: inserção do úbere anterior, altura do úbere posterior, largura do úbere posterior, profundidade do úbere, suporte central do úbere e colocação das tetas anteriores. No caso do touro Mascot, o índice estimado foi de +1,60.

Três características lineares adicionais formam índices compostos, respectivamente: pernas e pés, estrutura do corpo e capacidade leiteira. Entretanto, somente o composto de úbere é usualmente listado no *pedigree*.

F = Sumário de pai para características de produção e tipo

Esta seção inclui as informações de produção e tipo.

Linha 1: Capacidade prevista de transmissão (PTA) para leite (M); gordura (F); proteína (P); tipo (T), e confiabilidade (R).

As PTA do touro Mascot são 1.711 libras (1 lb. = 454 g) para leite, +53 libras para gordura, +73 libras para proteína e a confiabilidade dessas avaliações foi de 99%.

Linha 2: Capacidade prevista de transmissão (PTA\$) para a produção de queijo, gordura e proteína em dólares.

O preço do leite e seus componentes são usados para calcular esses valores a partir da PTA do leite, gordura e proteína.

Linha 3: A capacidade prevista de transmissão (PTA%) para as características expressas em percentagem, como, por exemplo, a capacidade de transmissão para gordura e proteína. A PTA% de Mascot para gordura é de -0,04 e a PTA% para proteína é de +0,08. A confiabilidade destas informações são oriundas de filhas nascidas nos Estados Unidos. Neste caso, 100%.

Linha 4: PTA para tipo, composto de úbere e confiabilidade expressa em porcentagem. O Mascot tem +1,54 para tipo.

Linha 5: O equivalente da produção de leite, gordura e proteína à idade adulta das filhas do touro.

G = Informação da classificação da mãe

Linha 1: Nome da mãe

Linha 2: Número do registro, idade expressa em anos e meses na época da classificação; escore final; e categorias principais da classificação linear, incluindo aparência geral, caracterização leiteira, capacidade corporal, sistema mamário, e premiação (GMD, DOM).

Obs.: GMD significa que a vaca recebeu medalha de ouro como prêmio e DOM significa que ela foi premiada pelo seu mérito. Todas vacas classificadas excelentes mais de uma vez recebem um valor múltiplo (E), como, por exemplo, 2E. Isto significa que a vaca foi classificada como excelente duas vezes em épocas diferentes. No caso deste *pedigree*, a vaca Eleanor, aos seis anos e três meses, foi classificada como excelente 93 (2E); com a seguinte partição: (E) para aparência, (E) para caracterização leiteira, (E) para a capacidade corporal e (E) para úbere, ou seja, EEEE.

H = Índice de produção da mãe (CTPI)

O CTPI é um índice que indica a capacidade prevista de transmissão da vaca combinando o diferencial de produção da proteína, gordura, tipo e composto de úbere. O CTPI é similar ao TPI do touro. Eleanor, por exemplo, possui um CTPI igual a +873.

I = Capacidade prevista de transmissão (PTA) da mãe

Esta seção inclui informações de produção e tipo da mãe.

Linha 1: PTA para leite (M); gordura (F); proteína (P); e confiabilidade.

No caso da vaca Eleanor, sua PTA para leite é de 664 libras (aproximadamente 301 kg), 12 libras de gordura, e 11 libras de proteína.

Linha 2: PTA\$ para produção de queijo, PTA\$ para gordura e PTA\$ para proteína.

Linha 3: PTA% para gordura e proteína.

Linha 4: PTA tipo, composto de úbere, porcentagem de confiabilidade da produção de leite e data do cálculo de sua classificação quanto ao tipo. A PTA do tipo da vaca é baseada no escore final da vaca e mérito genético de seus pais. A PTA da classificação pelo tipo da vaca Eleanor é 1,61 com o composto de úbere de +1,10 e a confiabilidade é de 86%.

Linha 5: Capacidade provável de produção (PPA). Esta é a predição do desempenho da vaca em futuras lactações; predição do mérito genético total; efeito do touro e rebanho e efeito permanente do meio (leite, gordura e proteína), ou seja, + 5.843 libras para leite, + 224 para gordura e + 154 libras para proteína.

J = Registro de produção da mãe

Linha 1: Programa de melhoramento de rebanhos leiteiros (DHI)

Linha 2: Idade ao parto; número de vezes que a vaca foi ordenhada por dia; duração da lactação em dias; libras de leite na lactação; porcentagem de gordura; libras de gordura; porcentagem de proteína e libras de proteína.

Linha 3: Esta linha é incluída no *pedigree* somente quando a lactação ultrapassar 305 dias. Duração da lactação completa em dias; libras de leite produzido; porcentagem de gordura; libras de gordura produzido; porcentagem de proteína e libras de proteína produzido. Podem ser colocadas também as informações da vaca quando ela se classifica em primeiro, segundo ou terceiro lugar, indicando se a premiação é nacional ou estadual, com a abreviação do estado membro, designando se a premiação é para produção de gordura, proteína ou leite. O reconhecimento destes registros é, nos Estados Unidos, fornecido pelo DHIR (registro de melhoramento de rebanhos leiteiros do USDA, departamento de Ministério da Agricultura), e feito para sete grupos de idade.

K = Registro de produção durante a vida produtiva

Uma vez que uma vaca produza mais de 100.000 libras de leite (45.400 kg) durante a sua vida produtiva (LIFE), esta informação aparecerá no *pedigree*. A avó materna, Jackbuilt Chairman Mandy, mãe de Mascot e avó paterna de Ellen, produziu 109.940 libras de leite e 4.032 libras de gordura em sua vida produtiva. A média do teor de gordura foi de 3,7% durante 1.854 dias de produção, como mostrado na última linha do bloco K.

L = Teste para genes recessivos

Os seguintes símbolos indicam se um animal foi testado positivamente como portador de genes recessivos indesejáveis, deficiência enzimática (TL), ou fator para pelagem vermelha (RC). O touro, avô paterno de Ellen, pai de Mascot, foi considerado TL (*TL = este touro não é portador de Blad, ou seja, o animal foi considerado livre em 99% como não-portador de gene para deficiência da adesão leucocitária bovina). Veja as explicações a seguir sobre outros genes recessivos indesejáveis que um touro ou vaca possam ser portadores: Bulldog - *BD; Nanismo - *DF; Falta de pêlo - *HL; Pele imperfeita - *IS; Pé-de-mula - (Sindactilismo) - *MF; Gestação prolongada - *PG; Deficiência da adesão leucocitária bovina (BLAD) - *BL; Deficiência enzimática; Deficiência da síntese da uridina monofosfato (DUMPS) - *DP; Dente colorido (cor de rosa) - *PT; Fator vermelho - *RC.

Os seguintes símbolos mostram que um animal foi considerado suspeito de ser portador de DUMPS, MF, ou BLAD; contudo, foram animais testados como sendo 99% livres destas características: DUMPS = *TD; Mule-Foot (MF) = *TM; BLAD = *TL

Os registros das premiações de uma vaca que é levada nas principais exposições do País e recebeu alguma premiação podem ser incluídas no seu *pedigree*. Este *pedigree* mostra que a avó materna, a vaca Ella, foi nomeada como "ALL AMERICAN" em 1980, 1981 e 1982.

Serão apresentados a seguir dois *pedigrees* (Figuras 2 e 3), como aparecem nos catálogos comerciais de touros, escolhendo como padrão o formato da "Alta Genetics" cujas mães são de alto valor genético, quando se analisam as suas informações de produção.

Arlinda Melwood-ET*TL VG87 GM			Carlín-M Ivanhoe Bell*BL EX93 GM		
Bren-Way Bell Betsy*TL VG88 GMD DOM			Bren-Way Tony Bessie VG85		
6-09	365D	37,930M	3-04	365D	26,480M
		3.3%			3.7%
		1,246F			968F
		2.9%			3.3%
		1,093P (lbs)			875P (lbs)
		497P (kgs)			398P (kgs)
17,241M	565F		12,036M	440F	
			Marshfield Elevation Tony VG88 GM		
			Bren-Way Cita Bev VG85		
			2-02	365D	23,580M
					4.7%
					1,104F (lbs)
					502F (kgs)
					10,718M

Figura 2. *Pedigree* do touro A

Linha materna:

Mãe: *Bren - Way Bell Betsy* *TL VG88 GMD DOM – aos seis anos e nove meses, em 365 dias, produziu 17.205 kg de leite (37.930M), com 3,3% de gordura: 565 kg de gordura (1.246F): 2,9% de proteína e 496 kg de proteína (1093P). Os valores entre parênteses são os valores expressos em libras observados no *pedigree* do animal.

Avó: *Bren-Way Tony Bessie* VG85 – aos três anos e quatro meses, em 365 dias, produziu 12.011 kg de leite, com 3,7% de gordura: 439 kg de gordura: 3,3% de proteína e 397 kg de proteína.

Bisavó: *Bren-way Cita Bev* VG85 – aos dois anos e dois meses, em 365 dias, produziu 10.695 kg de leite, com 4,7% de gordura e 501 kg de gordura.

A soma da produção de leite da mãe, avó e bisavó é igual a 39.911 kg em três anos de produção.

Juniper Rotate Jed-ET*TL EX96 GM			Madawaska Aerostar EX-CAN EXTRA'92 GM		
Robthom Ruby Aerostar MB89 EX-SM			Robthom Jade-ET EX92-2E GMD DOM		
4-06	365D	39,170L	3-11	365D	52,940L
		3.4%			3.9%
		1,336G			2,056G
		3.3%			3.4%
		1,312P			1,794P
			Hanover-Hill Inspiration*RC*TL EX-CAN Extra'90		
			Robthom Ivory Mark EX94-2E GMD DOM		
			3-10	365D	33,340L
					3.9%
					1,307G
					3.3%
					1,110P

Figura 3. *Pedigree* do touro B

Linha materna:

Mãe: *Robthom Ruby Aerostar* VG89 EX-MS – aos quatro anos e seis meses, em 365 dias, produziu 17.767 kg de leite com 3,4% de gordura, 606 kg de gordura, 3,3% de proteína e 595 kg de proteína

Avó: *Robthom Jade - ET EX92 - 2 E GMD DOM* – aos três anos e onze

meses, em 365 dias, produziu 23.968 kg de leite, com 3,9% de gordura: 933 kg de gordura: 3,4% de proteína e 814 kg de proteína

Bisavó: *Robthom Ivory Mark* EX 94 - 2E GMD DOM – aos três anos e dez meses, em 365 dias, produziu 15.123 kg de leite, com 3,9% de gordura, 593 kg de gordura, 3,3% de proteína e 503 kg de proteína.

A soma da produção de leite da mãe, avó e bisavó é igual a 56.858 kg em três anos de produção.

Analisando a linha baixa destes dois touros, é fácil concluir que a linha materna do touro B suplanta a do touro A em diferentes aspectos produtivos.

A diferença entre a média de produção de leite da linha materna do touro B, e a do touro A, é de 5.648 kg.

O primeiro impulso é obviamente escolher o touro oriundo da linhagem B. Contudo, como muitos produtores conhecem a importância da linha paterna e sendo cautelosos, para alcançar maior segurança nas suas decisões, procuram analisar a linhagem paterna, com especial ênfase no pai do touro. A linha paterna é muito importante em virtude do pai, principalmente, no caso de uso de sêmen, ser provado. Isto significa dizer que o sêmen que o criador está escolhendo para uso em seu rebanho é oriundo de um touro com informações sobre o seu mérito genético, avaliado pela sua progênie, com esta avaliação estando associada a um certo grau de confiabilidade. Quanto mais alta, maior é a confiabilidade das informações.

O pai do touro A é *Arlinda Melwood* – ET *TL VG87 GM.

Esse touro em 1996 possuía um TPI de 1.109. A capacidade de transmissão para leite, PTAM, foi de 1.168 libras. A capacidade para transmissão de gordura, PTAF, foi igual a 78 libras, e a capacidade de transmissão para a produção de proteína, PTAP, foi de 36 libras enquanto a capacidade para transmissão para características de tipo, PTAT, foi de 1,12 com o índice relativo ao composto de úbere de -0,07 e Pernas e Pés, 0,79. Esse touro foi avaliado na época, com informações de 13.872 filhas nascidas em 4.736 rebanhos alcançando 99% de confiabilidade nas informações acima apresentadas.

Nas avaliações feitas em novembro de 1998, praticamente pouco mudou em relação à avaliação anterior deste touro. Por exemplo, o TPI baixou de 1.109 para 1.105 e PTAM caiu de 1.168 libras para 1.076 libras.

O pai do touro B é *Juniper Rotate Jed* – ET *TL EX96 GM, que em 1996 possuía o TPI igual a 1.161. A PTAM era de 980 libras, PTAF igual a 52 libras e o PTAP, 31 libras.

O touro JED possuía 115 filhas em apenas 87 rebanhos. Avaliação deste touro, realizada recentemente, indicou que o TPI caiu para 1.075 e a PTAM reduziu de 980 para 635. Entretanto, os dados de conformação são superiores ao do primeiro, principalmente quanto às de úbere e tipo em geral (2,17 versus 1,0). Todavia, em decorrência de menor número de filhas, a confiabilidade das informações de JED era menor do que as do A. MELWOOD.

Estas informações indicam caminhos diferentes a seguir. As vacas, mães dos touros, são altas produtoras de leite. Haveria uma tendência natural de se escolher o touro B se o criador se limitasse às informações da mãe e suas ascendentes. Os TPI dos touros A. MELWOOD e J.R.JED são similares nas

avaliações feitas em 1996 (1.109 versus 1.161); todavia, as informações de produção e número de observações feitas diferem muito, demonstrando a importância da confiabilidade da prova.

Quando se comparam as informações mais recentes, o touro A (*A. Bellwood*), filho de *Melwood* com *Betsy*, e o touro B (*R. Malachite*), filho de *Jed* com *Ruby*, nota-se a grande diferença entre ambos. O touro *Bellwood* apresentou em 1999 um diferencial para a produção de leite muito alto (2.960 libras), quase seis vezes maior que o apresentado pelo *R. Malachite* (541 libras) neste mesmo ano. Além disso, o TPI de *Bellwood* é 1.620 enquanto o de *Malachite* é de 1.131. Por outro lado, o composto de úbere transmitido por este touro é de 2,75 e do *Bellwood*, -0,31. Muitas outras comparações, como, por exemplo, o composto de pernas e pés, facilidade ao parto, confiabilidades nas informações, poderiam ser utilizadas na hora de escolher um touro. Ou seja, se o produtor deseja aumentar a capacidade de produção de leite, ele deve escolher um touro com a maior PTA, neste caso, *Bellwood*, e se for mais importante implementar características de tipo, a opção seria a escolha de um reprodutor com maior PTA para tipo, neste caso, *Malachite*.

4. Critérios para escolha de sêmen de touros provados

Alguns criadores e técnicos, às vezes, ficam confusos quando compram uma novilha filha de vaca de alta produção e touro de valor genético alto, e a produção do animal adquirido é apenas razoável, não refletindo a produção esperada. Sabe-se que a produção de leite de uma vaca é o resultado de fatores de natureza genética e de ambiente. A maneira de se criar uma bezerra, recriar as novilhas, assim como as condições de parto, a duração da lactação, o número de ordenhas, o estado corporal, época de parto, doenças, alimentação, manejo, entre outros fatores influem na capacidade de produção do animal. Por isso, a alta produção verificada na mãe pode não ser observada na sua descendência.

Quando um técnico ou criador argumenta que as filhas de um determinado touro são muito boas ou ruins, normalmente estão baseados na observação de uma amostra relativamente pequena. Daí, a importância de se levar em conta outros critérios na hora de escolher um animal ou comprar o sêmen de um touro.

Deste modo, segundo Durães (1997), o primeiro aspecto, antes mesmo de escolher o sêmen de um touro, é a definição das metas e objetivos de um programa de melhoramento de rebanhos leiteiros, devendo-se, para isso, focalizar as características desejadas.

O segundo, é decidir quais são os touros, entre aqueles disponíveis, que mais provavelmente produzirão maior progresso genético no rebanho, a um custo razoável. O impacto causado pela decisão do criador em selecionar um reprodutor determinará a qualidade das vacas do rebanho que estarão em produção daí a três anos.

Geralmente o produtor é orientado a comprar sêmen baseado nas informações contidas nos catálogos de touros e, para obter sucesso, deve adotar algumas regras:

- ♦ dar prioridade às características desejadas a serem selecionadas e dar a importância relativa para cada uma delas. Características de produção

devem ser três a quatro vezes mais importantes do que aquelas de conformação;

- ♦ usar o método do nível independente de seleção ou, preferencialmente, use um índice de seleção, escolhendo o touro baseado nos seus valores de PTA;
- ♦ dar prioridade à capacidade prevista de transmissão. Quanto mais alta, melhor. Usar a confiabilidade para decidir a intensidade de uso do touro selecionado.

4.1 Use a PTA para as decisões de seleção de sêmen de touros provados

De acordo com Wattiaux (1995), para selecionar touros, empregam-se basicamente dois métodos: o nível independente de seleção e o índice de seleção. Embora ambos tenham vantagens e desvantagens, o índice de seleção é preferido pelos geneticistas, em virtude de possibilitar maior avanço genético.

Nos Estados Unidos, a Holstein Association usa o TPI, enquanto no Canadá é usado o LPI, e na Holanda, o INET, para classificar os touros segundo o mérito genético total. Esses índices levam em consideração os valores de gordura, proteína e características de tipo ponderados de acordo com as fórmulas adotadas em cada país citado.

Todavia, alguns criadores preferem utilizar na escolha de um touro a PTA para leite, por exemplo, PTAM = 1.000 libras. Entretanto, isto não significa que as filhas produzirão 1.000 libras de leite a mais do que as outras vacas companheiras de rebanhos. Indica apenas que o touro foi provado pelo teste de progênie e suas filhas tiveram uma média de produção de leite 1.000 libras acima das filhas de touros usados na base genética. Para cada característica considerada em um programa de seleção, existe um valor de PTA. Assim sendo, existe PTAF para gordura, PTAP para proteína, PTAT para tipo, além de outras características de interesse econômico. Recomenda-se, assim, que a escolha do sêmen de um touro seja feita com base do valor da PTA para a característica de interesse ou no TPI, ou índices similares.

4.2 Preço do sêmen

Um dos mais importantes aspectos, na hora de escolher o sêmen, é o seu preço e o número de doses a serem adquiridas de cada touro. Obviamente, quem estipula o preço por dose de sêmen não é o comprador. Todavia, ele tem uma grande influência na comercialização dos produtos e, em geral, no valor que poderia ser pago.

O preço pago pelo sêmen atualmente é um investimento que poderá trazer retorno no futuro. Em geral, o preço do sêmen é baixo quando comparado com o ganho econômico ao longo da vida útil do animal. Os rebanhos com altas taxas de concepção e alta taxa de sobrevivência aumentarão a sua lucratividade.

Após o preço do sêmen, a especificação dos objetivos da seleção é o mais importante meio para aumentar o retorno econômico, em decorrência do investimento em genética. Portanto, os criadores necessitam determinar as fontes e fatores que afetam a renda líquida, de forma criteriosa, e devem antever como esses fatores

podem ser afetados pelas circunstâncias específicas de cada fazenda. Uma cuidadosa venda de excedentes de rebanhos leiteiros, o descarte de vacas, o lucro ou custo associado com o melhoramento de características de tipo levará a uma decisão economicamente consistente sobre o enfoque de seleção, sobre o tipo e produção, escolhendo os touros de acordo com a condição de cada rebanho.

Segundo Blake (1992) e Wattiaux (1995), o preço do sêmen não deve ser o principal critério na escolha de reprodutores. Segundo os autores, uma concepção errônea é pensar que o maior preço reflete a melhor "qualidade" do touro. Frequentemente se imagina que os touros cujos sêmens são vendidos por alto preço sejam excelentes e aqueles de menor preço, menos desejáveis. Esta concepção errônea conduz os produtores a comprar o sêmen mais caro, pensando que seja um bom meio para garantir qualidade ou fixar um limite no preço do sêmen que eles desejam comprar de um touro, pensando que não suportam pagar sêmen muito caro.

Na realidade, o preço do sêmen é baseado simplesmente na disponibilidade e demanda no mercado. Um touro cuja demanda é alta, provavelmente será o seu sêmen mais caro do que aquele de baixa demanda. Estudos realizados indicaram que o preço do sêmen é estipulado pelo mercado, ou seja, se houver grande demanda e pouca produção, o valor sobe. Isto ocorre principalmente quando o estoque é baixo, o touro é famoso, e, por qualquer razão, deixou de produzir sêmen. É o que ocorreu recentemente com o touro *Mandel* (23H0453). O preço por dose de sêmen deste touro aumentou após a sua morte. A popularidade de um touro não pode ser um critério isolado para selecioná-lo ou rejeitá-lo. Algumas vezes, o sêmen do touro mais caro pode ser o mais desejável, e, às vezes, o sêmen mais barato é o mais desejável, dependendo das metas e objetivos do programa de seleção. Os touros devem ser selecionados para atender aos objetivos de seleção do seu rebanho, e não pelo preço do seu sêmen.

Fazendas com boa e sólida taxa de reprodução, sem problemas financeiros podem adotar uma estratégia de seleção que:

- ♦ maximize o ganho genético a longo termo;
- ♦ aceite a possibilidade de pagar alto preço pelo sêmen;
- ♦ inclua um longo período (cinco a dez anos) para recuperar o investimento.

Existem touros com informações equivalentes cujo preço por dose é compatível com a finalidade principal da propriedade. Por exemplo, o produtor de leite geralmente tem critérios diferentes na hora de escolher o sêmen para uso em seus rebanhos em relação a um criador que se preocupa com uma série de detalhes julgados por ele de importância, principalmente no que tange às exposições agropecuárias. Naturalmente, ninguém deseja uma vaca de alta produção que não seja longeva. Para poder pagar as despesas de manutenção e de criação, é necessário que a vaca deixe muitas crias. Vacas com problemas graves de pernas e pés e, principalmente, com falhas de inserção de úbere são usualmente descartadas. Porém, são indesejáveis vacas de baixa produção.

Por outro lado, pouco benefício econômico pode ser derivado de um investimento em genética em fazendas com eficiência reprodutiva baixa, ou quando a situação financeira não é boa e não permita aguardar o retorno a longo termo.

Nesta situação, o ganho genético a longo prazo pode ser menos importante do que melhorar as condições de manejo a curto prazo.

4.3 Regras básicas para a escolha de sêmen de touros provados

O número de touros e a estratégia de selecionar touros podem variar em função do tamanho do rebanho, confiabilidade do touro e da inclinação do fazendeiro de correr riscos, de acordo com diversos autores como pode ser observado em artigos de revisão de Durães (1985, 1997).

O estoque de sêmen em excesso é economicamente desvantajoso, pois representa capital indisponível para outras atividades ou fatores de produção, e, geneticamente prejudicial, em razão do sêmen estocado dos touros escolhidos podem não ser melhor quando novas provas estiverem disponíveis.

Quando touros jovens são selecionados, somente algumas poucas doses de sêmen devem ser adquiridas de cada um deles para limitar o risco. Quando a confiabilidade do touro aumentar, a compra de sêmen do touro poderá ser aumentada, porém não deve ser excessiva, para o seu rebanho não ficar geneticamente defasado.

Os avanços nos procedimentos metodológicos ocorridos nos últimos anos, principalmente após a introdução do modelo animal, possibilitaram a obtenção de estimativas mais confiáveis do valor genético de touros e vacas, pelas seguintes razões:

- ♦ utilização de todas as informações constantes no *pedigree*;
- ♦ avaliação simultânea de vacas e touros;
- ♦ utilização de uma nova base genética;
- ♦ ajustamento para o mérito genético das companheiras de rebanho.

Uma vez que existe sêmen de touros provados de diferentes companhias, se o criador deseja aumentar o ganho genético do seu rebanho, ele deverá adotar alguns critérios para escolha do sêmen. As regras principais são:

- ♦ Usar sempre um grupo de touros provados. É recomendável utilizar um touro para um grupo de 15 a 20 vacas.
- ♦ Selecionar o sêmen dos touros superiores, classificados entre os dez por cento dos melhores disponíveis. Analisar as informações do catálogo "Sire Summaries" ou outro equivalente, como, por exemplo, "Who's Who".
- ♦ Usar sempre sêmen de touros com mais de 70% de confiabilidade. Nos catálogos americanos, esta informação é determinada pelo REL. Nos catálogos de touros oriundos do Canadá e da Holanda, apesar de também adotarem a metodologia do modelo animal, foi mantido o termo REP. Quanto mais alto for a confiança sobre as informações do touro, mais segurança o produtor terá no uso do sêmen.
- ♦ Escolher touros baseados nas informações de produção (leite, gordura e proteína). Verificar as informações complementares de cada touro, antes

de decidir pela compra. Por exemplo, as informações de tipo podem ser valiosas quando se deseja melhorar o rebanho considerando-se os aspectos morfológicos.

- ♦ Utilizar touros jovens ou de aventura genética como se fosse um grupo, de tal maneira que não ultrapasse 15% do total de sêmen comprado.
- ♦ Utilizar esquema de acasalamento corretivo combinando as informações contidas no perfil linear do touro com as informações de classificação das vacas. Colocar um valor mínimo de PTA\$ (capacidade prevista de transmissão em dólares ou diferença prevista em dólares) ou informação equivalente que seja aceitável antes de fazer a compra de sêmen.
- ♦ Analisar o mercado de sêmen e verificar se existe alguma promoção.

Usualmente, a resposta à seleção é máxima quando a pressão de seleção é feita para uma única característica. À medida que aumenta o número de características em um programa de seleção, reduz a resposta à seleção para uma determinada característica. Contudo, freqüentemente, o criador deseja obter o melhoramento simultâneo de diversas características. Diversos países fazem a avaliação de touros e vacas levando-se em conta características múltiplas.

No Canadá, por exemplo, a avaliação genética é feita para cinco características de produção (leite, percentagem e produção de gordura, percentagem e produção de proteína), além de 29 características de conformação e cinco características auxiliares (facilidade ao parto, efeito maternal, velocidade à ordenha, vida produtiva, contagem de células somáticas). Além disso, o número de características pode ser aumentado com os avanços dos procedimentos metodológicos de avaliação genética.

Diante do exposto, ressalta-se que o valor da dose de sêmen é questão de *marketing*, disponibilidade do produto, quantidade, etc.

Seguindo as regras básicas acima descritas, o produtor de leite poderá obter retorno sobre o investimento realizado em sêmen.

5. Use a confiabilidade de um touro para decidir quantas doses de sêmen devem ser compradas

A confiabilidade representa a precisão da avaliação genética. Frequentemente os produtores usam a confiabilidade como critério de seleção de touros, o que não deveria ser feito. Uma vez selecionado o touro, a confiabilidade deve ser usada para decidir sobre o seu uso (quantidade de sêmen a adquirir). Há muitos touros disponíveis a serem escolhidos, rejeitando-se aqueles que apresentam baixa confiabilidade na PTA. Contudo, se usar a confiabilidade como um critério de seleção, possivelmente o ganho genético será limitado. Portanto, não é desejável usar o nível de confiabilidade como critério de seleção.

O valor genético verdadeiro dos touros que apresentam alta confiabilidade (99%) é quase certo; o intervalo de confiança é muito estreito e, provavelmente, não haverá mudança substancial ao longo dos anos. Para alguns produtores isto pode ser importante, pois assegura que a produção das filhas desses touros poderá ser prevista com maior segurança e estará próxima do valor esperado da PTA.

Todavia, alta confiabilidade poderá ser vista por outros produtores como um entrave no uso de alguns reprodutores. Touros jovens apresentam baixa confiabilidade em razão do pequeno número de filhas com registro de produção de leite. Porém, touros com mérito genético elevado são os que estão sendo testados no momento pela progênie. Como, então, se poderá levar vantagem desta superioridade genética, a despeito da incerteza de sua PTA?

Sabe-se que as PTA acompanhadas por uma baixa confiabilidade sofrerão mudanças, mas o que não se pode ser previsto com antecedência é se a PTA subirá ou descera. De fato, quando dois touros têm a mesma PTA, é mais arriscado adquirir uma grande quantidade de sêmen do touro com menor confiabilidade.

Não se recomenda escolher apenas um ou dois touros jovens, e, sim, um grupo de touros jovens, pois os riscos de mudanças cairão acentuadamente, porque quando a PTA de um grupo decrescer, a do outro crescerá. Em outras palavras, a melhor estratégia para minimizar o risco da baixa confiabilidade e ainda assim maximizar o ganho genético potencial é usar sêmen de um grupo de touros jovens. Neste caso, a compra de poucas unidades de sêmen de diferentes touros, ainda com baixa confiabilidade, reduz as chances de ordenhar um grande número de filhas de qualquer touro que descer na prova. Por outro lado, as chances de ordenhar filhas, de qualquer um dos touros que pode subir muito na prova, será maximizada.

É melhor ter dez filhas de dez diferentes touros jovens do que ter dez filhas de qualquer um deles, pois o risco, no primeiro caso, será reduzido.

Por outro lado, o criador deseja uniformidade de produção, ou seja, menor variação. Do ponto de vista do manejo do rebanho, faz sentido obter grupos de animais mais uniformes, visto que a alimentação do grupo fica mais fácil, bem como as operações de ordenha. Neste aspecto, recomenda-se que o criador use um touro para cada grupo de 15 a 20 fêmeas

6. Acasalamento de um touro particular com um grupo de vacas

Muitos criadores são orientados na escolha de sêmen de touros de apenas uma companhia. Alguns técnicos conseguem fazer um trabalho excelente na escolha de sêmen de touros, outros contudo não conseguem escolher os touros mais adequados para inseminar as vacas em alguns rebanhos.

Existem diversos programas de acasalamento que foram delineados para ajustar os pontos fortes de um touro com os pontos fracos de uma vaca, visando melhorar as aptidões gerais da futura geração. Para melhorar um rebanho, o criador deve distinguir entre a seleção de um touro e o acasalamento. A seleção é um dos pontos mais importantes no manejo de um rebanho leiteiro. A maioria dos criadores mantém suas novilhas com o propósito de usá-las como substitutas de suas vacas, e a fonte primária da entrada de uma nova genética no rebanho é por meio dos touros. Após os touros serem selecionados, os acasalamentos individuais podem então ser realizados. O benefício adicional esperado da orientação do acasalamento é questionável, mas com certeza o acasalamento não é prejudicial, quando praticado após a seleção dos touros e o seu principal benefício é reduzir o grau de consangüinidade (Durães, 1997).

7. Considerações finais

Todo programa de seleção é baseado no pressuposto de que os touros disponíveis no mercado contribuirão para a melhoria do rebanho, visto que a transferência de embriões, pelo seu alto custo, ainda não é viável para grande parte dos criadores.

O criador deve definir objetivos de seleção para seu rebanho de tal forma que ele possa obter os melhores resultados. Para tanto, o criador deve eleger as principais características-alvo de um programa de melhoramento.

Em seguida, deve escolher os touros que apresentarem as melhores informações de produção de leite e seus componentes. As informações quanto ao tipo funcional, principalmente características ligadas ao úbere, pernas e pés devem ser eleitas para complementar o plano de acasalamento, ou seja, entre os melhores reprodutores com informação de produção devem ser escolhidos aqueles que possam melhorar a conformação por meio de acasalamento dirigido.

O controle leiteiro é uma boa fonte de informação para adquirir um touro e escolher uma vaca e serve de subsídio na escolha de uma novilha. Todavia, a alta produção de leite demonstra apenas a capacidade produtiva de uma vaca, mas não é um critério suficiente para justificar a escolha do animal e, portanto, não deve ser usado isoladamente.

Devem ser analisadas com muito critério as informações do *pedigree*, de produção e de conformação, contidas nos catálogos de sêmen. Além disso, deve-se verificar o nível de confiabilidade dessas informações. Um *pedigree* com as diversas informações pertinentes ao animal, ao pai e à mãe, e aos demais ascendentes, constitui-se em um poderoso instrumento auxiliar para a escolha de animais.

Além da produção, a escolha de um animal deve ser pautada ainda em informações do exterior do animal. Pouco se ganharia na seleção se este não pudesse deixar uma grande descendência ou se por razões de falhas nos ligamentos do úbere, pernas e pés, o animal tivesse que ser descartado mais cedo, por problemas de conformação.

O preço do sêmen não deve ser critério para escolha ou rejeição de um determinado touro, visto que o preço reflete, em grande parte, a oferta e demanda do produto, e não necessariamente a sua qualidade.

O número de touros a ser usado num rebanho é função do número de fêmeas a serem acasaladas; escolha três touros para cada grupo de 50 vacas.

Convém investir em touros com maior PTA para leite e seus derivados, e tipo funcional, usando preferencialmente um índice que possa maximizar a produção e melhorar a qualidade do rebanho, independentemente do nível de confiabilidade, desde que esta seja superior a 70%. Finalmente, é bom ressaltar que a escolha do sêmen constitui-se na tarefa mais importante em um programa de seleção e o criador colherá os frutos do seu trabalho, em futuro próximo.

Por outro lado, pouco benefício econômico pode ser derivado de um investimento em genética em fazendas com eficiência reprodutiva baixa, ou quando a situação financeira não é boa e não permita aguardar o retorno a longo prazo. Nesta situação, o ganho genético a longo prazo pode ser menos importante do que melhorar as condições de manejo a curto prazo.

8. Bibliografia consultada

BLAKE, R.W. Genetic decisions with current economic indexes. In: VAN HORN, H.H., WILCOX, C.J. *Large dairy herd management*. Gainesville: American Dairy Science Association, 1992. p. 26-35.

DURÃES, M.C. Critérios para escolha de touros provados de raças leiteiras. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GADO LEITEIRO, 1985, Campinas. **Tecnologia da Produção Leiteira**. Campinas: FEALQ, 1985. p.113-147.

DURÃES, M.C. Critérios para a escolha de sêmen de touros provados das raças leiteiras e o seu uso em rebanhos leiteiros. In: *TECNOLOGIA para produção de leite*. Florianópolis: EPAGRI, 1997, 53 p.

PEDIGREE: questions & answers. Brattleboro: Holstein Foundation, (1993). 13 p.

WATTIAUX, M.A. Reproduction and genetic selection. In: *Technical dairy guide*. Madison: University of Wisconsin, 1995. p. 111-145.

"MOET": estratégias de utilização

Marcus Cordeiro Durães¹

Mário Luiz Martinez¹

José Valente¹

1. Introdução

O trabalho dos melhoristas no delineamento de estratégias de seleção, acasalamento e análise da estrutura da população é importante para otimizar o melhoramento genético.

O delineamento de programas de melhoramento para gado leiteiro é limitado por diversos fatores que determinam a sua estrutura tais como: o conhecimento dos parâmetros genéticos, características limitadas pelo sexo e/ou então mensuradas tardiamente durante a vida do animal, taxas de reprodução, consangüinidade, recursos limitados para teste de animais e a logística na condução de programas complexos de melhoramento.

As taxas de progresso genético são limitadas por restrições de natureza biológica que, com os parâmetros genéticos, estruturam os programas de melhoramento para se alcançar o máximo de ganho genético. As taxas anuais de ganho genético em populações artificialmente selecionadas são determinadas por quatro fatores: intensidade de seleção (i), precisão da seleção (r), desvio-padrão genético (σ_g), e intervalo de gerações (L). A maneira de como esses fatores afetam o progresso genético é expresso por uma fórmula bastante conhecida em que o ganho genético por ano é expresso como $\Sigma r i \sigma_g / \Sigma L$.

A identificação e multiplicação de animais geneticamente superiores constitui a forma mais eficiente para se obter o progresso genético, desde que não haja alongamento significativo do intervalo de gerações.

Diante dos avanços dos conhecimentos da fisiologia da reprodução com especial ênfase nos trabalhos de ovulação múltipla e transferência de embriões (MOET), fertilização *in vitro* e clonagem, tornou-se possível nos últimos anos obter progresso significativo em melhoramento genético animal explorando com mais eficiência a capacidade reprodutiva de uma vaca geneticamente superior.

O teste MOET vem sendo desenvolvido em diversos países do mundo. Para a sua realização deve-se levar em conta dois aspectos: as técnicas de coleta e transferência de embriões e a identificação de animais geneticamente superiores.

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – dcm075@cnpqgl.embrapa.br; martinez@cnpqgl.embrapa.br; jvalente@cnpqgl.embrapa.br

A influência desta tecnologia sobre a melhoria genética de rebanhos tem sido obtida principalmente pela identificação de *pedigrees* de vacas doadoras e multiplicação de seus descendentes, tornando-se ainda mais promissora quando os valores comerciais dos descendentes justificam os custos extras na produção e transferência de embriões (T.E.). Utilizando esta tecnologia, tem sido possível a transferência de material genético de vacas de alta produção entre rebanhos e entre países, viabilizando, desta forma, a obtenção de produtos de alta qualidade genética nos países emergentes.

O sucesso do teste MOET depende portanto, de boas técnicas de reprodução e precisão na avaliação genética de animais. Em razão disso, a utilização do esquema MOET para o melhoramento de rebanhos leiteiros tem sido apontado como uma solução mais viável do que o teste de progênie (TP) devido a sua melhor eficiência operacional.

Entretanto, para a realização do MOET devem ser tomadas algumas precauções, especialmente quanto ao controle da consangüinidade em virtude da redução do intervalo de gerações, número reduzido de touros e dispersão genética que podem elevar a margem de risco e afetar os resultados teoricamente esperados.

Por meio de MOET tornou-se possível o aumento do número de famílias de irmãos completos ao ponto de as informações dos parentes colaterais (irmãos completos e meio-irmãos) poderem contribuir significativamente na previsão do valor do mérito genético de um animal, com as informações da mãe. Além disso, no caso da seleção de uma fêmea, usualmente, utilizam-se as informações dela própria.

As vacas doadoras podem produzir grandes famílias de irmãos e irmãs completas. Isto permite que os touros sejam avaliados pelo desempenho de suas irmãs, reduzindo, portanto, o intervalo de gerações, e, por conseguinte, disponibilizando sêmens de touros provados em menor espaço de tempo, a baixo custo e não havendo necessidade de avaliar muitos touros pelo teste de progênie, mas somente aqueles que possuem uma boa indicação de qualidade superior selecionados previamente pelo teste MOET.

2. Aplicação do MOET em nível global

Com o uso da tecnologia MOET, programas de melhoramento podem ser delineados para atender aos requerimentos específicos de um país ou região. Os programas podem ser integrados aos TP existentes ou podem ser operacionalizados como núcleos independentes. Isto significa que a tecnologia MOET pode ser empregada em um núcleo formado por rebanho único. Portanto, os programas MOET podem ser adaptados às condições locais para rebanhos leiteiros nos trópicos.

Nos esquemas de melhoramento de rebanhos leiteiros, geralmente os TP são de difícil execução em países em desenvolvimento por existirem poucas vacas sob o serviço de controle leiteiro, poucas vacas inseminadas, longos intervalos de gerações e outros problemas estruturais. Com o MOET esses problemas são menores, pois os touros são selecionados na base do desempenho de suas irmãs completas ou meio-irmãs com substancial redução dos intervalos de gerações. Portanto, a utilização do MOET permite a obtenção mais rápida do ganho genético, pois touros jovens podem ser avaliados em menos tempo (quatro anos ou menos), levando-se

em conta as informações de produção de suas irmãs, "sibling test", em contraste ao TP que leva cerca de sete anos. Essa é a grande vantagem do teste MOET em relação ao TP.

O esquema MOET iniciou na Dinamarca em 1985, na Inglaterra em 1986, na França em 1987, na Alemanha em 1988, na Holanda em 1989, e na Itália em 1993. O número de doadoras trabalhadas variou de 20, na Alemanha a 40 na França. A estrutura dos núcleos MOET varia de país para país. Isto pode ser visto na Tabela 1.

Tabela 1. Esquema MOET empregado na Europa.

	Dinamarca	Inglaterra	França	Alemanha	Holanda	Itália
Início	1985	1986	1987	1988	1989	1993/96
Doadoras por ano	20 - 30	32	40	20	25	20-30/30
Embriões por ano	500	500	800	500	1000	500/500
Estrutura dos núcleos	Aberto Centralizado	Aberto Centralizado	Aberto Dispersos	Aberto, Semi- dispersos	Aberto Centralizado	Aberto, Semi- dispersos
Proprietários	Público	Particular	Cooperativas de I.A.	Particular	Centrais de I.A.	Cooperativas de I.A.
Seleção	Produção, Alimentação, Eficiência, Saúde	Produção, Alimentação, Eficiência, Tipo	Produção, Tipo	Produção, Tipo, Sistema mamário	Produção, Alimentação, Eficiência	Produção, Saúde, Tipo
Fonte de doadoras	Dinamarca	Global *	Global*	Alemanha	Global*	Global*

* Os embriões das doadoras são procedentes de diferentes países.

Lohuis (1993) mostrou diversas estratégias organizacionais para melhorar a eficiência reprodutiva e obter resposta genética de teste de progênie em programas de melhoramento genético de gado de leite. A Figura 1 mostra esquema de organização para operacionalizar um programa MOET e Teste de Progênie envolvendo os núcleos juvenil e adulto, centrais de coleta e transferência de embriões, rebanhos comerciais, teste de progênie etc.

No esquema adulto, as fêmeas são selecionadas após o término da primeira lactação e da mesma forma que os machos levam em conta as informações de suas irmãs completas, meio-irmãs e as mães e suas próprias produções. No esquema juvenil, os animais são selecionados antes da primeira concepção, levando-se em conta todas as informações de sua família. Nos esquemas juvenis, as doadoras de embriões são selecionadas aos 13 meses de idade levando em conta as informações das famílias; nos esquemas adultos, a seleção das doadoras é feita aos 34 meses baseado nas informações da família e registros da sua produção. As fêmeas, em ambos esquemas, são então acasaladas com touros de idade similares, que são selecionados como descritos no esquema juvenil adicionando as informações dos primeiros registros de produção das irmãs completas e meio-irmãs, utilizados nos esquemas MOET adulto. Esses autores demonstraram que este modo de seleção permite a obtenção de 30 a 50% a mais na taxa de ganho genético em relação aos esquemas convencionais. Os esquemas juvenis permitem ganho genético superior

ao obtido nos esquemas MOET adulto. Entretanto, a taxa de consangüinidade e variação ao acaso são maiores, especialmente nos esquemas juvenis.

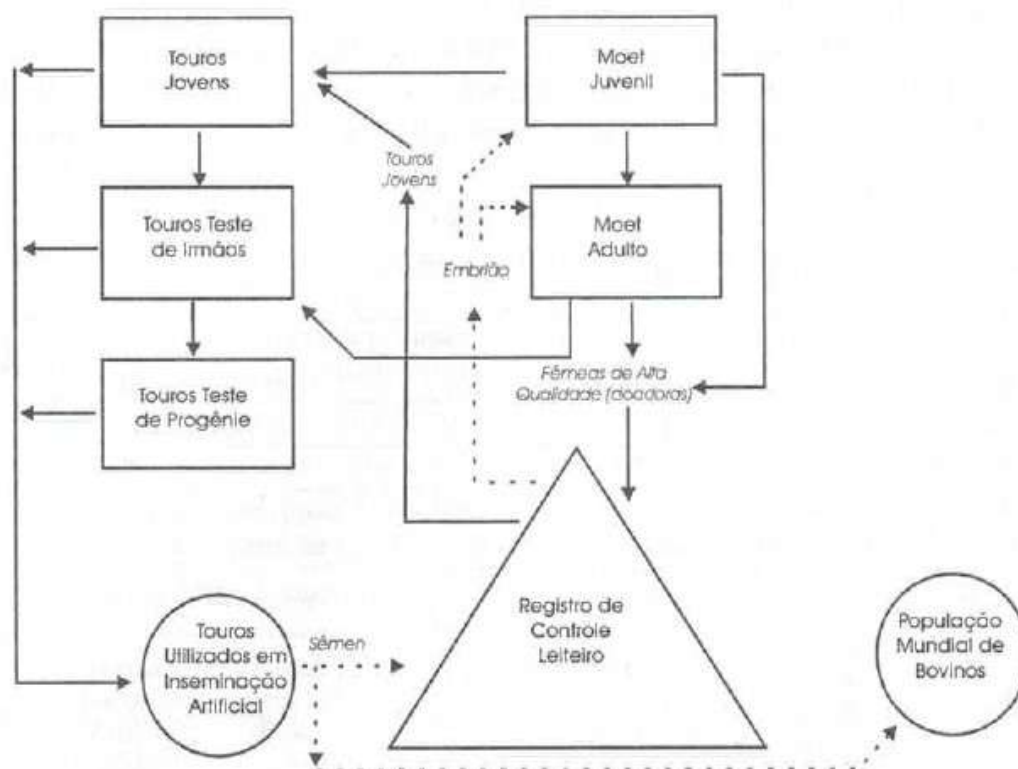


Figura 1. Esquema integrado de avaliação de animais pelo teste de progênie e MOET, segundo anotações do curso sobre MOET (Lohuis, 1996).

Existem dois esquemas principais que utilizam o MOET: o esquema de núcleo proposto por Nicholas e Smith (1983) e um esquema híbrido descrito por Colleau (1986). Ambos foram revistos por Ruane (1988).

Esses programas podem ser desenvolvidos em núcleos fechados ou abertos, podendo ainda ser centralizados ou dispersos. Portanto, existem quatro possibilidades de organização dos núcleos MOET: centralizado e fechado, centralizado e aberto, dispersos fechados e dispersos abertos.

Esses esquemas são adotados tanto intensivamente quanto extensivamente. A aplicação do esquema MOET intensivamente resulta em maiores custos, necessitando para isso melhor controle do ambiente e melhor técnica para obtenção de produtos. Contudo, pode-se controlar um maior número de características com menor margem de erro e vícios e, portanto, o ganho genético aproxima-se do teoricamente possível de ser alcançado.

A aplicação extensiva necessita de menores investimentos em construções, equipamentos e mão-de-obra. Pode ser tão efetivo quanto o procedimento anterior se o local contar com boa infra-estrutura. A principal vantagem resulta na menor interação entre genótipo e ambiente, além de reduzir a margem de risco quanto a saúde e não apresentar limitação quanto ao tamanho da operação.

O programa GENUS na Inglaterra, iniciado em 1987, de acordo com McGuirk (1997), foi baseado em 250 vacas Holandesas e estabelecido pela transferência de embriões importados dos Estados Unidos. Posteriormente, foi implementado um

núcleo MOET aberto. Os resultados baseados na primeira lactação, em relação às vacas nascidas em 1990, indicou que o rebanho MOET apresentou uma superioridade de 3.474 kg de leite e 122 kg de gordura e 128 kg de proteína. Em 1996, 68 touros com o prefixo MOET já haviam sido testados pela progênie e 24 deles selecionados pelo valor de suas famílias foram denominados MOET *masters*. Esses touros apresentaram uma superioridade de 539 kg de leite, 19,6 kg de gordura e 15,8 kg de proteína em relação aos demais.

Penna (2000) vem realizando, no Brasil, estudo de núcleo MOET para o melhoramento da raça Guzerá e afirma que essa estratégia é uma importante opção para melhoramento de animais no País. A autora alegou que a eficiência do MOET aplicado à raça Guzerá foi similar aos resultados obtidos em raças européias. Concluindo, informou que a logística de uma estação central de MOET tem sido eficiente e demonstrou ser apropriada às condições brasileiras, enfatizando, todavia, a necessidade de identificar com precisão os animais geneticamente superiores. Na Índia vem sendo conduzidos diversos estudos com zebu e búfalos, empregando a metodologia MOET. Estudo de simulação realizado por Gaur e Raheja (1996) informaram que o número de animais nos núcleos para otimizar o ganho genético seria em torno de 5% da população-base. A maior taxa de aumento na média do mérito genético dos animais nos rebanhos, considerando a produção de leite, foi obtida quando a proporção de 25% de animais migraram do núcleo para a população-base. Em virtude da taxa limitada de reprodução dos animais nos núcleos, torna-se muito importante o aprimoramento das técnicas de coleta e transferência de embriões.

Schrooten et al. (1993) argumentaram que o ganho genético anual aumentou em 5,4% quando MOET foi usado com vacas selecionadas do *top* da população com o objetivo de produzirem fêmeas de reposição. Além disso, quando o número de touros reduziu de oito para quatro, houve um acréscimo de 28% de ganho genético anual. A redução do ganho genético, em virtude de viés dos registros de produção das vacas superiores, variou de 4,6 a 15,4%.

Nicholas e Smith (1983) sugeriram a utilização de uma estrutura hierárquica em que o esquema MOET foi usado em um rebanho de um núcleo elite para produzir touros para uso nas populações em geral. Esses autores analisaram dois tipos de núcleo MOET: esquema adulto e esquema juvenil.

O ganho genético máximo anual foi maior nos esquemas MOET adulto em relação aos esquemas juvenis ou TP. Todavia, a taxa de consangüinidade foi maior nos esquemas MOET comparado ao observado com a utilização dos testes de progênie. As vantagens dos esquemas MOET adulto e juvenil em relação ao TP não são afetadas ao longo dos anos, mas são mais altos quando há um maior número de fêmeas doadoras.

3. Tamanho da população: número efetivo de indivíduos

O conhecimento da genealogia dos animais permite os acasalamentos entre indivíduos não aparentados, evitando-se o aumento da consangüinidade que ocorre pelo acasalamento de indivíduos parentes.

Nos esquemas de melhoramento, o controle da consangüinidade é mais importante do que aumentar a taxa de reprodução para se obter maior ganho genético.

A taxa anual de consangüinidade é afetada pelo número de parentes selecionados por geração, intervalo de geração e grau de relacionamento entre parentes. Os dois últimos fatores são mais importantes no aumento da taxa de consangüinidade e causam um acréscimo de cerca de 0,2% por ano nos testes de progênie e de 1 a 2% nos esquemas MOET juvenil e adulto. Isto pode se tornar prejudicial para características produtivas e reprodutivas. Além disso, reduz a variância genética dentro de família e, portanto, a resposta à seleção nas gerações futuras. Quando a consangüinidade é o fator limitante, os métodos de melhoramento devem focalizar o ganho genético máximo restringindo o efeito da consangüinidade.

Considerando os programas de melhoramento em núcleos, de acordo com Dekkers (1992), há diversos métodos para limitar a consangüinidade, tais como: a) aumento do tamanho do programa, pela inclusão de animais externos, b) estabelecimento de diversos núcleos fechados com cruzamentos intermitentes de linhagens e c) restrição na seleção de parentes, d) redução da freqüência da seleção quando feita por faixa de idade, e) redução da ênfase das informações de famílias como critérios de seleção, f) evitar o acasalamento de animais aparentados e g) utilizar delineamentos fatoriais.

Uma breve recapitulação dos fundamentos de genética de população pode melhor esclarecer este problema.

Os indivíduos são homozigóticos para um determinado locus gênico sob duas condições: (1) os alelos podem ser idênticos em estado, isto é, provierem de genes diferentes e, portanto, ambos não derivam do genótipo do mesmo ancestral e (2) os genes homólogos são idênticos por descendência, ambos possuem origem comum, derivam de um mesmo gene presente no genótipo do ancestral comum aos pais do indivíduo consangüíneo.

Quando a homozigose é conseqüência de genes idênticos em estado, diz-se que o indivíduo é alozigótico e, quando resulta de genes idênticos por descendência, diz-se que é autozigótico. Os acasalamentos consangüíneos aumentam a fração da homozigosidade decorrente da autozigose, portanto dois parentes possuem maior chance de terem em comum genes idênticos por descendência. Quando se fazem acasalamentos de indivíduos consangüíneos, a proporção de indivíduos heterozigóticos decresce a cada geração, enquanto a fração dos homozigóticos cresce.

A preocupação para se evitar o aumento da consangüinidade obriga o controle do tamanho da população, ou seja, o número de animais que compõem a população básica.

Considerando que a população parental seja constituída de N indivíduos, haverá nos diferentes loci $2N$ genes, dos quais alguns, pela formação ao acaso dos gametas, podem aparecer maior número de vezes que outros. Por esta razão, os indivíduos da geração F_1 provavelmente apresentarão entre si certo grau de semelhança gênica. Este processo ao longo de gerações conduzirá muitos loci à homozigose. Por conseguinte, em populações numericamente finitas, mesmo na ausência de acasalamentos consangüíneos, haverá redução da heterozigose média. Considerando-se um par de alelos, a probabilidade de dois gametas portarem genes idênticos é de $1/2N$ e de que eles sejam diferentes é de $1 - 1/2N$. Considerando essa relação, pode-se afirmar que as probabilidades dos genes serem idênticos são 1 e R_{t-1} , respectivamente (R_{t-1} = coeficiente de parentesco médio da geração prévia). Isto ocorre porque os dois alelos em questão foram retirados do conjunto

gênico da geração parental ao acaso e, como nesta geração os acasalamentos são pan-míticos (aleatórios), a probabilidade dos dois alelos serem iguais é a mesma deles formarem um zigoto. Portanto: $F_t = 1/2N + (1 - 1/2N) R_{t-1}$. (Esta expressão indica que a heterozigosidade média da população decresce por geração do valor de $1/2N$).

Se a população na geração $t - 1$ for constituída de N_m machos e N_f fêmeas, que se acasalam para formarem N zigotos, a contribuição genética de ambos os sexos para a próxima geração é igual. Portanto, a probabilidade de dois genes, em indivíduos diferentes da geração t , serem derivados de um macho da geração $t - 1$ é de $1/4$ e deles provirem do mesmo macho é de $1/4 N_m$ ocorrendo as mesmas probabilidades com relação às fêmeas. Desta forma a probabilidade total de que dois genes da geração t tenham origem no mesmo indivíduo da população $t - 1$ é:

$$1/N_e = 1/4 N_m + 1/4 N_f$$

em que: N_e = número efetivo da população no $t - 1$.

Quando as proporções de machos e fêmeas da população forem iguais, os números atual e efetivo são os mesmos, isto é, $N_m = N_f = N/2$ ou $N_e = N$.

A variância da frequência gênica pode crescer se os reprodutores utilizados apresentarem frequências gênicas diferentes da média da população.

A proporção de heterozigosidade é dada por $(1/8 N_m + 1/8 N_f)$ do valor esperado, com base na frequência gênica inicial, e a redução da heterozigosidade, em consequência da "endogamia não-intencional" é obtida por:

$$\Delta H = (1/8 N_m + 1/8 N_f)$$

em que:

ΔH = redução da heterozigosidade por geração

N_m = número de machos em reprodução

N_f = número de fêmeas em reprodução

4. Núcleos MOET x teste de progênie

Na avaliação de touros pelo teste de progênie, é necessário contar com eficiente serviço nacional de controle leiteiro, o que seria, então, dispensável na avaliação MOET. Por meio desta tecnologia, a seleção pode ser direcionada para melhorar a capacidade produtiva e eficiência econômica sob as condições locais.

No esquema híbrido, tanto a informação paterna quanto a materna (meio-irmãs, meio-irmãos, irmãos completos, irmãs completas, e suas mães) são levadas em conta na seleção dos indivíduos que participam do programa MOET. Deste modo, os intervalos de geração no esquema adulto é cerca de 3,75 anos e no juvenil, 2,75 anos, um pouco mais elevados em relação ao descrito inicialmente por Nicholas e Smith (1983). As fêmeas são selecionadas pelo *pedigree* e

desempenho da primeira lactação, enquanto os machos são selecionados em uma idade mais jovem com base na informação da família, da mesma forma como as fêmeas foram inicialmente selecionadas.

Por exemplo, para estabelecer um núcleo MOET, selecionam-se quatro touros e sessenta e quatro vacas (doadoras). Usualmente, o número de touros do núcleo MOET é igual ao número de pais de touros selecionados nos testes de progênie e, portanto, a qualidade genética é igual. Embora o número de fêmeas constituintes do núcleo é muito menor do que o número de vacas utilizadas para produzir tourinhos para os testes de progênie, a capacidade de seleção genética pode ser considerada como igual. Contudo, deve-se evitar seleção de vacas fortemente relacionadas.

As respostas são calculadas com 64 doadoras selecionadas produzindo 4, 8 ou 16 animais que serão avaliadas e usadas na próxima geração.

Com quatro candidatas por doadora, a correlação entre o valor verdadeiro e o esperado para animais jovens, machos adultos e fêmeas adultas é 0,42, 0,54 e 0,64, respectivamente. Quando o número de progênie por doadora aumenta de quatro para 16, a correlação aumenta em torno de 10%. Admitindo uma taxa de sobrevivência de 50% do embrião até à idade de seleção, o número total de embriões transferidos é 512, 1.024 e 2.048, respectivamente. Considerando a razão de sexo de 50%, a proporção de fêmeas selecionadas entre esses animais é 1/2, 1/4 e 1/8, respectivamente. Para se reduzir a consangüinidade, somente um macho por grupo de irmãos completos é selecionado. Quando uma taxa de acasalamentos de 16 fêmeas por touro é usada, a proporção de grupo de irmãos completos selecionados, dos quais um macho é escolhido aleatoriamente, é 4/64.

A intensidade de seleção para os esquemas do núcleo MOET e teste de progênie é calculada sob a pressuposição de uma população de tamanho infinita e candidatos não relacionados pelo parentesco. Se o tamanho da população é finita, a intensidade de seleção seria reduzida levemente. Por exemplo, nos esquemas MOET adulto, com oito progênie por doadora, a intensidade de seleção dos machos e fêmeas, respectivamente, seria reduzida de 1,968 e 1,271 para 1,911 e 1,252. A redução correspondente na resposta anual de todos os esquemas seria bem pequena (2%) e de quase igual magnitude para os esquemas de núcleos e teste de progênie.

5. Ilustração do emprego do TP associado ao esquema MOET

Esquema de teste de progênie convencional, considerando-se inicialmente a idade do touro, é mostrado na Tabela 2. O intervalo de gerações, neste caso, é igual a 6,5 anos e a estimativa do valor genético (EBV) é baseada nos registros de 50 filhas que concluíram a primeira lactação.

Para a avaliação do teste de progênie, deve-se considerar as diversas trilhas, ou seja, as passagens entre as gerações. Isto será mostrado para diversas condições.

Há dois aspectos de importância na avaliação do progresso genético. O mais importante, do ponto de vista prático, é verificar se avaliação genética estima com segurança o que foi previsto. Obviamente, se a correlação entre o que foi previsto e o acontecido for baixa, não se justifica sua recomendação aos criadores. A forma mais simples de demonstrar isto é verificar se a produção de leite de um animal corresponde ao que foi predito para ela. Diversas metodologias já foram

desenvolvidas para estimar os componentes de variância e co-variância, visando à obtenção de estimativas mais confiáveis dos valores preditos.

Tabela 2. Teste de progênie convencional

Idade em meses	Atividades
0 - 1	Nascimento de bezerro macho
15 - 18	Coleta de sêmen e acasalamentos
19	Confirmação de 170 prenhezês; necessita de 50 filhas para o teste
28	Nascimento esperado da primeira fêmea
43	Acasalamentos das filhas
52	Partos das filhas
62	Encerramento da primeira lactação
68	Resultados do teste de todas as progênies
-	Acasalamento envolvendo os machos selecionados
77	Nascimento da primeira progênie de um touro provado
Intervalo de gerações para os machos em torno de seis anos e meio	

Essas metodologias desenvolvidas e aprimoradas ao longo dos anos permitiram a identificação de touros avaliados pelo teste de progênie, resultando em aumento do ganho genético e conseqüente aumento da capacidade produtiva do gado de leite.

6. Avaliação de um animal por trilha de um *pedigree*

Robertson e Rendel (1950) descreveram as quatro fontes de ganho genético e a importância relativa dessas fontes no melhoramento do gado leiteiro.

Seguindo a metodologia descrita por esses autores, serão apresentados a seguir alguns aspectos considerados nos processos de seleção. O *pedigree* da Figura 2 mostra as quatro trilhas que une o animal com os seus ancestrais.

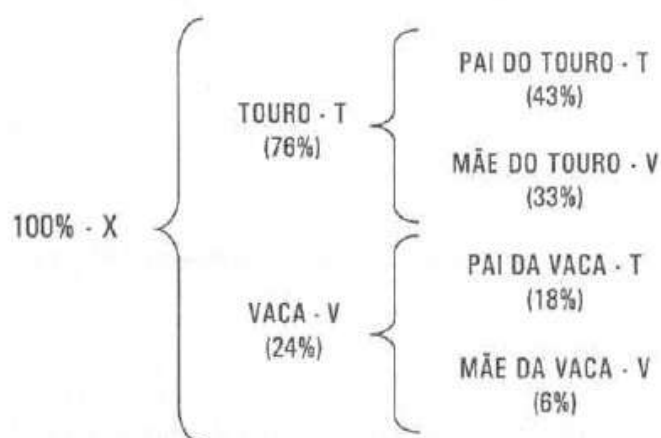


Figura 2. Ilustração de um *pedigree* de um animal mostrando as quatro trilhas.

6.1. Sem o controle de sexo, teste de progênie com trilha T - T e T - V (touro pai de touro e touro pai de vaca)

T - T (touro pai de touro)

Estágio um

Escolha de 3% do top da população. A intensidade de seleção calculada é igual a 2,27 com precisão $r = 0,55$ e variância genética $\sigma_g = 1.000$ e intervalo de gerações $L = 7$ (anos).

Portanto, o ganho genético por geração, $\Delta G = (2,27) (0,55) (1.000) = 1.248$

Estágio dois

Escolha de 3% superior envolvendo 50 filhas. A intensidade de seleção calculada é igual a 2,27. Então $\sigma_g = (0,78) (1.000)^2)^{1/2} = 882$ com precisão $r = 0,85$ e intervalo de gerações $L = 7$ anos.

Portanto, $\Delta G = (2,27) (0,85) (882) = 1.701$

T - V (touro pai de vaca)

Estágio um

Top 3% $i = 2,27$ $\sigma_g = 1.000$ $L = 7$

$\Delta G = (2,27) (0,55) (1.000) = 1.248$

Estágio dois

Top 25% 50 filhas $i = 1,27$ $r = 0,85$ $g = 882$

$\Delta G = (1,27) (0,85) (882) = 952$

V - T (vaca mãe de touro)

Top 3% $i = 2,27$ $h = 0,2$ $Re = 0,40$ 3 registros $r = 0,58$ $L = 5$ $\sigma_g = 1.000$

$\Delta G = (2,27) (0,58) (1.000) = 1.317$

V - V (vaca mãe de vaca)

Top 8,7% $i = 0,24$ 1,5 registros $r = 0,53$ $L = 3,5$ $\sigma_g = 1.000$

$\Delta G = (0,24) (0,53) (1.000) = 127$

Ou seja, o ganho genético alcançado pode ser expresso na seguinte fórmula:

$\Delta G = 2.949/7 + 2.200/7 + 1.317/5 + 127/3,5 = 6.593/22,5 = 293$

No estágio dois a precisão aumenta devido à existência da progênie, porém a variabilidade é reduzida, uma vez que ela é representada por animais selecionados do estágio um e não da população como um todo.

6.2 Controle do sexo, teste de progênie representado pelas trilhas T - T e T - V

T - T (Touro pai de touro)

Estágio 1

Top 3% $i = 2,27$ $r = 0,55$ $\sigma_g = 1.000$ $L = 7$

$(2,27) (0,55) (1.000) = 1.248$

Estágio 2

$$\text{Top } 3\% \quad i = 2,27 \quad r = 0,85 \quad \sigma_g = 882$$

$$\Delta G = (2,27)(0,85)(882) = 1.701$$

T - V (Touro pai de vaca)

Estágio 1

$$\text{Top } 3\% \quad i = 2,27 \quad r = 0,55 \quad \sigma_g = 1.000 \quad L = 7$$

$$(2,27)(0,55)(1.000) = 1.248$$

Estágio 2

$$\text{Top } 15\% \quad i = 1,56 \quad r = 0,85 \quad \sigma_g = 882$$

$$\Delta G = (1,56)(0,85)(882) = 1.170$$

V - T (Vaca mãe de touro)

$$\text{Top } 1,5\% \text{ 3 registros} \quad i = 2,54 \quad r = 0,58 \quad \sigma_g = 1.000 \quad L = 5$$

$$\Delta G = (2,54)(0,58)(1.000) = 1.473$$

V - V (Vaca mãe de vaca)

$$\text{Top } 44\% \quad i = 0,89 \text{ 1,5 registros} \quad R = 0,5 \quad \sigma_g = 1.000 \quad L = 3,5$$

$$\Delta G = (0,89)(0,5)(1.000) = 445$$

Ganho genético anual

$$\Delta G = \frac{2949}{7} + \frac{2418}{7} + \frac{1473}{5} + \frac{445}{3,5} = \frac{7285}{22,5} = 324$$

7. MOET juvenil (A) levando-se em conta cinco fêmeas por doadora

Considerando-se inicialmente a idade da doadora:

- ♦ Aos 13 meses a fêmea é selecionada pelo *pedigree* e aos 14 meses realizam-se a coleta e a transferência de embriões MOET (idade à puberdade);
- ♦ Aos 23 meses a progênie MOET nasce;
- ♦ Aos 33 meses é concluída a primeira lactação;
- ♦ Aos 36 meses a progênie é selecionada pelo MOET com base nos registros de produção.

O intervalo de gerações neste esquema é igual a 1,9 ano e a estimativa do valor genético leva em conta as informações da mãe, das irmãs completas e meio-irmãs.

8. Esquema MOET juvenil (B) levando-se em conta 15 fêmeas por doadora

Considerando-se inicialmente a idade da doadora:

- ♦ Aos 13 meses a fêmea é selecionada pelo *pedigree*;
- ♦ Aos 18 meses realiza-se a última superovulação e transferência de embriões;
- ♦ Aos 27 meses a primeira progênie MOET nasce;
- ♦ Aos 37 meses a primeira lactação é encerrada;
- ♦ Aos 41 meses a progênie MOET é selecionada com base nas informações do registro de produção de leite.

O intervalo de gerações neste esquema é igual a 2,3 anos e a estimativa do valor genético leva em conta as informações da mãe, das irmãs completas e meio-irmãs.

Os resultados esperados pela aplicação de esquemas MOET juvenil podem ser vistos na Tabela 3.

No esquema A, o intervalo de 1,9 ano e no B, 2,3 anos, ou seja, uma redução de quatro meses. Todavia, apesar de aumentar o intervalo de gerações, o esquema B possibilita uma produção maior de embriões, o que pode aumentar a precisão na estimativa do mérito genético.

9. Esquema MOET adulto (A) levando-se em conta um registro de produção por doadora

Considerando-se inicialmente a idade da doadora:

- ♦ Aos 24 meses a primeira progênie nasce;
- ♦ Aos 34 meses a primeira lactação é encerrada;
- ♦ Aos 36 meses a doadora é selecionada com base no primeiro registro de produção;
- ♦ Aos 45 meses a progênie MOET nasce.

O intervalo de gerações neste esquema é igual a 3,75 anos e a estimativa do valor genético leva em conta as informações da doadora, mãe das irmãs completas e meio-irmãs paternas.

10. Esquema MOET adulto (A) levando-se em conta dois registros de produção por doadora

Considerando-se inicialmente a idade da doadora

- ♦ Aos 24 meses a primeira progênie nasce;

- ♦ Aos 34 meses a primeira lactação é encerrada;
- ♦ Aos 36 meses a doadora é selecionada com base no primeiro registro de produção;
- ♦ Aos 41 meses, a doadora é selecionada, com base na produção da primeira lactação e estimativa da produção da segunda lactação;
- ♦ Aos 51 meses, a progênie MOET nasce.

O intervalo de gerações neste esquema é igual a 4,3 anos e a estimativa do valor genético leva em conta as informações da doadora, mãe das irmãs completas e meio-irmãs paternas.

Uma representação de um esquema juvenil é apresentada na Tabela 3.

Uma análise desta tabela permite inferir que o esquema MOET juvenil, adotando-se dois esquemas de coleta de embriões, A e B, haverá redução no intervalo de gerações.

Tabela 3. Esquema juvenil da aplicação do teste MOET.

A		B	
Meses		Meses	
1	Nascimento	1	Nascimento
13	Seleção pelo <i>pedigree</i>	13	Seleção pelo <i>pedigree</i>
14	Super ovulação e ET	14	Super-ovulação e ET
		18	Última super-ovulação e ET
23	Nascimento da progênie MOET	27	Nascimento da progênie MOET
33	Encerramento da 1.ª lactação	37	Encerramento da 1.ª lactação
36	Seleção da progênie para MOET	41	Seleção da progênie para MOET
37	Acasalamento da progênie MOET	42	Acasalamento da progênie MOET
46	Nascimento da progênie MOET	51	Nascimento da progênie MOET
Intervalo de gerações			
1,9 ano		2,3 anos	

11. Núcleos fechados e núcleos abertos

A aplicação do teste de progênie convencional demanda que as vacas mães de touros tenham pelo menos uma lactação encerrada e, normalmente, o intervalo de gerações é mais elevado. No teste de progênie moderno, as vacas elites não necessitam concluir uma lactação, sendo escolhidas pelo seu *pedigree* e os touros pelas informações de sua progênie. A combinação do TP com núcleo MOET é conduzida de forma similar ao TP moderno, a exceção é que os touros elite (pais de touros) também podem ser selecionados com base nos seus índices de *pedigree* com substancial redução do intervalo de gerações. Isto é feito para atender às exigências dos rebanhos comerciais que exigem maior acurácia na escolha de touros pelo emprego do teste de progênie, considerando que os controles leiteiros de rebanhos comerciais e dos núcleos são igualmente confiáveis.

Os acasalamentos entre touros e vacas elites constituem os acasalamentos contratados utilizados nos testes de progênie. Os touros elites são aqueles provados

cujos sêmens estão disponíveis nas Centrais de Inseminação, enquanto as vacas elites são selecionadas da população. Os filhos e filhas oriundos desses acasalamentos contratados têm maior chance de ser geneticamente superiores comparados àquelas vacas tiradas ao acaso da população comercial e, portanto, esses produtos teoricamente têm maior chance de ser animais elites.

Quando o MOET é usado o número de vacas elites é menor em virtude de maior escrutínio na sua seleção. Desse modo, as vacas elites selecionadas são na maioria filhas de acasalamentos contratados e elas permanecem em um rebanho núcleo. Em um esquema MOET de núcleo fechado, todas as vacas elites vêm de um rebanho núcleo, enquanto em um programa de núcleo aberto vacas comerciais também podem ser selecionadas como vacas elites.

O intervalo de gerações das vacas elites em um núcleo MOET, em razão da intensidade de coleta e transferência de embriões, é mais curto em relação às do teste de progênie, daí a sua grande vantagem para acelerar o ganho genético.

A baixa acurácia na seleção é compensada, portanto, pelo menor intervalo de gerações. As respostas à seleção esperadas nos núcleos MOET são mais altas. Todavia, as variâncias das respostas à seleção são mais elevadas pelos seguintes fatores:

- ♦ Os animais são selecionados mais freqüentemente em virtude dos menores intervalos de gerações. A cada nova seleção, resposta de seleção e variância da resposta de seleção são criados.
- ♦ Os animais jovens são selecionados pelos *pedigrees* e animais aparentados, principalmente irmãos completos podem ser selecionados com maior freqüência aumentando a chance de aumentar a taxa de endogamia. Isto causa maior variância da resposta à seleção.
- ♦ Seleção dentro de um único núcleo fechado tem maior probabilidade de aumentar a taxa de endogamia e alta variância da resposta à seleção.

A alta variância da resposta à seleção não é desejável em virtude da existência de uma relação entre variância e endogamia, o que pode significar maiores riscos de ganhos genéticos, ou seja, resultados de amplitude de variação maior.

11.1 Núcleo fechado

O núcleo fechado pode ser ilustrado por meio de um esquema como mostrado na Figura 3.

No esquema MOET fechado, as melhores vacas doadoras são retiradas dos rebanhos núcleos e não da população comercial, ou seja, depende do estoque inicial e qualidade das matrizes mantidas no núcleo. Isto significa que os valores genéticos não precisam ser comparados entre rebanhos, não sendo aplicável, portanto, para as raças com pouca utilização da I.A. Todo progresso genético é obtido dentro do núcleo.

Em estudo comparativo de testes de progênie, núcleos MOET aberto e fechado e combinação entre teste de progênie e núcleos MOET, feito por Meuwissen (2000), concluiu-se que, no núcleo MOET fechado, a resposta à seleção aumenta. Isto ocorre porque para alcançar alto mérito genético, as vacas elites não precisam

ser selecionadas tão intensamente quanto as melhores vacas comerciais. Porém, a variância da progênie é mais alta, o que possibilita maiores chances de seleção.

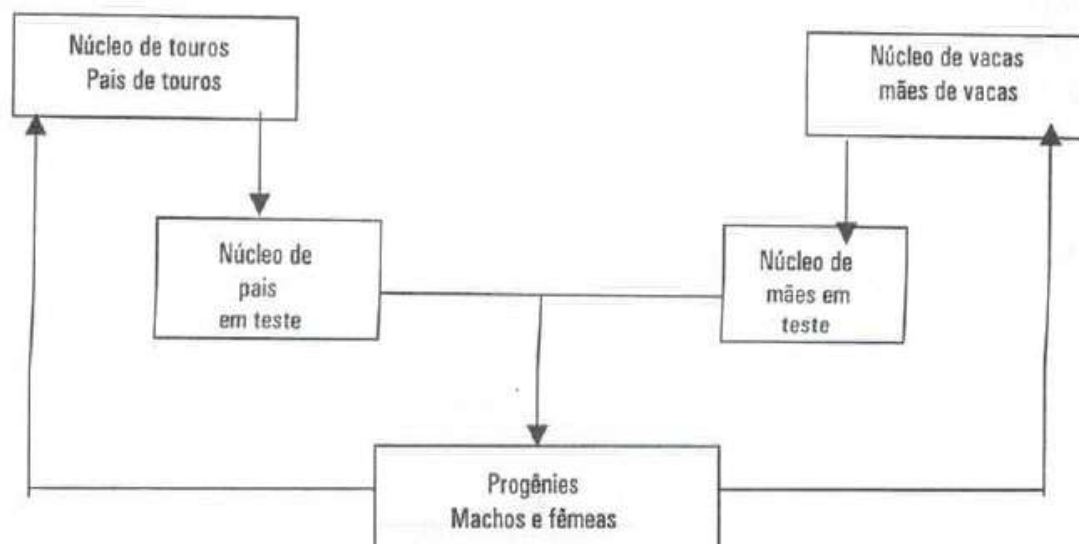


Figura 3. Esquema de núcleo fechado.

Na Tabela 4 apresentada por Meuwissen (2000), a resposta à seleção é maior (119 kg) para o núcleo fechado comparado com os outros critérios adotados para intensificar o melhoramento genético animal. Todavia, a variabilidade também é mais elevada com o núcleo fechado como mostra o alto desvio-padrão (59 kg) da resposta à seleção.

Contudo, aplicando-se a teoria da utilidade desenvolvida por Meuwissen (2000), em que o Teste de Progênie convencional obteve valor zero, pode ser visto na Tabela 4 que o núcleo aberto apresentou maior valor, 23, comparado aos demais critérios avaliados, em virtude do alto ganho genético e da baixa variância do ganho genético.

Tabela 4. Resposta de seleção (kg/ano), desvio-padrão (DP) da resposta de seleção (kg/ano) utilidade e fração de vacas elites selecionadas do núcleo.

Itens	Fração do núcleo	Resposta de seleção	DP da resposta de seleção	Utilidade
TP convencional	9	96	7	0
TP moderno	97	105	13	14
Combinação TP/núcleo	100	117	48	22
Núcleo aberto	31	114	32	23*
Núcleo fechado	100	119	59	20

Fonte: Meuwissen (2000).

11.2 Núcleo aberto

Este tipo de núcleo combina o TP com os Núcleos, porém os touros não são submetidos ao TP. Os touros usados nos rebanhos comerciais são selecionados

com base nos índices de seleção e o intervalo de geração é cerca de dois anos. As vacas elites provêm de núcleos e de rebanhos comerciais. O alojamento das vacas elites em núcleos centralizados ou dispersos é feito de forma arbitrária ou pela conveniência dos organizadores.

O núcleo aberto pode ser ilustrado por meio de um esquema como mostrado na Figura 4.

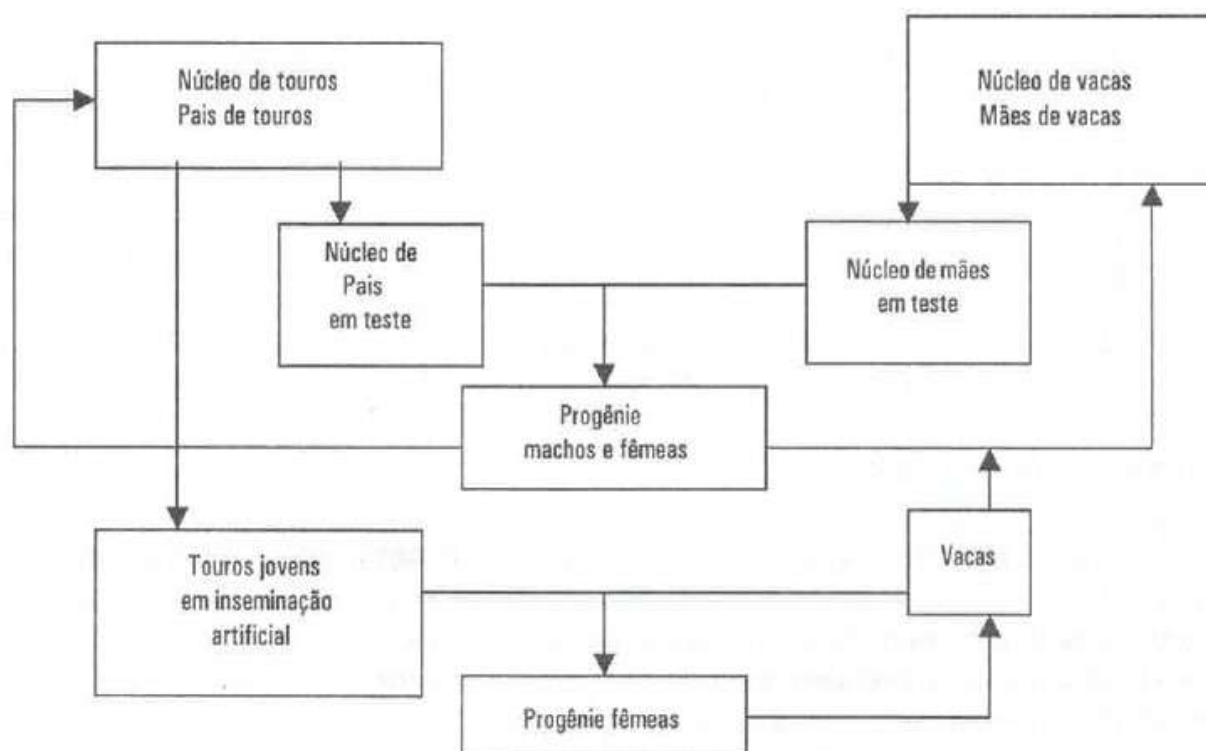


Figura 4. Esquema de núcleo aberto.

A utilização de núcleos abertos à comparação é feita entre rebanhos com o emprego de inseminação artificial em vacas de diversos rebanhos, com registros dos *pedigrees* e do desempenho produtivo dos animais.

Dekkers (1992) comparou os núcleos fechados e abertos e alegou que os estudos realizados indicaram maior benefício para o núcleo aberto pelo lado do macho, visto poder-se selecionar touros dentro e fora do núcleo. Porém, este autor ressalta que não há, praticamente, nenhum benefício, considerando o lado da fêmea oriunda de rebanhos comerciais. Uma das causas advém de viés causado na estimativa do valor genético da mãe do touro. Mesmo que não haja viés, o ganho genético é muito pequeno, variando de 1 a 3% como descrito por Colleau (1986). O pequeno ganho genético para os núcleos abertos resultam da seleção prévia sobre as estimativas de variância e precisão. Os núcleos abertos geralmente resultam em 7,5% menor taxa de ganho, a despeito de substancial diferencial de seleção genética entre fêmeas em virtude da redução da variância genética porque ocorre um aumento da intensidade e precisão da seleção. Isto causa um decréscimo na precisão no núcleo e no diferencial de seleção dos machos.

Os núcleos fechados de teste de progênie e esquema MOET puderam ser otimizados utilizando diferentes números de touros e fêmeas de primeira lactação.

O ganho genético ajustado e taxa de consangüinidade foram combinados, em planejamento a longo prazo para comparar os diferentes esquemas.

Uma das alternativas viável para o Brasil seria a que combinasse o esquema MOET, aberto e centralizado, pois permitiria a entrada de touros jovens e simultaneamente, com maior controle operacional das atividades. Esta foi a opção adotada por Penna (2000) para a raça Guzerá.

12. Bibliografia consultada

COLLEAU, J.J. Genetic improvement by embryo transfer within an open selection nucleus in dairy cattle. Proc. 3rd. World Congr. Genetic Appl. Livestock Production. Lincoln, NE, 12: 127-135, 1986.

DEKKERS, J.C.M. Structure of breeding programs to capitalize on reproductive technology for genetic improvement. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 75, n. 10, pág. 2880-2891, 1992.

GAUR, G.K.; RAHEJA, K.L. Simulations studies on open nucleus breeding scheme in dairy cattle. *Indian Journal of Veterinary Research*, New Dely, v. 5, n. 1, pag. 12-20, 1996.

LOHUIS, M.M. Strategies to improve efficiency and genetic response of progeny test programs in dairy cattle. Dissertação de doutorado. 151 p., 1993.

McGUIRK, B.J. The genus MOET breeding programme. *Cattle Practice*, v. 5, n. 3, pág. 263-265, 1997.

MEUWISSEN, T.H.E. Impacto de novas técnicas reprodutivas no progresso genético e seus riscos. In: *ARQUIVOS da Faculdade de Veterinária da UFRGS. XV REUNIÃO REUNIÃO ANUAL. RESORT Pousada do Rio Quente-GO, 24-27 DE AGOSTO DE 2000. Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões. Pág. 158-166, 2000.*

NICHOLAS, F.W.; SMITH, C. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. *Animal Production*, Edinburgh, v. 36, p. 341-353, 1983.

PENNA, V.M. O núcleo moet de melhoramento da raça Guzerá. In: *ARQUIVOS da Faculdade de Veterinária da UFRGS. XV REUNIÃO REUNIÃO ANUAL. RESORT Pousada do Rio Quente-GO, 24-27 DE AGOSTO DE 2000. Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões. Pág. 167-174, 2000.*

ROBERTSON, A.; RENDEL, J.M. The use of progeny testing with artificial insemination in dairy cattle. *Journal of Genetics*, v. 50, n. 1, p. 21-31, 1950.

RUANE, J. Review of the use of embryo transfer in the genetic improvement of dairy cattle. *Animal Breeding Abstracts*, v. 56, p. 437-445, 1988.

SCHROOTEN, C.; STEVERINK, M.H.A.; VAN ARENDONK, J.A.M. Stochastic simulation of dairy cattle nucleus breeding schemes: influence of breeding strategy and biased breeding values in the population. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 110, n. 4, pág. 268-280, 1993.

Marcadores moleculares: fundamentos e aplicações

Marco Antonio Machado¹
Mário Luiz Martinez^{1, 2}

1. Introdução

O melhoramento genético depende da habilidade de se identificarem os indivíduos possuidores de combinações alélicas favoráveis. A seleção usualmente é baseada no fenótipo, que, muitas vezes, é de difícil mensuração (ex.: resistência a doenças e adaptabilidade) ou não se expressa no indivíduo (ex.: produção de leite em machos). Para a maioria dos caracteres de interesse econômico, o fenótipo não retrata fielmente o genótipo de um indivíduo, pois a variação genética é poligênica e a expressão gênica é altamente influenciada pelo meio ambiente. Esses caracteres são denominados quantitativos e os locos que controlam a sua expressão são denominados QTLs (*Quantitative Trait Loci*). A maneira tradicional para a avaliação de caracteres quantitativos é basear-se na análise da variância genética em vez de investigar os próprios genes.

Uma maneira de se melhorar a eficiência da seleção é a utilização de métodos que são baseados no fato de que cada indivíduo compartilha parte de sua variabilidade genética com os seus parentes próximos. Portanto, a expressão do fenótipo de uma característica em um parente pode fornecer informações sobre o genótipo do indivíduo avaliado. Alguns métodos de melhoramento utilizam esta metodologia: seleção pela genealogia (*pedigree*), seleção pela família e seleção pela progênie (Falconer, 1989). Vários procedimentos estatísticos são utilizados para extrair ao máximo a informação genética a partir do fenótipo de um indivíduo e de seus parentes próximos (Wiggans et al., 1998).

O melhoramento genético tradicional utiliza o teste de touros, que é realizado por meio da avaliação de suas progênies. Touros jovens são selecionados e utilizados para inseminação, constituindo-se, assim, a próxima geração. Este processo leva no mínimo cinco anos para se obter um touro geneticamente testado e o ganho genético para produção de leite está em torno de 1% ao ano (Verneque et al., 1998). Se a informação genética for acessada mais diretamente, em nível do

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite – Juiz de Fora, MG – machado@cnpqgl.embrapa.br; martinez@cnpqgl.embrapa.br

² Bolsista do CNPq.

genótipo, o ganho genético pode ser aumentado. Na última década, várias tecnologias foram desenvolvidas para análise de genes e da variação genética em nível molecular que, aliadas à grande capacidade computacional para análise de dados, trazem uma nova perspectiva em relação ao progresso genético em programas de melhoramento animal.

O acesso direto à informação genética é feito por meio da manipulação molecular do ácido desoxirribonucleico (DNA). O DNA é encontrado em todas as células do animal e possui todas as informações necessárias para gerar um novo indivíduo. O DNA é responsável pela transmissão das características hereditárias dos progenitores para sua progênie e é organizado em estruturas chamadas cromossomos. As subunidades que compõem o DNA são denominadas nucleotídeos e as ligações entre eles constituem a sequência do DNA. Define-se como gene uma sequência de DNA que vai ser expressa numa proteína que, por sua vez, vai influenciar na constituição de um determinado fenótipo. Um mesmo gene pode apresentar diferentes formas, pequenas variações na sequência do DNA, que são denominadas alelos. Um animal selecionado possui "melhores" alelos para uma determinada característica se comparado a outros animais não-selecionados. As modernas técnicas da genética molecular permitem o desenvolvimento de mapas genéticos e a identificação de marcadores para genes controlando locos de caracteres quantitativos (QTLs). O marcador genético de DNA é uma técnica que permite detectar diferenças na sequência do DNA, possibilitando a seleção indireta para genes de interesse no melhoramento. A identificação de marcadores próximos a um determinado gene, com grande efeito numa característica quantitativa, permite acelerar o melhoramento para essa característica, pois não será mais necessário gastar tempo e esforços para avaliar fenotipicamente a população inteira. O ganho genético para características de difícil mensuração, baixa herdabilidade e limitadas pelo sexo poderá ser aumentado com a utilização de marcadores genéticos no auxílio à seleção.

2. Marcadores genéticos

Os primeiros marcadores moleculares utilizados foram as isoenzimas, que são variantes de uma proteína detectada por diferenças na migração eletroforética em géis de amido. A técnica de isoenzimas tem a vantagem de ser barata, no entanto não possui polimorfismo suficiente para estudos de mapeamentos mais detalhados.

As modernas técnicas utilizadas para manipular o DNA são mais indicadas para o desenvolvimento de marcadores, devido aos seguintes fatores:

- ♦ Vários marcadores baseados em DNA são codominantes, permitindo identificar cada alelo independentemente, o que possibilita uma determinação precisa do genótipo para um dado marcador, permitindo distinguir os animais heterozigotos dos homozigotos.
- ♦ A tecnologia do DNA é rápida e precisa. Exames de paternidade em humanos são rotineiramente realizados em todo o mundo utilizando marcadores de DNA (Sprecher et al., 1996). Análise molecular para a susceptibilidade à deficiência de adesão de leucócitos em bovinos (Kehrli

et al., 1992) e à síndrome do estresse suíno (Fujii et al., 1991) já são análises de rotina para eliminação de animais com estes problemas.

- ♦ Marcadores de DNA são bastante precisos. A expressão de um marcador de DNA é de 100%, pois não depende da expressão de nenhum outro gene.
- ♦ Existe uma alta variabilidade nas seqüências do DNA. O abundante polimorfismo do DNA pode ser detectado com inúmeras técnicas existentes.
- ♦ Os testes genéticos utilizando a tecnologia do DNA podem ser realizados bem no início da vida do animal. A seleção baseada nos testes genéticos permite o descarte de um animal ainda jovem, evitando o custo de manutenção de um animal de baixo mérito genético por vários anos.

Várias técnicas para avaliar a variação genética ao nível de DNA foram desenvolvidas. A Tabela 1 contém as características de cada técnica, trazendo as vantagens e desvantagens de cada método.

Tabela 1. Características das principais técnicas de mapeamento genético utilizadas na detecção da variabilidade ao nível de DNA em animais.

Técnica	Fundamento	Vantagens	Desvantagens
RFLP	Enzimas de restrição e hibridizações	- Não requer informação de seqüência - Grandes regiões do DNA podem ser analisadas - Técnica codominante	- Demorada, pois utiliza hibridizações - Necessita de grandes quantidades de DNA - Muito trabalhosa e reagentes muito caros
PCR-RFLP	Enzimas de restrição e PCR	- Rápida, não requer hibridizações - Várias enzimas podem ser utilizadas para polimorfismo - Requer pouco DNA	- Requer informação de seqüência - A mutação tem que ser detectada pela digestão com enzimas de restrição
RAPD	PCR	- Rápida, não requer hibridizações - Análise de baixo custo - Técnica de simples execução	- Marcador dominante: perde-se informação genética - Baixa reprodutibilidade: sensível às condições da PCR
ALP	Enzimas de restrição e PCR	- Altamente polimórfica - Não requer informação de seqüência - Boa reprodutibilidade	- Marcador dominante: perde-se informação genética - Técnica cara e patenteada - Requer laboratórios bem equipados
Microsatélites	PCR	- Rápida, não requer hibridizações - Bastante polimórfica - Altamente alélica - Técnica codominante	- Requer informação de seqüência - Análise demanda habilidade técnica
SSCP	PCR	- Rápida, não requer hibridizações - Técnica bem sensível: revela pequenas diferenças na seqüência do DNA - Não requer enzimas de restrição para a detecção da variabilidade	- Requer informação de seqüência - Demorada - Analisa apenas fragmentos de 150 a 250 pb.

2.1 RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*)

A técnica baseia-se na digestão do DNA com várias enzimas de restrição, que cortam o DNA em regiões específicas denominadas sítios de restrição. O DNA digerido é submetido a um campo elétrico em que os fragmentos são separados pelo tamanho. Após a eletroforese, os fragmentos de DNA são transferidos para uma membrana. A diferença no tamanho dos fragmentos é detectada pelo uso de sondas marcadas que possuem complementaridade com regiões específicas de alguns fragmentos. O polimorfismo obtido é devido a inserções, deleções e mutações de ponto. Cada sonda de RFLP geralmente marca um único loco, sendo os alelos codominantes, pois indivíduos homozigotos podem ser distinguidos dos indivíduos heterozigotos (Botstein et al., 1980). Uma característica interessante da técnica de RFLP é que ela detecta regiões de cópia simples do genoma e, quando utiliza clones de DNA como sonda, permite a inclusão de genes de potencial interesse no conjunto de marcadores.

2.2 PCR-RFLP (*Polymerase Chain Reaction - Restriction Fragment Length Polymorphism*)

Esta técnica utiliza a síntese "*in vitro*" de um segmento de DNA pela reação em cadeia da polimerase (PCR) (Mullis e Fallona, 1987). A reação de PCR possibilita a amplificação de seqüências específicas de DNA que podem ser visualizadas diretamente. A reação se baseia na capacidade da enzima *Taq* DNA polimerase em sintetizar uma nova fita de DNA, a partir de pequenas seqüências de DNA (*primers*), utilizando uma fita simples de DNA como molde. A enzima *Taq* DNA polimerase é termoestável, permanecendo funcional após o passo de desnaturação do DNA (94°C), necessária para separar as duas fitas da molécula. A estabilidade da enzima permite a automação dos passos de desnaturação, ligação dos *primers* e extensão da cadeia, que é realizada por meio de um equipamento denominado termociclador de temperaturas. A Figura 1 detalha os passos da amplificação do DNA pela PCR.

A técnica de PCR-RFLP utiliza a informação da seqüência do DNA de um gene candidato ou de uma outra seqüência qualquer, para desenhar *primers* que serão utilizados na amplificação do DNA pela PCR. Se a seqüência utilizada for de um gene, a região utilizada para a construção dos *primers* é geralmente de íntrons, que são seqüências não-utilizadas para a tradução protéica, e que portanto apresentam alta freqüência de polimorfismos na seqüência do DNA. Uma vez sintetizados os *primers* específicos, a seqüência-alvo é amplificada pela reação de PCR. O DNA amplificado é digerido com várias enzimas de restrição, visando detectar possíveis mutações de ponto na seqüência do DNA. Após a digestão, os produtos são carregados em géis de agarose e visualizados sob luz ultravioleta. Esta técnica é mais simples do que a técnica de RFLP porque não são necessárias grandes quantidades de DNA e não envolve hibridizações, que são muito trabalhosas e demoradas. Apesar da praticidade, esta técnica é pouco polimórfica e requer o conhecimento da seqüência do DNA para sintetizar os *primers*.

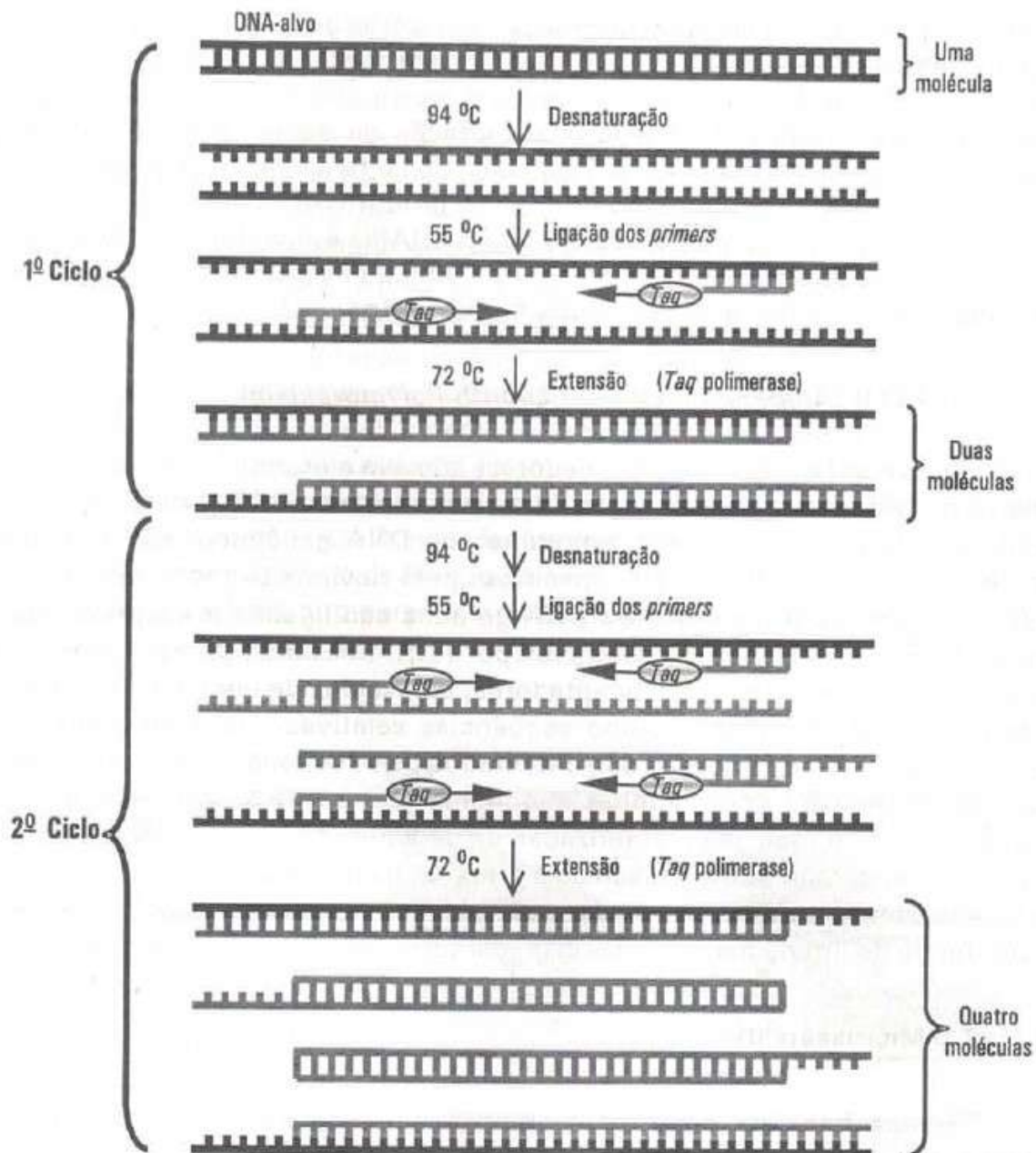


Figura 1. Amplificação *in vitro* do DNA pela técnica da reação em cadeia da polimerase (PCR). No passo de desnaturação, a temperatura de 94°C provoca a separação das duas fitas do DNA-alvo. O próximo passo é a ligação dos *primers*, em que a temperatura é específica para cada *primer*. Para a maioria das reações, a temperatura fica em torno de 55°C. Na fase de extensão, a temperatura ótima para a enzima *Taq* polimerase realizar a síntese da cadeia de DNA é de 72°C.

2.3 RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Esta técnica baseia-se na modificação da técnica original da reação em cadeia da polimerase. São utilizados pequenos *primers* de dez pares de base (pb) que vão se ligar em regiões homólogas e aleatórias no DNA-alvo. A amplificação ocorre quando dois *primers* estiverem flanqueando um segmento de DNA, em direção oposta e distanciados de 500 a 2.000 pb, o que possibilita a síntese deste segmento pela *Taq* DNA polimerase. Repetidos ciclos de desnaturação do DNA-alvo, anelamento

dos *primers* e síntese da cadeia produzem os fragmentos de DNA que são visualizados em gel de agarose (Williams et al., 1990; Welsh e Mc Lelland, 1990). O polimorfismo ocorre quando a distância entre os *primers* é muito grande, o sítio de ligação do *primer* não está presente ou sofreu uma mutação de ponto. A técnica de RAPD amplifica vários locos em cada reação, dependendo do tamanho do genoma estudado. Em bovinos, são visualizados cerca de cinco produtos de DNA, em média, para cada *primer*. Outra característica da técnica de RAPD é que a quantidade de DNA necessária é muito pequena. No entanto, a técnica não permite a distinção entre indivíduos heterozigotos dos indivíduos homozigotos.

2.4 AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*)

É uma classe recente de marcadores, que alia a especificidade dos sítios de restrição do RFLP com a praticidade da amplificação do PCR (Vos et al., 1995). A técnica baseia-se na digestão simultânea do DNA genômico com enzimas de restrição tais como *EcoRI* e *TaqI*, específicas para bovinos (Ajmone-marsan et al., 1997). A seguir, os fragmentos de DNA gerados são ligados a adaptadores, aos sítios de *EcoRI* e de *TaqI*, e amplificados por PCR, utilizando *primers* que contêm seqüências complementares aos adaptadores, acrescidos de um a três nucleotídeos arbitrários na extremidade 3' como seqüências seletivas. Os polimorfismos dos fragmentos de DNA amplificados são detectados pelo fracionamento destes em géis de seqüenciamento. Esta técnica é considerada a mais polimórfica, sendo extremamente poderosa na caracterização de genomas e no mapeamento genético. O polimorfismo gerado por esta técnica é preferencialmente dominante, no entanto, se realizada com bastante precisão, é possível identificar os indivíduos heterozigotos, pela diferença de intensidade das bandas, caracterizando-se codominante.

2.5 Microssatélites

Técnica baseada em PCR, bastante utilizada no desenvolvimento de marcadores de DNA para mapeamento genético (Hearne et al., 1992). A técnica se baseia na amplificação de regiões do DNA contendo seqüências repetidas simples denominadas microssatélites, por exemplo, poly (TG), poly (AT), poly (CAC), etc. (Band e Ron, 1994; Ma et al., 1996). São utilizados *primers* especialmente construídos para a ligação em regiões que flanqueiam os microssatélites. O polimorfismo se baseia no número de seqüências repetidas presentes em cada indivíduo. A Figura 2 detalha como é detectado o polimorfismo do DNA pela técnica de microssatélites. Esta técnica é bastante polimórfica e altamente alélica, possibilitando a comparação de mapas de ligação entre diferentes espécies ou raças. Uma vez que o comprimento das seqüências repetidas é detectado, esta técnica permite a detecção de cada um dos alelos dos indivíduos heterozigotos, sendo portanto uma técnica codominante.

2.6 SSCP (*Single Stranded Conformation Polymorphism*)

Esta técnica está sendo utilizada em bovinos para estudos de associações entre genes candidatos e características de interesse econômico (Lagziel et al., 1996).

É uma técnica baseada em PCR e baseia-se no fato de que seqüências de DNA do mesmo tamanho, mas com pequenas variações na seqüência de nucleotídeos, vão migrar diferentemente numa eletroforese em gel desnaturante (Orita et al., 1989). É uma técnica bastante sensível para a detecção de mutações de ponto que podem ser utilizadas na técnica de PCR-RFLP, sendo detectadas com enzimas de restrição. O produto da amplificação por PCR é especialmente desenhado para atingir de 150 a 250 pb, que é o tamanho ótimo para a detecção de mutações. Uma alíquota da amplificação é retirada, aquecida a 94°C para a separação das duas fitas, e carregada num gel desnaturante de poliacrilamida. A eletroforese é realizada por cerca de 18 horas e a coloração do gel pode ser realizada com nitrato de prata ou pode-se utilizar marcação radioativa dos fragmentos com detecção em filme de raio-x. O polimorfismo é detectado pela diferença na migração das bandas de DNA entre os animais, e os alelos são passíveis de serem identificados. Esta técnica possibilita a detecção de mutações de ponto na seqüência do DNA sem a necessidade da digestão com enzimas de restrição. As dificuldades inerentes a esta técnica são a necessidade do conhecimento da seqüência do DNA, para a construção dos *primers*, e a padronização das condições de laboratório para uma identificação eficiente dos polimorfismos.

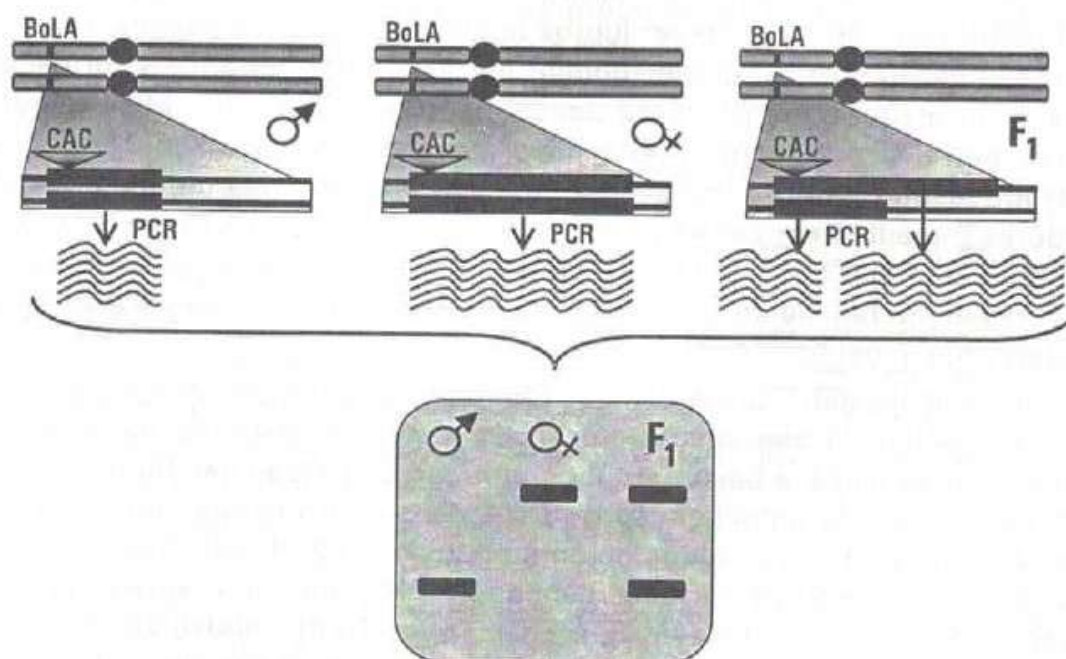


Figura 2. Esquema mostrando como um polimorfismo dentro da seqüência do gene do antígeno do linfócito bovino (BoLA) é revelado pela técnica de microssatélites. São sintetizados dois *primers* visando à amplificação por PCR da região contendo o microssatélite. O número de repetições do microssatélite, que cada indivíduo possui, vai influenciar no tamanho do fragmento de DNA amplificado pela PCR. Essa diferença é detectada por meio de uma eletroforese em gel de alta resolução, revelando os diferentes alelos do gene estudado.

3. Mapas genéticos

A falta de um número satisfatório de marcadores impossibilitou a construção de mapas genéticos detalhados por muito tempo. O advento das técnicas moleculares permitiu a geração de marcadores de DNA em um número quase ilimitado, o que permitiu o início de uma nova era na construção de mapas genéticos. Estes mapas mostram a ordem dos locos ao longo do cromossomo e a distância relativa entre eles, sendo informações fundamentais no estudo de caracteres de importância econômica.

O material genético do bovino está organizado em 30 pares de cromossomos, sendo 29 autossomais e um sexual. Mais de 2.000 marcadores, na sua grande maioria microssatélites, já foram identificados e mapeados. A densidade média de marcadores representa um intervalo médio entre dois marcadores, de 1 a 2 cM (Haley, 1999).

3.1 Princípio básico do mapeamento genético

Os mapas genéticos são construídos pela observação dos padrões de segregação dos marcadores na progênie derivada do cruzamento de dois animais progenitores. Se os marcadores estão localizados num mesmo cromossomo, normalmente eles vão permanecer juntos no mesmo grupo de ligação. No entanto, os marcadores, dentro do grupo, podem ser separados durante a formação dos gametas, por meio de um processo denominado recombinação. Marcadores mais distantes entre si possibilitam uma maior taxa de recombinação entre eles se comparado a marcadores mais próximos. A taxa de recombinação entre os marcadores é medida em centimorgans, sendo 1 cM $\approx$ 1% de recombinação, para valores menores que 5%, e é calculada pelo acompanhamento da segregação dos marcadores numa família de animais que apresentam segregação para os alelos dos marcadores em questão.

As relações entre os marcadores são determinadas pelos princípios da ligação gênica. A análise da segregação dos marcadores de DNA na progênie de um cruzamento genético é a base para a construção de mapas genéticos. A Figura 3 mostra um padrão de amplificação de DNA de quatro marcadores (A, B, C e D) obtidos a partir de dez indivíduos de uma população F2 (1-10). Cada indivíduo da população F2 pode apresentar duas bandas de DNA (uma inferior e uma superior) para cada um dos marcadores (A, B, C e D). O padrão de bandas de DNA, de cada marcador, é comparado com um outro marcador, em relação a todos os dez indivíduos da população F2. Pela comparação dos marcadores A e B, pode-se notar que três indivíduos (1, 3, e 5) apresentam diferenças entre as bandas. O indivíduo um apresenta apenas a banda inferior para o marcador A enquanto, para o marcador B, apresenta duas bandas (primeira diferença entre A e B). O indivíduo três apresenta apenas a banda superior para o marcador A enquanto, para o marcador B, apresenta apenas a banda inferior (segunda diferença entre A e B). O indivíduo cinco apresenta apenas a banda inferior para o marcador A enquanto, para o marcador B, apresenta apenas a banda superior (terceira diferença entre A e B). Portanto, entre os marcadores A e B, foram encontradas três diferenças nos dez indivíduos da população F2. Seguindo o mesmo raciocínio, entre os marcadores A e D, dois indivíduos (3 e 5) apresentam diferenças entre as bandas. Entre os marcadores B e D, apenas um

indivíduo (1) apresenta diferença entre as bandas. O padrão de bandas do marcador C é bastante diferente dos demais marcadores. O marcador C apresenta oito diferenças em relação a A, dez diferenças em relação a B e nove diferenças em relação a D. Pode-se dizer que o marcador C não está ligado aos marcadores A, B e D. Muito provavelmente, o marcador C está localizado em um outro grupo de ligação. Os marcadores A, B e D apresentam poucas diferenças entre si, indicando que estão localizados num mesmo grupo de ligação. Na parte inferior esquerda da Figura 3, está a matriz de diferenças, nos padrões de DNA, para os marcadores A, B, C e D. A ordem dos marcadores, dentro do grupo de ligação, é determinada pela comparação das diferenças entre os marcadores. Entre os marcadores A e B são encontradas três diferenças, entre os marcadores A e D são encontradas duas diferenças e entre os marcadores D e B, é encontrada apenas uma diferença. Portanto, conclui-se que o marcador D está localizado entre os marcadores A e B (três diferenças), mais perto de B (uma diferença) do que de A (duas diferenças). Na parte inferior direita da Figura 1, está representado o grupo de ligação com os marcadores A, B e D, com as diferenças expressas em forma de distância, obtida pela divisão das diferenças entre as bandas pelo número total de indivíduos (10).

Os mapas de ligação são construídos pela extrapolação desta análise para centenas ou mesmo milhares de marcadores, avaliando o padrão de segregação destes em uma população segregante. Para lidar com um grande número de marcadores, foram desenvolvidos vários programas computacionais, tais como: Mapmaker, Joinmap, MapManager, Qgene etc.

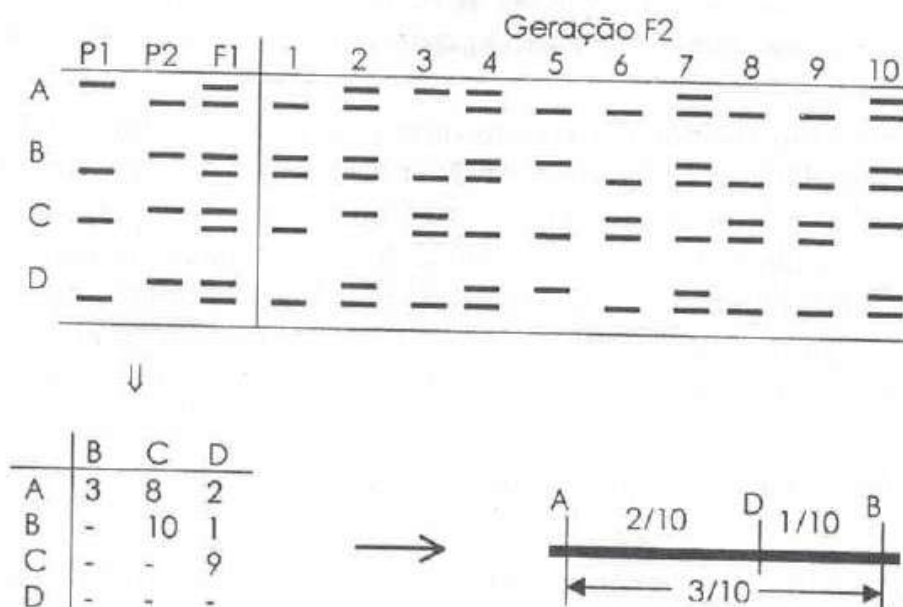


Figura 3. Princípio básico da construção de mapas genéticos utilizando marcadores de DNA. Os padrões genéticos da população segregante são transformados numa matriz de diferenças genéticas, de acordo com as diferenças entre os marcadores para os indivíduos da F2. Pela distância de A – D; A – B e B – D, determina-se a ordem dos marcadores no grupo de ligação. O marcador C apresentou uma distância muito grande em relação aos marcadores A, D e B, localizando-se, portanto, num outro grupo de ligação.

3.2 População utilizada

Para a construção de mapas genéticos, é necessário que exista uma população segregante para o máximo de características possíveis, e para isso é fundamental que os progenitores das famílias apresentem o máximo de heterozigosidade. Normalmente, os progenitores são indivíduos híbridos oriundos de cruzamento entre raças puras, bastante divergentes geneticamente, como *Bos taurus* (gado europeu) e *Bos indicus* (gado Zebu). Outro fator importante é o tamanho da população segregante, que deve ser o maior possível para possibilitar a presença do maior número de combinações genéticas possíveis. Por essa razão, o conjunto de famílias utilizadas para o mapeamento do genoma bovino é constituído por um grande número de famílias de irmãos completos, produzidas por múltiplas ovulações com transferência de embriões (MOET) (Bishop et al., 1994; Kappes et al., 1997).

3.3 Distância genética e frequência de recombinação

As distâncias no mapa genético são obtidas pela análise da frequência de recombinação entre os marcadores que é a probabilidade da ocorrência de quebras e reunião de fragmentos de DNA (*crossovers*) entre os marcadores. Se as distâncias fossem aditivas, a inclusão de novos marcadores não implicaria mudança abrupta das distâncias obtidas. As frequências de recombinação não são aditivas devido à interferência, ou seja, a ocorrência de um *crossover* afeta a ocorrência de outros em regiões adjacentes.

Algumas funções foram desenvolvidas para predizer o número de *crossovers* a partir da frequência de recombinação observada. A mais simples função, desenvolvida por Haldane (1919), considera que os *crossovers* ocorrem aleatoriamente e independentemente ao longo do cromossomo, ou seja, sem nenhuma interferência. Outra função, utilizada pela maioria dos melhoristas, foi desenvolvida por Kosambi (1944), que considera um certo nível de interferência. As distâncias no mapa são expressas em unidades de Morgans ou como centimorgans (cM).

3.4 Distância genética e distância física

Não existe uma relação universal entre a distância genética e a distância física real entre dois locos. A frequência de recombinação é influenciada por uma série de fatores genéticos e ambientais. Um centimorgan pode corresponder de 10.000 a 1.000.000 de pares de base (10 kb a 1.000 kb) dependendo da espécie. Mesmo dentro do mesmo cromossomo, existe uma grande variação entre cM e pares de base. Nos centrômeros e telômeros, os *crossovers* são raros, o que provoca um aumento do número de pares de base por cM. A necessidade da determinação da distância física entre os locos é de fundamental importância para a clonagem de genes baseada em mapa (*map-based cloning*).

3.5 Relação entre marcadores de DNA e mapas citogenéticos

Uma vez construído o mapa de ligação com marcadores moleculares de DNA, este deve ser correlacionado com o mapa citogenético ou cariótipo cromossomal. Painéis de células somáticas híbridas são linhagens celulares imortalizadas, normalmente de camundongo, que foram manipuladas para possuírem um ou mais cromossomos de uma outra espécie. Vários genes e marcadores moleculares de bovinos foram associados a cromossomos específicos, utilizando a técnica de PCR ou hibridizações em células híbridas somáticas (Womack, 1993).

Uma outra estratégia, é a hibridização *in situ* por fluorescência (FISH), que se baseia na hibridização de marcadores de DNA marcados com fluorescência, diretamente com cromossomos fixados em uma lâmina (Trask, 1991). A praticidade e a eficiência da técnica de FISH fazem que ela seja bastante utilizada para o mapeamento citológico de genes em bovinos.

Uma técnica bastante recente é a PCR *in situ*, que é baseada na reação em cadeia da polimerase realizada diretamente em lâminas com preparações metafásicas (Troyer et al., 1994). O produto da reação de PCR é acumulado no próprio local e se difunde devagar, permitindo sua detecção. A vantagem desta metodologia é a possibilidade de mapear fisicamente marcadores derivados de PCR como microssatélites, PCR-RFLP e SSCP.

4. Aplicações dos marcadores moleculares

4.1 Associação de marcadores de DNA com locos de caracteres quantitativos (QTLs)

Existem duas maneiras para associar polimorfismos de DNA com variação em locos de característica quantitativa (QTLs). O procedimento do gene candidato é baseado na associação de uma variação fenotípica, para uma determinada característica, com uma variação na sequência de DNA de genes conhecidamente envolvidos na fisiologia e desenvolvimento da característica em questão. Quando uma associação é encontrada, a seleção para a variação da sequência do gene vai indiretamente ter um efeito na característica. O mapeamento comparativo a partir dos mapas de humanos e camundongos pode guiar a escolha de possíveis genes candidatos baseados na localização e função dos inúmeros genes já identificados nestas espécies. Da mesma maneira, o alto grau de conservação genômica entre ovelhas e bovinos irá permitir uma utilização simultânea de informações referentes aos marcadores e genes mapeados nas duas espécies (Lien, 1998). O outro procedimento, utilizado para mapear QTLs, realiza uma varredura no genoma com marcadores moleculares, utilizando informações oriundas do mapa genético. Para a detecção de associações, é necessário possuir uma população de animais apresentando variabilidade para a característica a ser mapeada. Cada animal da população é genotipado com marcadores, cobrindo toda a extensão do genoma bovino, e avaliado fenotipicamente para a característica de interesse econômico. Os dados moleculares são comparados aos dados fenotípicos visando encontrar polimorfismos de DNA que expliquem a variabilidade para a característica de interesse. Os marcadores com efeito significativo para a característica vão possibilitar

determinar a posição do QTL no mapa genético, permitindo a utilização da seleção assistida por marcadores (MAS). A região do mapa contendo o QTL pode ser saturada com mais marcadores, diminuindo o intervalo entre dois marcadores adjacentes, visando localizar possíveis genes candidatos que possam estar controlando a característica mapeada. Desta forma os procedimentos de gene candidato e varredura com marcadores se integram, possibilitando um ajuste fino no mapeamento do QTL.

Utilizando a metodologia de genes candidatos, vários QTLs foram identificados em bovinos: para coloração da pelagem (Klungland et al., 1995); variabilidade na expressão de caseína associada ao teor de proteína total do leite (Bovenhuis & Weller, 1994; Lien et al., 1995); gene do hormônio do crescimento associados a porcentagem de proteína do leite (Lagziel et al., 1996; Lagziel et al., 1999); gene do antígeno de linfócitos em bovinos (BoLA) com a contagem de células somáticas do leite (Sharif et al., 1998).

A metodologia de varredura do genoma com marcadores moleculares vem sendo utilizada recentemente para mapear QTLs para características de interesse econômico em bovinos: mieloencefalopatia degenerativa progressiva ou "Weaver" na raça Suíça Parda (Georges, 1993); produção de leite e características de saúde (Ashwell et al., 1997); assim como composição e produtividade de leite na raça Holandesa (Arranz et al., 1998) e características de produção de leite em gado Finnish Ayrshire (Velmalä et al., 1999).

Um aspecto bastante importante nos estudos de mapeamento de QTLs é possibilitar um melhor entendimento sobre o funcionamento de genes e processos bioquímicos envolvidos em caracteres complexos.

4.2 Seleção assistida por marcadores (MAS)

Marcadores genéticos de DNA possuem várias características que os tornam atraentes para utilização em programas de melhoramento. Logo após o nascimento, os animais de ambos os sexos podem ser genotipados utilizando marcadores codominantes (p.ex. microssatélites). Com a identificação de marcadores ligados a características de interesse econômico, touros jovens podem ser selecionados, logo após o nascimento, com base no genótipo que eles carregam para os marcadores selecionados. Desta maneira, animais com alto potencial genético podem ser mantidos no programa, enquanto os com baixo potencial genético podem ser descartados, evitando os custos necessários para a manutenção do animal por vários anos. Com a utilização da seleção assistida por marcadores, é possível combinar alelos para QTLs de duas ou mais raças numa única raça que irá possuir todas as características desejáveis. Mesmo considerando as vantagens que a MAS possibilita, é interessante que a seleção para características fenotípicas possa ser realizada simultaneamente, visando maximizar o ganho genético e evitando a perda de animais de alto mérito genético que possam ter sido eliminados por uma possível associação não-consistente de um marcador com um QTL.

Os programas de introgressão de genes, utilizando o método dos retrocruzamentos sucessivos, podem ser auxiliados por marcadores genéticos. Entre os animais a serem retrocruzados, são selecionados aqueles que possuem a maior similaridade genética com os progenitores recorrentes, determinada com a utilização

de marcadores genéticos. Desta maneira, com apenas três gerações de retrocruzamentos, é possível recuperar cerca de 99% do genoma do progenitor recorrente. Além disso, a característica, sendo transferida de uma raça para a outra, pode ser avaliada com a utilização de marcadores, não sendo necessário esperar a expressão do fenótipo para a característica, possibilitando diminuir o tempo necessário entre os retrocruzamentos. Os programas de melhoramento visam a características de produção, bem como a resistência a doenças. O desenvolvimento da doença compromete a expressão dos caracteres relacionados com produção; portanto, a seleção para resistência a doenças vai influenciar na seleção para produção. A seleção para a resistência a doenças pode ser realizada com marcadores genéticos para a resistência, evitando expor o animal a doença e possibilitando uma seleção eficiente para as características de produção (Soller e Andersson, 1998).

4.3 Estudo da diversidade genética em populações

Os marcadores moleculares podem ser utilizados para acessar a variabilidade genética de populações destinadas ao melhoramento e estudar aspectos evolutivos de raças ou espécies de bovinos. Um estudo feito com DNA mitocondrial em raças zebuínas (*Bos indicus*) e taurinas (*Bos taurus*) sugere que estes dois tipos de bovinos se originaram de um mesmo evento de domesticação cerca de 8.000-10.000 anos atrás e seriam portanto subespécies diferentes em vez de espécies diferentes (Loftus *et al.*, 1994). Marcadores microssatélites foram utilizados para acessar a diferenciação genética entre populações européias e americanas de gado Holandês (Hanslik *et al.*, 2000). Foi realizado um estudo na Embrapa Gado de Leite utilizando marcadores microssatélites, em populações sob melhoramento, de quatro raças bovinas (Gir, Nelore, Guzerá e Holandesa). Os dados moleculares foram utilizados para gerar um dendrograma que foi capaz de diferenciar as quatro raças, e a menor distância genética encontrada foi entre Guzerá e Nelore e as maiores distâncias foram entre a raça Holandesa e as raças Gir, Nelore e Guzerá. A variabilidade genética entre e dentro de cada raça foi avaliada e foi encontrada uma endogamia elevada dentro de cada população, indicando uma estreita base genética em cada população, o que contribui para diminuir o ganho genético em programas de melhoramento (Machado *et al.*, 2000).

4.4 Outras aplicações dos marcadores moleculares

Os marcadores moleculares detectam pequenas variações na sequência de DNA entre diferentes animais, podendo, então, ser utilizados para determinação inequívoca de paternidade. O manuseio das paletas de sêmen pode provocar erros na identificação dos touros utilizados na inseminação, que podem ser corrigidos com o exame de DNA. Um laudo, atestando com 99,9% de certeza de que determinado animal apresenta uma determinada genealogia, pode ser de grande interesse aos criadores, o que ocasionaria um aumento do valor de mercado desse animal.

Em bovinos de leite, a seleção do sexo é de grande importância pelo fato de a fêmea ser a unidade produtiva. Manipulando embriões bovinos, é possível retirar uma célula de um embrião jovem e analisar o conteúdo genético com marcadores microssatélites específicos para o cromossomo Y, determinando se o embrião é

macho ou fêmea (Herr et al., 1990). Apesar da potencialidade da técnica, a manipulação, visando à sexagem, pode afetar a viabilidade do embrião (Bredbacka et al., 1994).

5. Bibliografia consultada

- AJMONE-MARSAN, P.; VALENTINI, A.; CASSANDRO, M.; VECCHIOTTI-ANTALDI; BERTONI, G.; KUIPER, M. AFLP™ markers for DNA fingerprinting in cattle. *Animal Genetics*, Oxford, v.28, p. 418-426, 1997.
- ARRANZ, J.J.; COPPIETERS, W.; BERZI, P.; CAMBISANO, N.; GRISART, B.; KARIM, L.; MARCQ, F.; MOREAU, L.; MEZER, C.; RIQUET, J.; SIMON, P.; VANMANSHOVEN, P.; WAGENAAR, D.; GEORGES, M. A QTL affecting milk yield and composition maps to bovine chromosome 20: a confirmation. *Animal Genetics*, Oxford, v.29, p. 107-115, 1998.
- ASHWELL, M.S.; REXROAD JR., C.E.; MILLER, R.H.; VANRADEN, P.M.; DA, Y. Detection of loci affecting milk production and health traits in a elite US Holstein population using microsatellite markers. *Animal Genetics*, Oxford, v.28, p. 216-222, 1997.
- BAND, M.; RON, M. Isolation of polymorphic AGC repeats located 3'to bovine SINEs. *Animal Genetics*, Oxford, v.25, p. 281-283, 1994.
- BISHOP, M.D.; KAPPES, S.M.; KEELE, J.W.; STONE, R.T.; SUNDEN, S.L.F.; HAWKINS, G.A.; SOLINAS TOLDO, S.; FRIES, R.; GROSZ, M.D.; YOO, J.; BEATTIE, C.W. A genetic linkage map for cattle. *Genetics*, Bethesda, v.136, p. 619-625, 1994.
- BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, Chicago, v.32, p. 314-331, 1980.
- BOVENHUIS, H.; WELLER, J.I. Mapping and analysis of dairy cattle quantitative trait loci by maximum likelihood methodology using protein genes as genetic markers. *Genetics*, Bethesda, v.137, p. 267-280, 1994.
- FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. 3ª Ed. Longman, New York, 1989.
- FUJII, J.; OTSU, K.; ZORZATO, F.; DELEON, S.; KHANNA, V.K.; WEILER, J.E., O'BRIEN, P.J.; MACLENNAN, D.H. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. *Science*, Washington, v.253, p. 448-453, 1991.
- GEORGES, M.; DIETZ, A.B.; MISHRA, A.; NIELSEN, D.; SARGEANT, L.S.; SORENSEN, A.; STEELE, M.R.; ZHAO, X.; LEIPOLD, H.; WOMACK, J.E.; LATHROP, M. Microsatellite mapping to the gene causing weaver disease in cattle will allow the study of an associated quantitative trait locus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Washington, v.90, p. 1058-1062, 1993.
- HALDANE, J.B.S. The recombination of linkage values, and the calculation of distance between the loci of linkage factors. *Journal of Genetics*, Bangalore, v.8, p. 299-309, 1919.
- HALEY, C. Advances in quantitative trait loci. In: **From Jay Lush to genomics: visions**

- from animal breeding and genetics. Iowa: Iowa State University. p. 47-59, 1999.
- HANSLIK, S.; HARR, B.; BREM, G.; SCHLÖTTERER, C. Microsatellites analysis reveals substantial genetic differentiation between contemporary New World and Old World Holstein Friesian populations. *Animal Genetics*, Oxford, v.31, p. 31-38, 2000.
- HEARNE, C.M.; GHOSH, S.; TODD, J.A. Microsatellites for linkage analysis of genetic traits. *Trends in Genetics*, Oxford, v.9, p. 288-294, 1992.
- HERR, C.M.; HOLT, N.A.; MATTHAEI, K.I.; REED K.C. Sex of progeny from bovine embryos sexed with a rapid Y-chromosome-detection assay. *Theriogenology*, New York, v.33, p. 247-252, 1990.
- KAPPES, S.M.; KEELE, J.W.; STONE, R.T.; MCGRAW, R.A.; SONSTEGARD, T.S.; SMITH, T.P.L.; LOPEZ-CORRALES, N.L.; BEATTIE, C.W. A second-generation map of the bovine genome. *Genome Research*, Cold Spring Harbor, v.7, p. 235-241, 1997.
- KEHRLI, M.E. JR.; SHUSTER, D.E.; ACKERMAN, M.R. Leukocyte adhesion deficiency among Holstein Cattle. *Cornell Veterinarian*, Ithaca, v.82, p. 3-8, 1992.
- KOSAMBI, D.D. The estimation of map distance from recombination values. *Annales Eugeniae*, v.12, p. 172-175, 1944.
- LAGZIEL, A.; LIPKIN, E.; SOLLER, M. Association between SSCP haplotypes at the bovine growth hormone gene and milk protein percentage. *Genetics*, Bethesda, v.142, p. 945-951, 1996.
- LAGZIEL, A.; LIPKIN, E.; EZRA, E.; SOLLER, M.; WELLER, J.I. An MspI polymorphism at the bovine growth hormone (bGH) gene is linked to a locus affecting milk protein percentage. *Animal Genetics*, Oxford, v.30, p. 296-299, 1999.
- LIEN, S. Gene technology in animal breeding. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A, Animal Science Suppement*, Oslo, v.28, p.33-37, 1998. Scandinavian University Press. Norway, 1998.
- LIEN, S.; GOMEZ-RAYA, L.; STEINE, T.; FIMLAND, E.; ROGNE, S. Associations between casein haplotypes and milk yield traits. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.78, p. 2047-2056, 1995.
- LOFTUS, R.T.; MACHUGH, D.E.; BRADLEY, D.G.; SHARP, P.M.; CUNNINGHAM, P. Evidence for two independent domestications of cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, Washington, v.91, p. 2757-2761, 1994.
- MA, R.Z.; RUSS, I.; PARK, C.; HEYEN, D.W.; BEEVER, J.E.; GREEN, C.A.; LEWIN, H.A. Isolation and characterization of 45 polymorphic microsatellites from the bovine genome. *Animal Genetics*, Oxford, v.27, p. 43-47, 1996.
- MACHADO, M.A.; MARTINEZ, M.L.; CAMPOS, A.L. **Análise da diversidade genética de quatro raças bovinas utilizando locos de microssatélites.** In: 43º Congresso Nacional de Genética. 19-23 de setembro de 2000, Águas de Lindóia – SP. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto – SP, 2000.
- MULLIS, K.B.; FALLONA, F. Specific synthesis of DNA "in vitro" via a polymerase catalysed chain reaction. *Methods in Enzymology*, Orlando, v.155, p. 335-339, 1987.
- ORITA, M.; SUSUKI, Y.; SEKIYA, T.; HAYASHI, K. Rapid and sensitive detection of point mutations and DNA polymorphisms using the polymerase chain reaction. *Genomics*, San Diego, v.5, p. 874-879, 1989.

- SHARIF, S.; MALLARD, B.A.; WILKIE, B.N.; SARGEANT, J.M.; SCOTT, H.M.; DEKKERS, J.C.M.; LESLIE, K.E. Associations of the bovine major histocompatibility complex DRB3 (BoLA-DRB3) alleles with occurrence of disease and milk somatic cell score in Canadian dairy cattle. *Animal Genetics*, Oxford, v.29, p. 185-193, 1998.
- SOLLER, M.; ANDERSSON, L. Genomic approaches to the improvement of disease resistance in farm animals. *Revue of Science and Technology of International Epizootic*, v.17, p. 329-345, 1998.
- SPRECHER, C.J.; PUERS, C.; LINS, A.M.; SCHUMM, J.W. A general approach to analysis of polymorphic short tandem repeat loci. *BioTechniques*, Natick, v. 20, p. 266-270, 1996.
- TRASK, B.J. Fluorescence in situ hybridization: applications in cytogenetics and gene mapping. *Trends in Genetics*, Oxford, v.7, p. 149-155, 1991.
- TROYER, D.L.; XIE, H.; GOAD, D.W.; SKINNER, D.Z. Use of a new technique to map the porcine interferon gene to chromosome 1. *Mammalian Genome*, New York, v.5, p. 112-119, 1994.
- VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; MARTINEZ, M.L. **Melhoramento genético das raças Gir e Guzerá pelo teste de progênie**. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 1998. 28p. (Embrapa Gado de Leite. Documentos, 70).
- VELMALA, R.J.; VILKKI, H.J.; ELO, K.T.; DE KONING, D.J.; MAKI-TANILA, A.V. A search for quantitative trait loci for milk production traits on chromosome 6 in Finnish ayrshire cattle. *Animal Genetics*, Oxford, v.30, p.136-143, 1999.
- VOS, P.; HOGERS, R.; BLEEKER, M.; REIJANS, M.; LEE, T.; HORNES, M.; FRIJTERS, A.; POT, J.; PELEMAN, J.; KUIPER, M.; ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v.23, p. 4407-4414, 1995.
- WELSH, J.; MC LELLAND, M. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v.18, p. 7213-7218, 1990.
- WIGGANS G. R.; MISZTAL, I.; VLECK V. D. Application of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.71 (Supplement 2), p. 54-69, 1998.
- WILLIAMS, J.G.K.; KUBELICK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, Oxford, v.18, p. 6531-6535, 1990.
- WOMACK, J.E. The goals and status of the bovine gene map. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v.76, p. 1199-1205, 1993.

Identificação de locos de características quantitativas (QTL)

Mário Luiz Martinez¹
Marco Antonio Machado¹

1. Introdução

A habilidade do melhorista em reconhecer aqueles animais que possuem alelos ou combinação de alelos que aumentam a produção é muito limitada. A seleção clássica é baseada no fenótipo do indivíduo e em muitas situações o fenótipo não se expressa no indivíduo (ex. características ligadas ao sexo, como leite e produção de ovos) ou é difícil de medir (ex. eficiência alimentar, rendimento de carcaça, resistência a doenças, adaptação). E em muitas situações o fenótipo não é uma indicação precisa do genótipo. Isto deriva, do fato de que a variação genética em produtividade depende da variação alélica em um grande número de locos e a expressão gênica destes locos é altamente afetada pelos fatores do meio ambiente. Nesta situação diz-se que a variação genética é de natureza quantitativa, e o loco individual que afeta a expressão da característica é denominado QTL (locos da característica quantitativa). Além disto, produtividade e adaptação são características compostas consistindo de muitos componentes e freqüentemente existem correlações genéticas negativas entre alguns destes componentes (ex. quantidade de leite e teor de proteína ou gordura do leite). Isto diminui a resposta à seleção para cada um dos componentes da característica.

Para superar essas limitações os melhoristas utilizam métodos baseados no fato de que os parentes (pais, avós, tios, sobrinhos, irmãos etc.) apresentam parte de uma mesma composição genética. Conseqüentemente, informações do desempenho fenotípico de parentes fornecem informações sobre o genótipo de um dado indivíduo relacionado. Estes métodos são conhecidos como seleção pelo *pedigree*, seleção de família, ou teste de progênie, dependendo do tipo de parente usado. Todavia, mesmo quando estes métodos são utilizados de uma forma ótima, a taxa de progresso genético é bem menor do que seria possível se houvesse perfeita informação genética. Além disso, a maioria das tentativas, baseadas nestes métodos, em combinar a produtividade das raças européias com a adaptação das raças nativas, tem falhado. Isto é devido, principalmente, à inabilidade de selecionar

¹ Pesquisador da Embrapa Gado de Leite e bolsista do CNPq – Juiz de Fora, MG – martinez@cnpqgl.embrapa.br; machado@cnpqgl.embrapa.br

simultaneamente para várias características. Particularmente problemática é a necessidade de avaliar indivíduos simultaneamente para produtividade, e para adaptação ao estresse climático ou resistência a doenças, que reduz a produtividade. Os métodos clássicos de seleção não são também capazes de identificar a presença, nas raças nativas, de variantes de um ou mais alelos raros de um QTL que afetam positivamente a produtividade ou a qualidade dos produtos. Estas variantes são denominadas *cryptic* (escondidos) porque sua presença é mantida encoberta devido à baixa produtividade da raça nativa, que em geral tem uma grande proporção de variantes dos alelos de um QTL que afetam negativamente a característica.

A contribuição de um loco para o progresso genético baseado na seleção pelo desempenho de um indivíduo é proporcional a σ_{Gi}^2/σ_p^2 , onde σ_{Gi}^2 é a variância genética do loco i e σ_p é o desvio-padrão fenotípico (Smith, 1967).

Um loco de grande efeito é definido como aquele no qual a/σ_g é maior que um determinado valor limite, onde σ_g^2 é a variância genética total e a é a metade da diferença entre os valores fenotípicos dos dois genótipos homozigotos (Shook, 1989, citado por Ronningen, 1994).

A resposta à seleção com base no genótipo de um loco de grande efeito, como proporção do ganho obtido na seleção pelo desempenho apenas, é a raiz quadrada de R dividida pela heritabilidade da característica (Smith, 1967). O ganho combinado proveniente da seleção baseada em um loco de grande efeito e a seleção pelo desempenho é aproximadamente:

$$\left(1 + \frac{0,5R}{h^2}\right) \text{ vezes o ganho obtido pela seleção sobre desempenho,}$$

$$\text{onde } R = \frac{\sigma_{Gi}^2}{\sigma_G^2} - \frac{1}{Nh^2},$$

h^2 é a heritabilidade e N o número de indivíduos testados para estimar os parâmetros do gene de grande efeito. A eficiência da seleção baseada apenas em um loco de grande efeito ou combinada com o desempenho é maior quando a heritabilidade é baixa e a frequência dos alelos é baixa ou intermediária. Para características de doenças, devido à sua baixa heritabilidade, espera-se que existam poucos locos nos quais:

$$\frac{\sigma_{Gi}^2}{\sigma_G^2} > h^2$$

Nesta situação, a resposta à seleção, baseada em um loco de grande efeito seria igual ou maior que a seleção baseada no desempenho. A seleção combinada poderia aumentar em 50% a taxa de ganho em relação ao ganho baseado apenas no desempenho.

A identificação de um destes locos e o seu uso em programas de melhoramento pode ser um método efetivo para melhorar a resposta à seleção.

Atualmente já se tem centenas de marcadores mapeados em várias espécies de animais, o que cria uma excelente base para o mapeamento de um loco, associado

a uma característica quantitativa (QTL) pela análise de ligação. Considerando-se a existência de tais marcadores relacionados a QTLs, a seleção assistida por marcadores (MAS) para características influenciadas por vários genes pode ter um custo/benefício positivo, por várias razões, tais como: ser mais barata que as estratégias tradicionais (teste de progênie), mais precisa e acelera o progresso genético.

Segundo Haley (1993), "as tecnologias disponíveis da genética molecular e da estatística permitem que se iniciem trabalhos sérios para mapear QTLs nas espécies animais. O benefício potencial em termos de melhoria do conhecimento e as taxas de ganho genético tornam válidos todos os esforços. É necessário, contudo, ser cuidadoso no planejamento do estudo para assegurar o delineamento mais apropriado com um numero razoável de indivíduos".

2. Delineamentos experimentais para detectar QTL

Um grande número de delineamentos experimentais e de metodologias estatísticas tem sido proposto para se detectar genes que afetam características quantitativas com o auxílio de marcadores genéticos. Todos os delineamentos sugeridos têm vários elementos em comum. Considera-se que um loco de característica quantitativa (QTL) esteja ligado ao loco de um marcador com uma frequência de recombinação r . A priori, assume-se que apenas dois alelos estão segregando na população para ambos os locos, o loco M do marcador e o loco Q do QTL. Os genótipos do marcador serão denominados de M1M1, M1M2 e M2M2. Os genótipos do QTL serão denominados por Q1Q1, Q1Q2 e Q2Q2, com efeitos esperados de a , d e $-a$, respectivamente, sobre a característica quantitativa. Assim, se um indivíduo for heterozigoto para ambos os locos, metade da progênie receberá o alelo M1 e a outra metade o alelo M2. Desde que M e Q estejam ligados, aquelas progênies que receberem M1 também receberão Q1, enquanto aquelas que receberem M2 também receberão Q2, exceto pelos indivíduos recombinantes que receberão M1 com Q2 ou M2 com Q1. Dessa forma, o efeito do QTL pode ser detectado pela comparação das médias dos grupos de progênies que receberem alelos marcadores alternativos de pais heterozigotos. Os diversos delineamentos propostos diferem nos métodos utilizados para se "criar" pais heterozigotos para ambos os locos e os cruzamentos realizados.

2.1 Delineamentos experimentais para detecção de QTL em cruzamentos de linhagens consangüíneas

A maioria das análises realizadas para se detectar QTL tem sido baseada em cruzamentos planejados, embora alguns estudos tenham sido realizados com populações de animais existentes, especialmente gado de leite. O caso mais simples é do cruzamento entre linhagens consangüíneas. Como mencionado anteriormente, o primeiro passo é cruzar duas linhagens que diferem em marcadores genéticos para produzir progênies heterozigotas F1. Após este passo, as seguintes progênies têm sido consideradas para análises:

- ♦ Retrocruzamento (BC) de indivíduos F1 com uma das linhagens parentais;

- ♦ Indivíduos F2 produzidos pelo cruzamento entre indivíduos F1 ou autofecundação de F1;
- ♦ Linhagens consangüíneas recombinantes (RILF) produzidas pela autofecundação de indivíduos F2, ou pelo acasalamento de irmão com irmãs, nos casos em que autofecundação não é possível (RILF);
- ♦ Linhagens consangüíneas recombinantes (RILB) produzidas com indivíduos retrocruzados, ou acasalamentos de irmãos com irmãs (RILB);
- ♦ Linhagens duplas de haplóides (DH) produzidas pela autofecundação de duplos haplóides derivados de F1;
- ♦ Progênes-teste (TC) produzidas pelo acasalamento de indivíduos F1 com uma terceira linhagem consangüínea.

Embora existam outros delineamentos mais complexos, todos são variações dos delineamentos acima listados.

A escolha do delineamento a ser usado deve levar em consideração os aspectos biológicos, econômicos, genéticos e estatísticos. Considerações biológicas estão relacionadas com o fato de que não são todos os delineamentos que podem ser usados com todas as espécies, por exemplo, o DH. Para certas espécies com quase total autofecundação é mais fácil produzir grande número de indivíduos F2 do que BC ou TC que requerem fertilização cruzada; para espécies em que os acasalamentos só ocorrem dentro da população, a consangüinidade pode resultar na redução do valor adaptativo devido à presença de genes deletérios recessivos. Semelhantemente, o valor econômico dos delineamentos que são possíveis pode ser bem diferente. Por exemplo; se o objetivo é a introgressão de genes para uma característica específica de uma variedade selvagem em uma cultivar previamente selecionada, o BC com a cultivar selecionada terá um valor econômico muito maior do que o F2. As considerações genéticas estão associadas com os parâmetros genéticos que desejamos estimar. Assim, os delineamentos BC ou TC não permitem estimar relações de dominância, mas o F2 sim. As considerações estatísticas estão relacionadas com os delineamentos que maximizem o poder de detecção dos efeitos do QTL dentro de uma determinada situação. Por exemplo, nos delineamentos RI e DH todos os indivíduos dentro de uma linhagem terão o mesmo genótipo. Assim, será necessário genotipar apenas um único indivíduo de cada linhagem, enquanto o desempenho fenotípico de todos os indivíduos pode ser utilizado para se determinar o efeito do QTL. Dessa forma, o poder estatístico será maior por indivíduo genotipado.

2.2 Delineamento de retrocruzamento (BC)

Na Figura 1 está ilustrado o delineamento de retrocruzamento com uma das raças parentais. A produção de F1 é obtida pelo acasalamento entre duas linhagens que diferem em genótipos do QTL e do marcador. Normalmente, admite-se que as duas linhagens parentais são homozigotas para os alelos alternativos de ambos os locos. Dessa forma, todos os indivíduos F1 terão o mesmo genótipo heterozigoto. Estes indivíduos F1 são então acasalados com uma das linhagens parentais. A base genética destes indivíduos retrocruzados é composta de $\frac{3}{4}$ do pai recorrente e $\frac{1}{4}$ do outro pai. As progênes BC são então divididas em dois grupos baseados nos

genótipos dos marcadores. À semelhança do que será considerado nos outros delineamentos experimentais, todos os demais locos que não estiverem ligados ao marcador genético em estudo estarão distribuídos aleatoriamente entre os grupos dos genótipos marcadores. Quando apenas um marcador é considerado, haverá apenas dois grupos genéticos marcadores para este tipo de delineamento e apenas um contraste poderá ser testado. Este contraste é a diferença entre as médias dos dois grupos de progênie que têm genótipos marcadores M1M2 e M2M2. Para este delineamento, a maioria dos estudos tem usado variações simples do seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = A_i + B_j + e_{ijk} \quad (1)$$

onde Y_{ijk} é a medida da característica para o indivíduo k , do bloco j e de genótipo i ; A é o efeito do genótipo marcador i (M1M2 ou M2M2); B é o efeito do bloco j e e_{ijk} é o efeito residual ao acaso associado a cada indivíduo.

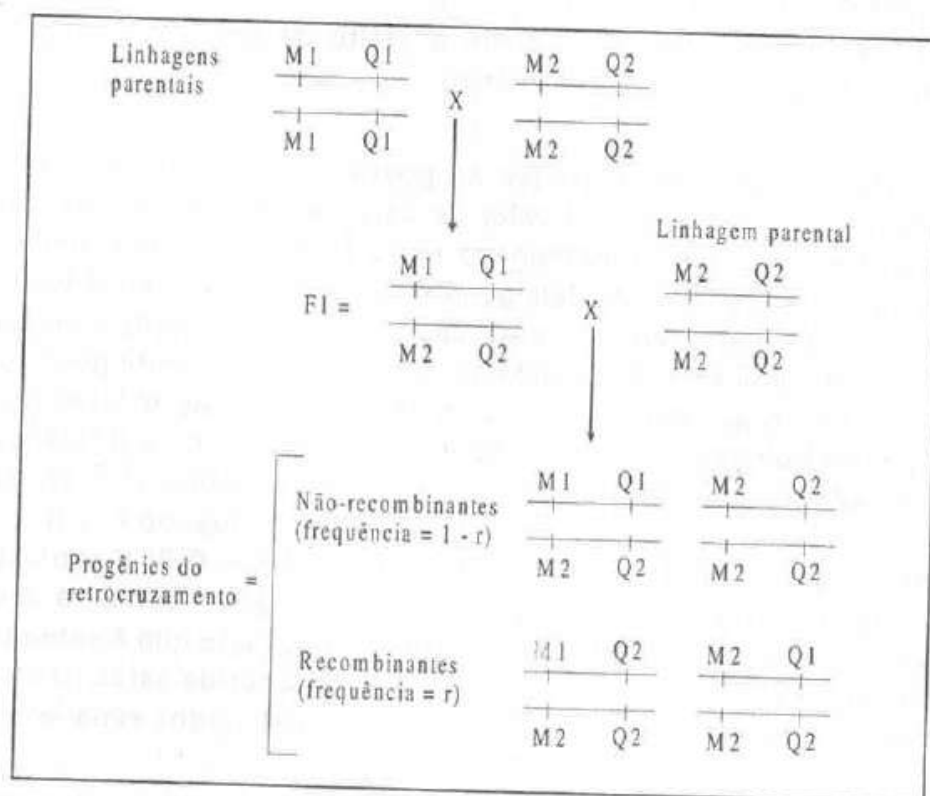


Figura 1. Delineamento de retrocruzamento (BC).

O efeito do "bloco" representa todos os efeitos de meio ambiente que os grupos de indivíduos possam ter em comum, tais como linhagens, local, rebanho, estação de nascimento etc. Apenas por simplicidade não se incluiu no modelo o efeito da média geral. Este efeito pode ser considerado incluído no efeito de bloco. Observa-se no modelo acima que se admite que apenas marcador e bloco estejam afetando a média da característica.

O teste de significância para o efeito de genótipo pode ser realizado por dois métodos: análise de variância (ANOVA), ou o teste de t de um contraste estimável. No caso da ANOVA, a razão entre o quadrado médio do marcador e o quadrado médio do resíduo é calculada e sob a hipótese de nulidade (não há QTL

segregando), esta razão terá uma distribuição central de F . Um desvio significativo desta forma estatística da distribuição central de F é indicativo de QTL segregando. No caso do teste t , a diferença entre as médias das duas classes de genótipos é dividida pelo erro padrão deste contraste. Sob a hipótese de nulidade, essa estatística terá uma distribuição central de t com graus de liberdade igual ao número total de indivíduos incluídos na comparação, menos dois.

A vantagem principal deste modelo linear de análise é que ele pode ser executado pela maioria dos pacotes estatísticos existentes. As desvantagens são:

- ♦ O efeito estimado está confundido com o efeito da recombinação entre o QTL e o marcador, e conseqüentemente a estimativa do efeito do QTL é viesada;
- ♦ Admite-se que os resíduos seguem uma distribuição normal;
- ♦ Admite-se que as variáveis independentes não são correlacionadas. Portanto, o método não é apropriado para marcadores múltiplos que estão ligados e que são correlacionados;
- ♦ O método não diferencia entre o efeito de um QTL ligado e o efeito pleotrópico do marcador genético.

Na Tabela 1 são apresentadas as possibilidades dos genótipos do QTL dados o genótipo do marcador e o valor da característica para cada genótipo do marcador. Supondo-se ligação incompleta entre QTL e marcador, cada classe do genótipo do marcador consiste de dois genótipos do QTL com frequências r e $(1 - r)$. O valor esperado da característica para cada classe de genótipo do marcador é calculado como a soma das probabilidades condicionais de cada genótipo do QTL vezes o seu valor. A estimativa para o contraste entre as médias do genótipo heterozigoto e do homozigoto do marcador é calculada como a diferença entre os seus valores esperados. Este valor é: $(1 - 2r)(d + a)$. O termo $(1 - 2r)$ aparece na maioria dos contrastes dos genótipos dos marcadores. Quando $r = 0$, o contraste será $(d + a)$, e significa efeito total do QTL, e quando $r = 0,5$, o contraste é zero, e significa que não há ligação entre marcador e QTL. Como já mencionado anteriormente, o delineamento BC tem apenas um contraste que é estimável. Desde que este contraste seja função de a , d e r , estes parâmetros estão confundidos no modelo linear de análises e portanto não podem ser estimados separadamente.

Tabela 1. Probabilidades dos genótipos no delineamento BC e valores esperados da característica quantitativa.

Genótipo do marcador	Genótipo do QTL	Probabilidade do QTL, dado o genótipo do marcador	Valor da característica	Valor esperado da característica para o genótipo do marcador
M1M2	Q1Q2	$1 - r$	d	$d \cdot r (d + a)$
	Q2Q2	r	$-a$	
M2M2	Q2Q2	$1 - r$	$-a$	$-a + r (d + a)$
	Q1Q2	r	d	

2.3 Delineamento de F2

Na Figura 2 está ilustrado o delineamento de F2. À semelhança do delineamento BC, dois pais homozigotos são cruzados para se obter o indivíduo heterozigoto F1. As progênes F2 são produzidas pela autofecundação dos indivíduos F1 ou pelo cruzamento entre eles. Como resultado, as progênes F2 serão de um dos três genótipos do marcador. Neste delineamento, a recombinação em qualquer um dos cromossomos afetará o valor esperado da característica. Na Tabela 2 são apresentados os genótipos possíveis, suas probabilidades e seus valores esperados para a característica quantitativa.

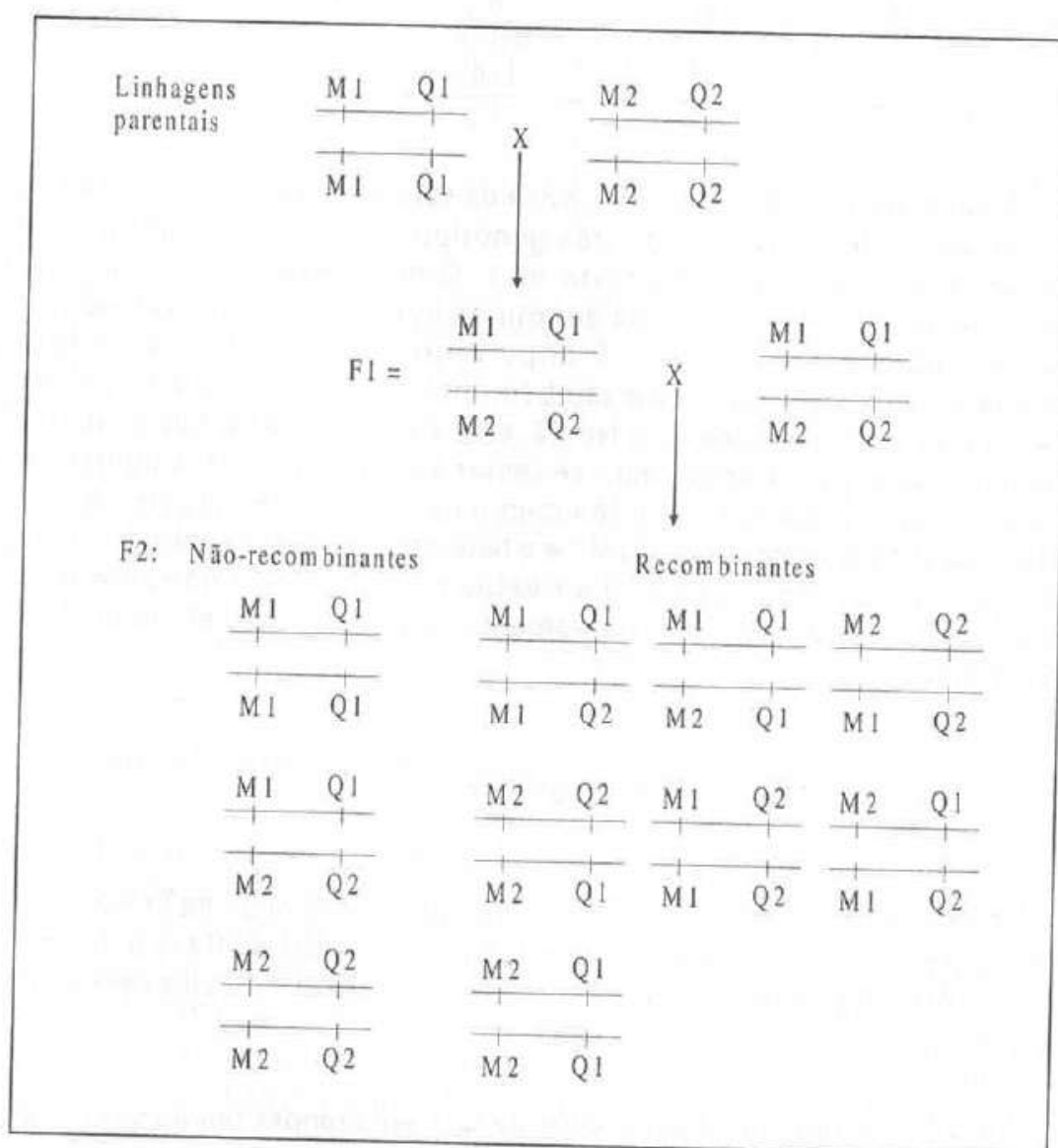


Figura 2. Delineamento de F2.

Neste delineamento a probabilidade de indivíduos heterozigotos para o loco marcador é 0,5, mas a maior parte da informação relativa à detecção do QTL está contida nos indivíduos homozigotos. Considerando-se ligação incompleta, são possíveis três genótipos do QTL para cada um dos três genótipos do marcador.

Tabela 2. Probabilidades dos genótipos no delineamento F2 e valores esperados da característica quantitativa.

Genótipo do marcador	Probabilidade do genótipo marcador	Genótipo do QTL	Probabilidade do QTL, dado o genótipo do marcador	Valor da característica	Valor esperado da característica para o genótipo do marcador
M1M1	1/4	Q1Q1	$(1-r)^2$	a	$a(1-2r) + 2dr(1-r)$
		Q1Q2	$2r(1-r)$	d	
		Q2Q2	r^2	-a	
M1M2	1/2	Q1Q1	$r(1-r)$	a	$d(1-2r+r^2)$
		Q1Q2	$1-2r+r^2$	d	
		Q2Q2	$r(1-r)$	-a	
M2M2	1/4	Q1Q1	r^2	a	$-a(1-2r) + 2dr(1-r)$
		Q1Q2	$2r(1-r)$	d	
		Q2Q2	$(1-r)^2$	-a	

O teste para se detectar a presença de QTL pode ser realizado pela ANOVA, colocando-se no modelo todos os três genótipos. Além disso, vários contrastes podem ser testados através do teste de t. O contraste de maior interesse é o realizado entre as médias dos dois genótipos homozigotos do marcador. O valor deste contraste é: $2a(1-2r)$. É importante notar que, à semelhança do delineamento BC, este contraste também inclui o termo $(1-2r)$, e portanto os efeitos de a e r estão confundidos. No F2, este contraste não é função de d. O teste de t pode também ser utilizado para se testar a significância dos contrastes entre cada um dos genótipos homozigotos com o genótipo heterozigoto. A estimativa da diferença entre o homozigoto M1M1 e o heterozigoto M1M2 será $a(1-2r) - d(1-2r)^2$. Neste contraste os efeitos de a, d e r estão confundidos e portanto é de pouco interesse prático. Todavia, este delineamento permite testar o efeito de dominância pelo contraste:

$$\frac{1}{2}(M1M1 + M2M2) - (M1M2) = -d(1-2r)^2$$

Observa-se que este contraste é também uma função de $(1-2r)$, mas não é dependente de a. Embora se possa testar para os efeitos aditivos e de dominância do QTL, ambas as estimativas não podem ser estimadas sem viés pelas análises de modelo linear.

2.4 Delineamento para detecção de QTL em grandes populações segregantes

Em humanos, na maioria das espécies domésticas de animais e em árvores frutíferas perenes é impraticável produzir linhagens consangüíneas, que são a base dos delineamentos descritos em 2.2 e 2.3. Nessas situações, as análises têm sido executadas em famílias existentes dentro de uma população. Três tipos de análises têm sido propostas para estes casos: a análise de par de irmãos para o caso de muitas famílias pequenas; a análise do delineamento de irmãos completos para o

caso de grandes famílias de irmãos completos e a análise de meio-irmãs ou delineamento de filhas para o caso de grandes famílias de meio-irmãs.

O delineamento de filhas foi inicialmente proposto por Neimann-Soressen e Roberson (1961) e tem sido usado principalmente em gado de leite em que um touro pode ter centenas de progênie com medidas em características quantitativas de interesse econômico. Na Figura 3 é ilustrado o delineamento de filhas para o caso de uma única família.

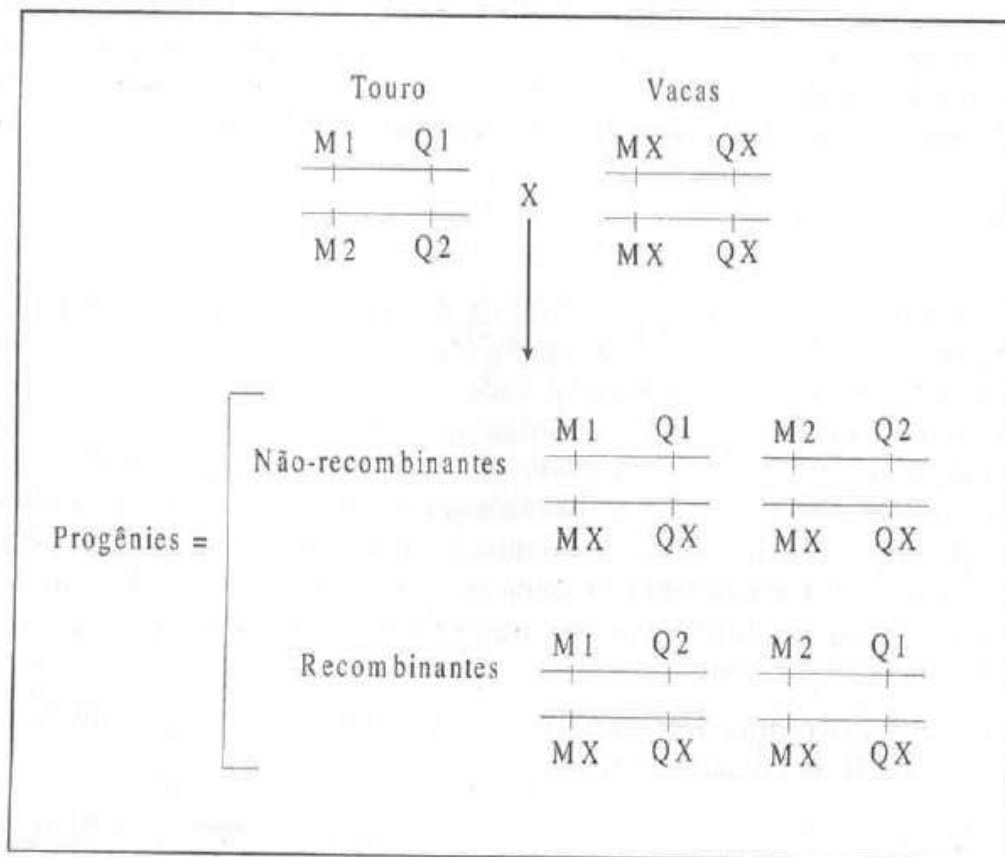


Figura 3. Diagrama do delineamento de filhas para o caso de uma única família.

Neste delineamento as filhas de um touro heterozigoto para o marcador serão genotipadas e mensuradas para as características quantitativas de interesse. Considerando-se que o genótipo da mãe é geralmente desconhecido e difere de animal para animal, os alelos do marcador e do QTL são representados por MX e QX, respectivamente.

Na situação em que apenas as progênies de um touro são consideradas, a detecção de um QTL ligado a um marcador pode ser realizada utilizando-se o modelo dado na equação (1). A diferença é que A_1 representa agora o efeito da substituição de alelos recebidos do touro. Se assumirmos que apenas os mesmos dois alelos do QTL estão presentes na população de vacas, com frequência p e $(1 - p)$, então é possível calcular o valor esperado da característica para cada grupo de progênie que recebeu os alelos alternativos do marcador. O valor esperado para cada grupo é mostrado na Tabela 3. O contraste entre os dois grupos de progênies é: $a(1 - 2r) + d(1 - 2r)(1 - 2p)$. Se a frequência dos dois alelos do QTL for igual a 0,5, então o contraste se torna igual a: $a(1 - 2r)$. Para o caso de ligação total ($r = 0$),

o contraste se torna: $a + d(1 - 2p)$. Se definirmos a frequência do segundo alelo como $q = (1 - p)$, o contraste se torna igual a: $a + d(q - p)$, que é a fórmula geral para o efeito da substituição de alelos (Falconer, 1981).

Embora um QTL possa estar segregando na população, um touro em específico pode ser homozigoto para o QTL. Devido a isto, a maioria dos estudos tem sido baseada na análise de vários touros heterozigotos ao mesmo tempo. Neste caso, a análise utilizando-se a equação (1) pode conduzir a conclusões erradas, pois, mesmo que vários indivíduos possam ser heterozigotos para um marcador ligado ao QTL, a relação de ligação pode ser diferente para cada indivíduo. Dessa forma, quando somados os efeitos de todas as progênie nos dois grupos de alelos do marcador, pode não se observar nenhum efeito associado aos alelos do marcador. O modelo apropriado nessa situação de múltiplas famílias é:

$$Y_{ijkl} = S_i + A_{ij} + B_k + e_{ijkl} \quad (2)$$

onde S_i é o efeito do touro i , A_{ij} é o efeito do alelo j , aninhado dentro do touro i , e os demais termos são os mesmos da equação (1). Neste caso, o grupo de progênie que recebeu o alelo M1 do touro será comparado com o grupo de progênie que recebeu o alelo M2. Se as pressuposições feitas anteriormente se mantiverem e se a distribuição das mães entre os dois grupos forem ao acaso, então a diferença entre os dois grupos de progênie para a característica quantitativa será devida ao QTL ligado ao marcador M do touro. Isto indica que a origem do alelo do marcador pode ser determinada para as filhas. O teste de detecção do QTL pode ser realizado pela ANOVA, considerando-se a razão entre os quadrados médios do efeito do marcador e do resíduo.

Tabela 3. Probabilidades dos genótipos no delineamento de filhas e valores esperados da característica quantitativa.

Alelo paterno do marcador	Alelo paterno do QTL	Probabilidade do alelo paterno do QTL	Alelo materno do QTL	Probabilidade do alelo materno do QTL	Valor da característica	Valor esperado da característica para o genótipo do marcador
M1	Q1	$1 - r$	Q1	p	a	$a(p-r) + d(1-r-p+2rp)$
			Q2	$1 - p$	d	
	Q2	r	Q1	p	d	
			Q2	$1 - p$	$-a$	
M2	Q2	$1 - r$	Q1	p	d	$a(r+p-1) + d(p+r-2rp)$
			Q2	$1 - p$	$-a$	
	Q1	r	Q1	p	a	
			Q2	$1 - p$	d	

Se considerarmos que há apenas dois alelos do QTL presentes com a mesma frequência na população, e a distribuição dos genótipos está em equilíbrio Hardy-Weinberg, apenas a metade dos touros serão heterozigotos para o QTL. Dessa forma, a variância do termo A_{ij} será $a^2/4$. Além do teste pela ANOVA, o teste do qui-quadrado pode ser utilizado para se testar a significância do efeito do QTL.

A diferença entre as médias dos dois grupos de progênies (M1 e M2) é calculada e dividida pelos seus erros padrão. Sob a hipótese de nulidade, a soma de quadrado desta estimativa tem uma distribuição de qui-quadrado com o número de graus de liberdade igual ao número de touros. O poder estatístico para este tipo de delineamento foi calculado por Soller e Genizi (1978) pela ANOVA e por Weller et al. (1990), usando-se o qui-quadrado.

Neste tipo de delineamento não é possível determinar inequivocadamente a origem do alelo marcador para todas as progênies, ao contrário do que ocorre com o cruzamento entre linhagens consanguíneas. Se uma filha tem o mesmo genótipo do pai, ela pode ter recebido qualquer um dos alelos de qualquer um dos pais. Quando apenas dois alelos estão presentes na população, a metade das filhas terá o mesmo genótipo do pai, independentemente da frequência dos alelos entre as mães. Em geral, a frequência esperada de indivíduos para os quais a origem do alelo paterno pode ser determinada é $1 - (p + q)/2$, onde p e q são as frequências dos dois alelos paternos do marcador. Para loco multialélico, $(p + q)$ pode ser bem menor do que 1. Em geral, as informações dessas progênies não são utilizadas nas análises. Embora alguma informação adicional possa ser extraída desses indivíduos, ela será consideravelmente menor do que as obtidas dos indivíduos cuja origem dos alelos é conhecida.

A análise de uma "grande" família de irmãos-completos pode ser realizada, no melhor dos casos, quando os dois pais têm três ou quatro alelos marcadores diferentes e as progênies podem ser divididas em quatro grupos diferentes de genótipos do marcador. O teste para se detectar QTL pode ser realizado pela ANOVA, considerando-se a razão entre o efeito do alelo paterno e o do resíduo. É possível também se estimar o efeito da substituição de alelo para cada pai, mas não um efeito geral para todos os pais. Uma estimativa da variância genética total associada com o marcador também pode ser obtida. A ANOVA com efeito do marcador dentro de família não é apropriada para famílias pequenas de irmãos completos, como ocorre em humanos, devido ao pequeno número de graus de liberdade. Uma análise alternativa é dada pelo delineamento descrito a seguir.

2.5 Delineamento baseado em gerações adicionais

Todos os delineamentos considerados até o momento são baseados na análise de uma única geração após a produção de indivíduos heterozigotos para ambos os locos. Todavia, informações adicionais podem ser obtidas com a análise de mais gerações. Os delineamentos de multigerações podem ser divididos em dois casos; um em que os indivíduos das gerações futuras são medidos para as características quantitativas e também genotipados para os marcadores, e outro em que os indivíduos das gerações futuras são medidos para as características quantitativas mas não são genotipados para os marcadores. Inicialmente consideraremos o segundo caso e posteriormente o primeiro.

Em muitas espécies de plantas, um grupo de progênie F3 pode ser facilmente produzido de cada indivíduo F2. Na ausência de seleção ou viabilidade diferenciada, o grupo de progênie F3 terá, na média, a mesma frequência de alelos dos pais F2. Dessa forma o contraste será igual ao do delineamento F2, mas a variância do resíduo pode ser significativamente reduzida, pois vários indivíduos F3 podem ser

medidos para cada genótipo de F2. Todas as progênes de um indivíduo F2 terão um mesmo componente genético igual à metade da variância genética, que não estará incluída na variância do resíduo. Dessa forma, este delineamento e o delineamento de netas são muito úteis para características com baixa heritabilidade.

Para espécies autocruzantes com limitada fertilidade nas fêmeas, como é o caso de gado de leite, os genótipos podem ser determinados em uma amostra da progênie de um pai heterozigoto, e as características quantitativas podem ser medidas nas netas (isto é, as progênes descendentes de um pai heterozigoto genotipado). Este delineamento de netas (Weller et al., 1990) está representado na Figura 4. Os filhos de touros heterozigotos para os marcadores são genotipados e as filhas destes filhos (isto é, as netas dos touros) são medidas para as características quantitativas. Supõe-se que os acasalamentos com os touros (avós) e os filhos são ao acaso. Dessa forma, apenas a metade das netas receberá o alelo paterno, e a esperança do contraste entre os grupos de progênes (netas) é apenas a metade do que é no delineamento de filhas. Todavia, um número muito maior de registro de desempenho pode mais do que compensar a redução do valor do contraste.

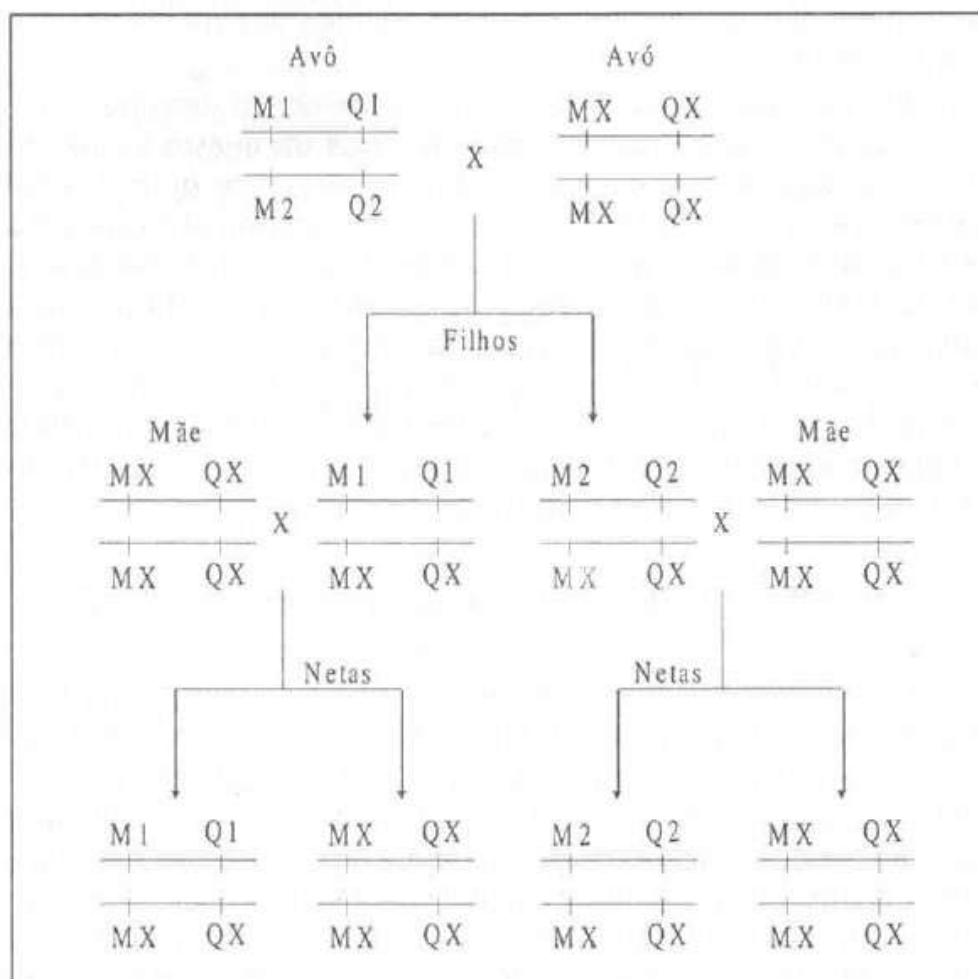


Figura 4. Diagrama do delineamento de netas para o caso de uma única família.

Este delineamento tem a vantagem, que para certas espécies, especialmente gado de leite, a população comercial de gado já tem a estrutura apropriada e as características quantitativas de interesse já são medidas rotineiramente pela indústria.

Um QTL ligado ao marcador pode ser detectado neste tipo de delineamento por meio da análise pelo seguinte modelo linear:

$$Y_{ijklm} = GS_i + A_{ij} + SO_{ijk} + B_l + e_{ijklm} \quad (3)$$

onde GS_i é o efeito do avô i , SO_{ijk} é o efeito do indivíduo k com o alelo marcador j , filho do avô i , e os demais termos são os mesmos já definidos para a equação (2). À semelhança do delineamento de filhas, um efeito significativo do alelo marcador é indicativo de um QTL ligado ao marcador. A significância do efeito pode ser testada pela ANOVA, utilizando-se no numerador o quadrado médio do marcador. Todavia, este quadrado médio inclui também um componente devido à diferença entre filhos, e, assim, o denominador para um teste de F correto será uma função dos quadrados médios dos filhos e dos resíduos (Ron et al. 1994). Uma forma alternativa de se testar a significância deste efeito é realizar o teste do qui-quadrado, à semelhança do que é realizado para o delineamento de filhas.

Neste delineamento, aumentando-se o número de netas, reduz-se a variação residual, sem no entanto reduzir a variação genética entre grupos de progênies. Isto faz com que a vantagem deste delineamento seja maior para as características de baixa heritabilidade.

Embora o poder estatístico para todos os delineamentos aqui considerados seja discutido posteriormente com mais detalhes, apresenta-se na Tabela 4 a variância esperada devido ao QTL para os vários delineamentos. Em todos os casos considerou-se $r = 0$. Para os delineamentos em populações segregantes, admitiram-se também apenas dois alelos com igual frequência para o QTL. Os resultados para o F2 foram calculados considerando-se $d = a$ e $d = 0$. As variâncias para os demais delineamentos foram obtidas supondo-se $d = 0$.

Tabela 4. Variância esperada devido ao QTL.

	Delineamentos					
	F2 ($d = a$)	F2 ($d = 0$)	BC	Irmãos completos	Meio-irmãos	Netas
Variância do QTL	$3a^2/2$	$a^2/2$	$a^2/4$	$a^4/8$	$a^2/8$	$a^2/32$

Exceto pelo delineamento de irmãos completos, a variância devido ao QTL é uma função de a^2 . Considerando que o efeito do QTL geralmente é menor do que o desvio-padrão do resíduo, o delineamento de irmãos completos terá uma variância devido ao QTL muito menor do que os outros delineamentos. À exceção deste delineamento, os demais estão listados na Tabela 4, em ordem decrescente da variância do QTL. A variância do QTL é aproximadamente proporcional ao inverso do tamanho da amostra necessária para se ter um determinado poder de detecção de QTL. Dessa forma, o delineamento de netas exigirá aproximadamente 16 vezes mais registros para se obter o mesmo poder que o delineamento F2 com $d = 0$.

Quando gerações adicionais são genotipadas e medidas para a característica quantitativa, o poder de detecção não aumenta por indivíduo genotipado, mas a precisão no mapeamento do QTL aumenta, devido a uma geração adicional de

recombinação. A vantagem da geração adicional com relação ao mapeamento do QTL será considerado em maiores detalhes posteriormente.

3. Poder estatístico para detectar QTL

O poder estatístico para detectar QTL depende do número de indivíduos genotipados para os marcadores e medidos para as características quantitativas, da magnitude do erro tipo I permitido, do efeito do QTL em relação às variâncias genéticas e do meio ambiente, da taxa de recombinação entre QTL e marcador, do delineamento experimental usado e do método de análise. Considerando-se que o número de combinações possíveis é muito grande, serão apresentados alguns exemplos da literatura e discutidos de forma geral os efeitos de alguns parâmetros sobre o poder estatístico do experimento.

Embora intuitivamente possa parecer que as metodologias estatísticas que proporcionam estimativas mais precisas dos parâmetros sejam as mesmas que aumentam o poder de detecção, os resultados com simulação não têm geralmente mostrado isso. A Máxima Verossimilhança (ML) que utiliza todas as informações dos dados, aparentemente deveria ter maior poder de detecção do que a ANOVA que utiliza apenas a média e a variância da distribuição. Resultados de simulação (Simpson, 1992) não têm indicado esta superioridade. Na maioria dos casos o poder baseado no teste de t ou ANOVA para análise de uma característica tem sido semelhante ao obtido com a ML.

3.1 Estimativa do poder estatístico em cruzamentos entre linhagens consangüíneas

Diferentes estudos sobre estimativa do poder de detecção do QTL têm considerado o efeito de substituição dos alelos do QTL em termos do desvio-padrão fenotípico, residual ou genético. Contudo, considerando que as variâncias genéticas e do resíduo só são conhecidas *a posteriori*, os efeitos do QTL são expressos em unidades do desvio-padrão fenotípico (SDU). Soller et al. (1976) calcularam o número de progênies necessárias para se obter determinado poder de detecção para os delineamentos BC e F2, baseando-se no teste de t. No caso do F2, apenas os indivíduos homozigotos foram considerados. O número de progênies (n) necessário é calculado por:

$$n = \frac{2(Z_{\alpha} + Z_{\beta})^2}{(\delta/\sigma)^2} \quad (4)$$

onde Z_{α} e Z_{β} são os valores para os erros tipo I (α) e II (β) obtidos na distribuição normal padrão, δ é a esperança do contraste entre as médias dos grupos de marcadores, e σ é o desvio-padrão do resíduo. A esperança do contraste e o número de progênies necessário para se ter um poder de detecção $(1 - \beta)$ de 90%, quando $2a = 0,282\sigma$, $r = 0$, $\alpha = 0,05$ e $\beta = 0,1$, são apresentados na Tabela 5. Um loco com essa magnitude de efeito é responsável por 1% da variância fenotípica em um população de F2.

Tabela 5. Esperança dos contrastes e número de progênies necessário para se obter um poder de detecção de 90% nos delineamentos BC e F2.

Cruzamentos	Contraste	Tamanho da amostra	Dominância		
			$d = -a$	$d = 0$	$d = a$
BC	$(a-d)/(1-2r)$	$2n$	525	2100	-
F2	$2a(1-2r)$	$4n$	1050	1050	1050

O efeito da magnitude do QTL e a taxa de recombinação entre QTL e marcador sobre o tamanho da amostra para se obter um determinado poder é quadrático. Assim, para se obter o mesmo poder quando o efeito do QTL é a metade de um dado valor, torna-se necessário medir-se quatro vezes mais indivíduos. Em ambos os delineamentos (BC e F2), a magnitude do efeito do QTL medido decrescerá proporcionalmente a $1-2r$ quando comparado a uma ligação completa ($r = 0$). Neste caso, para se obter o mesmo poder de detecção do que quando $r = 0$, será necessário aumentar-se o tamanho do experimento equivalente ao fator $1/(1-2r)^2$. Por ex., para $r = 0,1$, o tamanho da amostra deve aumentar 1,5625 vezes, ou seja, passar de 1.050 para 1.641 indivíduos.

Pode-se observar, na Tabela 6, uma grande variação no número de indivíduos que necessitam ser medidos, em função da magnitude do erro que estamos dispostos a aceitar, do poder de detecção, da taxa de recombinação e da porcentagem da variância fenotípica que é devido ao QTL. Para determinarmos o número de indivíduos necessários, no delineamento BC, basta multiplicarmos por dois os números apresentados na Tabela 6. Isso significa dizer que, para as condições apresentadas, o delineamento BC necessita duas vezes mais indivíduos que o delineamento F2 para se obter o mesmo poder de detecção de um QTL.

No caso de F2, o poder também pode ser estimado pela ANOVA, incluindo-se todos os três genótipos. A probabilidade da hipótese alternativa é calculada baseando-se na distribuição não-central de F. Segundo Soller et al. (1976), o poder de detecção ao incluir os heterozigotos só será maior se $|d| > a/2$.

Quando o QTL se localiza entre dois marcadores, o efeito medido do QTL não é reduzido pela taxa de recombinação, exceto no caso de dupla recombinação, mas em uma análise com um modelo linear simples, os indivíduos recombinantes serão eliminados. A proporção de recombinantes para os delineamentos F2 e BC será de $(1-R)^2$ e $(1-R)$, respectivamente, onde R é a taxa de recombinação entre os dois marcadores. Assim, o poder, quando o QTL está entre dois marcadores, será reduzido por este fator quando comparado à situação de completa ligação. Considerando $R = 2r_1$, que é a situação ótima para o caso de QTL entre dois marcadores, o poder com marcadores flanqueando o QTL será aumentado em $(1-R)$ no caso do delineamento BC e será igual ao da análise com um único marcador para o delineamento F2 (Weller, 1992).

Tabela 6. Número de indivíduos F2 necessários para se detectar ligação entre marcador e QTL.

Erro Tipo I	Poder do Teste %	Taxa de Recombinação	Contribuição do locus para a variância genética aditiva (% da variância fenotípica)			
			1,0	1,5	2,0	5,0
5%	80	0,0	788	350	197	32
		0,1	1229	546	307	49
		0,2	2191	973	548	88
	90	0,0	1056	469	264	42
		0,1	1647	732	412	66
		0,2	2936	1304	734	117
10%	80	0,0	615	273	154	25
		0,1	958	426	239	38
		0,2	1709	759	427	69
	90	0,0	855	380	214	34
		0,1	1334	593	334	53
		0,2	2378	1056	594	95

3.2 Estimativa do poder para populações segregantes

Soller e Genizi (1978) estimaram o poder de detecção de QTL para o delineamento de filhas considerando uma análise de variância aninhada. Weller et al. (1990) estimaram o poder para os delineamentos de filhas e netas usando o teste de qui-quadrado, concluindo que quando o tamanho da amostra era grande, os dois métodos eram virtualmente os mesmos resultados. Weller et al. (1990) admitiram que a soma dos quadrados dos contrastes entre alelos dentro de famílias paternas teriam uma distribuição central de qui-quadrado sob a hipótese de nulidade, e uma distribuição não-central de qui-quadrado sob a hipótese alternativa. Os seus cálculos foram baseados na pressuposição de que apenas dois alelos do QTL estariam segregando na população. Dessa forma, a metade dos touros seriam homozigotos para o QTL e a esperança do contraste dos alelos paternos para estas famílias seria zero.

Assim, considerando-se o erro tipo 1 (α), o poder para se detectar ligação entre QTL e marcador é dado por:

$$P_i = 1 - B = 1 - p[\chi_2^2 (NC, NS) < \gamma] \quad (5)$$

onde B é o erro tipo II, $p[\chi_2^2 (NC, NS) < \gamma]$ é a probabilidade do valor do qui-quadrado ser menor do que o valor de γ , dado o parâmetro não-central NC e NS graus de liberdade, e γ é o valor do qui-quadrado central para um erro tipo 1, igual

a α e com NS graus de liberdade. Para o caso da hipótese de nulidade, ou seja, não há ligação entre QTL e marcador, $NC = 0$. Para uma hipótese alternativa qualquer, a esperança do NC pode ser calculada como:

$$NC = (NS * F * A^2) / SE^2 \quad (6)$$

onde F é a fração de touros heterozigotos para o marcador ligado ao QTL, A é o efeito médio da substituição de genes do QTL e SE é o erro padrão do contraste $M1 - M2$. F, A e SE são obtidos pelas equações:

$$F = 2pq \quad (7)$$

$$A = a + (p - q)d \quad (8)$$

$$SE^2 = 4 (1 - h^2/4)/ND \quad (9)$$

onde p e q são as freqüências dos alelos q_1 e q_2 do QTL, a é a metade da diferença entre os dois homozigotos para o QTL, d é a diferença entre o heterozigoto para QTL e a média dos dois homozigotos, h^2 é a heritabilidade da característica e ND é o número de filhas. Os termos a e d são medidos em unidades do desvio-padrão fenotípico. As equações (7) e (8) são encontradas em FALCONER (1981).

As mesmas equações para o cálculo do poder do delineamento de filhas podem ser utilizadas para o cálculo do poder do delineamento de netas. Para isto, $NS = NGS$ (número de avós) na equação (6), $SE = SEG$ e $NC = NCG$ e são calculados como:

$$SEG^2 = (3/4 * h^2 + (4 - h^2)/ NG)/ NO \quad (10)$$

$$NCG = (NGS * F * A^2)/4 SEG \quad (11)$$

onde NG é o número de netas por filho (touro) e NO é o número de filhos (touros) de cada avô. Os demais termos são iguais aos já definidos. Assim, o poder do delineamento de netas pode ser calculado pela equação (5) substituindo-se NC por NCG e NS por NGS.

Devido à natureza discreta do efeito de touro, a fração de touros heterozigotos (F) pode ser muito diferente do que se espera quando se tem um número pequeno destes. Isto é devido à amostragem ao acaso e, portanto, o poder dos delineamentos devem ser calculados considerando-se a natureza discreta da distribuição dos touros, utilizando-se a distribuição binomial com pequenos ajustes nas equações (6) ou (11) e (5). Nas equações (6) ou (11), a proporção de touros heterozigotos (F) é calculada como:

$$F_i = \frac{N_i}{NS} \text{ para } i = 1, 2, \dots, NS, \text{ ou seja, } F_i \text{ varia de } 0 \text{ a } 1;$$

onde N_i é o número de touros heterozigotos e NS o número total de touros sendo considerados, e

$$PF = \sum_{i=1}^{NS} pb_i * P_i \quad (12)$$

onde PF é o poder final, pb_i é a probabilidade pela distribuição binomial de que o touro i é heterozigoto e P_i é o poder como calculado em (5).

O poder dos delineamentos de irmãs e netas em detectar ligação entre marcador e QTL considerando diferentes heritabilidades e efeitos gênicos para diferentes tamanhos de família foi estudado por Martinez (1998a).

Os resultados do delineamento de netas são mostrados na Tabela 7, considerando-se diferentes heritabilidades e efeitos médios da substituição de alelos. Como esperado, o poder do delineamento aumentou com o aumento do número de avôs, touros por avô, filhas por touro e efeito da substituição de alelos (A). Por outro lado diminuiu quando a heritabilidade aumentou. Para se obter poder de 94% para se detectar ligação foram necessárias cinco famílias (avôs) com 100 filhos (touros), cada um com 100 filhas se A for 0,3. Para se alcançar poder próximo ($P = 96\%$), sendo A igual a 0,2, é necessário o dobro de avôs com o mesmo número de filhas e netas. Quando o efeito de substituição é ainda menor ($A = 0,1$), o número necessário de avôs, para se conseguir uma eficiência equivalente, é muito maior.

Observou-se, ainda, que o número de touros por avôs afeta o poder muito mais do que o número de avôs, ou seja, quando a capacidade de se realizar análise do genótipo é limitada, é melhor ter mais touros/avô do que muitos avôs com menos touros. Esse efeito da estrutura da família independe da heritabilidade e do efeito da substituição de alelos.

Na Tabela 8 são apresentados os valores do poder do delineamento de filhas para diferentes heritabilidades e efeitos médios da substituição de alelos. Os efeitos de substituição afetaram o poder deste delineamento à semelhança do delineamento de netas. Com um efeito de substituição de alelos de 0,1, independentemente do valor da heritabilidade, o poder para se detectar ligação é no máximo de 8 a 9%, mesmo com 100 touros e 100 filhas por touro. Sob as condições de $A = 0,1$ e heritabilidades menores do que 0,5, para se obter um poder de 95%, são necessários no mínimo 20 touros com pelo menos 2.000 filhas por touro, podendo ser inviável em muitas situações práticas, devido à dificuldade e ao custo para a realização de todas as medições necessárias. É importante observar que, neste delineamento, o poder aumenta com o aumento da heritabilidade, porém em uma escala muito menor do que com o aumento do efeito da substituição de alelos. Por exemplo, para um delineamento de 40 touros com 100 filhas, o poder foi de 4, 38 e 92% para valores de $A = 0,1$, 0,2 e 0,3, respectivamente, para heritabilidade de 0,1. Quando a heritabilidade foi 0,5, os valores correspondentes foram: 5, 45 e 96%.

Tabela 7. Poder do delineamento de netas para detectar ligações entre um marcador genético e um loco de uma característica quantitativa.

Número de			Poder ^a (% de detecção)									
			Heritabilidade									
			0,1			0,2			0,5			
Avôs	Touros/Avô	Filhas/Touro	A ^b :	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,3
5	20	25		2	6	17	2	4	12	1	3	6
		50		2	10	30	2	6	18	1	3	7
		100		3	15	43	2	7	23	1	3	8
	40	25		3	14	42	2	10	30	2	5	15
		50		4	26	62	3	15	43	2	6	18
		100		6	37	75	3	19	52	2	7	20
	100	25		8	47	82	5	35	73	3	17	48
		50		13	67	91	8	48	83	4	21	55
		100		20	79	94	10	57	87	4	23	59
10	20	25		2	9	30	2	6	20	1	3	9
		50		3	17	51	2	9	31	1	4	11
		100		4	26	68	2	12	40	2	4	13
	40	25		4	25	68	3	17	52	2	8	26
		50		6	45	87	4	26	69	2	9	32
		100		9	62	94	5	34	78	2	11	36
	100	25		12	73	97	8	58	96	4	30	74
		50		23	90	99	13	74	97	5	37	81
		100		36	96	99	17	83	98	6	41	84
20	20	25		3	15	53	2	10	37	2	5	16
		50		4	30	79	3	16	54	2	6	20
		100		6	46	92	3	21	66	2	6	23
	40	25		5	45	91	4	30	80	2	13	46
		50		10	72	99	6	47	92	3	16	55
		100		16	88	99	7	59	96	3	19	61
	100	25		22	94	99	14	85	99	6	53	94
		50		42	99	99	23	95	99	8	62	97
		100		61	99	99	31	98	99	9	68	98

^a Considerando taxa de recombinação igual a zero; frequência de alelos iguais a 0,5 e erro tipo 1 igual a 0,01.

^b A = efeito médio da substituição de alelos (em unidades de desvio-padrão fenotípico).

Fonte: Martinez (1998a).

Tabela 8. Poder do delineamento de filhas para detectar-se ligação entre um marcador genético e um loco de uma característica quantitativa.

Número de		Poder* (% de detecção)									
Touros	Filhas/Touro	Heritabilidade									
		A ^b :	0,1			0,2			0,5		
			0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,3
20	25		1	3	8	1	3	8	1	3	9
	50		2	7	24	2	7	25	2	8	29
	100		3	20	66	3	21	68	3	24	74
40	25		1	4	14	1	4	15	1	5	17
	50		2	11	45	2	12	47	2	14	54
	100		4	38	92	4	39	93	5	45	96
80	25		2	7	27	2	7	28	2	8	33
	50		2	22	77	3	23	78	3	26	84
	100		7	67	99	7	69	98	8	76	99
100	25		2	8	33	2	8	35	2	9	40
	50		3	27	86	3	28	87	4	33	91
	100		8	77	99	8	79	99	9	85	99

^a Considerando taxa de recombinação igual a zero; A em unidade de desvio-padrão fenotípico; frequência de alelos iguais a 0,5 e erro tipo 1 igual a 0,01.

^b A = efeito médio da substituição de alelos (em unidades de desvio-padrão fenotípico).

Fonte: Martínez (1998a).

À semelhança do delineamento de netas, o poder do delineamento de filhas é afetado pela estrutura das famílias.

Os valores máximos do poder estatístico para os delineamentos de netas e filhas variando-se o efeito da substituição de alelos, quando o número de indivíduos a serem genotipados é fixo podem ser observados nas Tabelas 9 e 10.

Tendo-se apenas 400 indivíduos para serem genotipados (Tabela 9), o poder é maior quando se tem 10 avôs com 40 filhas do que quando se tem 20 avôs com 20 filhas. Em todas as combinações estudadas, à medida que aumentou o número de filhas por touro, diminuiu-se o efeito da estrutura da família, ou seja, mais touros por avô *versus* o número de avôs com menos touros. À semelhança do delineamento de netas, o poder de delineamento de filhas é afetado pela estrutura das famílias (Tabela 10).

Tabela 9. Valores máximos do poder para diferentes combinações do número de avôs e touros a serem genotipados para um número fixo de animais a serem analisados no delineamento de netas.

Genótipos	Número total de			A ^b :	Poder ^a (% de detecção)		
	Avôs	Touros/Avô	Filhas/Touro		0,1	0,2	0,3
200	5	40	25		2	10	30
			50		3	15	43
			100		3	19	52
	10	20	25		2	6	20
			50		2	9	31
			100		2	12	40
400	10	40	25		3	17	52
			50		4	26	69
			100		5	34	78
	20	20	25		2	10	37
			50		3	16	54
			100		3	21	66
1.000	5	200	25		14	68	91
			50		20	79	94
			100		26	85	96
	10	100	25		8	58	93
			50		13	74	97
			100		17	83	98
2.000	10	200	25		24	90	99
			50		36	96	99
			100		46	98	99
	20	100	25		14	85	99
			50		23	95	99
			100		31	98	99

^a Considerando-se $\alpha = 0,01$, $p = q = 0,5$, $h^2 = 0,2$ e $r = 0$.

^b A = efeito médio da substituição de alelos (em unidades de desvio-padrão fenotípico).

Fonte: Martinez (1998a).

Quando o número de indivíduos a ser genotipado foi de 4.000, o poder para um efeito de substituição de alelos do QTL de 0,2 foi mais do que o dobro (56% *versus* 23%), com uma estrutura de 20 touros com 200 filhas/touro do que com 80 touros com 50 filhas/touro. Isto significa que um planejamento adequado da estrutura de família pode aumentar o poder de detecção sem aumentar os custos com as análises dos genótipos.

Tabela 10. Valores máximos do poder de detecção para diferentes combinações do número de touros e filhas por touro a serem genotipados para um número fixo de animais a serem analisados no delineamento de filhas.

Genótipos	Número total de		A ^b :	Poder ^a (% de detecção)		
	Touros	Filhas/Touro		0,1	0,2	0,3
1.000	20	50		2	7	25
	40	25		1	4	15
1.500	20	75		2	13	47
	60	25		2	6	21
2.000	20	100		3	21	68
	40	50		2	12	47
	80	25		2	7	28
3.000	40	75		3	24	78
	60	50		3	17	65
4.000	20	200		7	56	95
	40	100		4	39	93
	80	50		3	23	77
6.000	60	100		6	56	98
	80	75		5	46	97

^a Considerando-se $\alpha = 0,01$, $p = q = 0,5$, $h^2 = 0,2$ e $r = 0$.

^b A = efeito médio da substituição de alelos (em unidades de desvio-padrão fenotípico).

Fonte: Martínez (1998a).

Os efeitos da taxa de recombinação entre QTL e marcador, da frequência dos alelos do QTL e da substituição de alelos para características com heritabilidades menores de 0,1 foram estudados por Martínez (1998b) para o delineamento de filhas. Neste estudo a frequência gênica apresentou um grande efeito sobre o poder quando esta variou de 0,5 para 0,1 (Tabela 11).

Observou-se que, quando a frequência gênica era de 0,5, foram necessários 4.000 indivíduos (40 touros com 100 filhas/touro) para se obter um poder de 90%, com erro tipo I de 0,01. Todavia, quando a frequência gênica foi de 0,1, mesmo com 10.000 indivíduos (100 touros com 100 filhas/touro), obteve-se apenas um poder de 24%. Neste caso, para se obter poder equivalente (90%), seriam necessários 80 touros com 400 filhas/touro, ou seja, oito vezes mais indivíduos deveriam ser analisados genética e fenotipicamente.

Tabela 11. Efeito da frequência (p) do alelo sobre o poder para detectar ligação entre um marcador genético e um loco de uma característica quantitativa, com heritabilidade = 0,1, efeito da substituição de alelos igual a 0,3 unidades de desvio-padrão fenotípico e taxa de recombinação = 0.

Número total de		Poder (% de detecção) - Frequência do alelo				
Touros	Filhas/Touros	α^* :	0,1		0,5	
			0,01	0,05	0,01	0,05
20	25		2	8	8	22
	50		3	11	25	47
	100		7	19	64	82
40	25		2	9	14	33
	50		4	14	45	69
	100		11	27	90	97
80	25		3	10	27	51
	50		6	18	76	90
	100		20	39	99	99
100	25		3	11	33	58
	50		7	21	85	95
	100		24	45	99	99

* α = erro tipo 1

Fonte: Martinez (1998b).

Tabela 12. Efeito da taxa de recombinação sobre o poder para detectar ligação entre um marcador e loco de uma característica com heritabilidade igual a 0,04.

Número total de		Poder* (% de detecção) - Taxa de recombinação		
Touros	Filhas/Touros	0	0,1	0,2
20	25	11	8	7
	50	18	13	9
	100	36	23	14
	200	66	46	26
	400	89	76	51
40	25	13	10	7
	50	26	17	11
	100	54	34	18
	200	87	67	39
	400	98	93	73
80	25	18	12	8
	50	39	23	13
	100	77	51	26
	200	98	88	58
	400	99	99	92
100	25	20	13	9
	50	44	26	15
	100	84	58	30
	200	99	93	65
	400	99	99	99

* $p = 0,2$; $A = 0,3$ e $\alpha = 0,05$.

Fonte: Martinez (1998b).

O poder em se detectar ligação se reduz substancialmente se a taxa de recombinação (r) não for zero. Na Tabela 12 são apresentados os valores do poder para diferentes estruturas de famílias considerando-se diferentes taxas de recombinação e erro tipo 1 igual a 0,05. Pode-se observar que, à medida que a taxa de recombinação aumentava, o poder diminuía. Por exemplo, um poder de cerca de 90% pode ser obtido com 8.000 indivíduos (20 touros com 400 filhas), se houver uma perfeita ligação ($r = 0$) entre marcador e QTL. Todavia, se a taxa for igual a 0,1, o poder já diminui para 76%, e será de apenas 51% para $r = 0,2$. Em geral, para se manter o mesmo poder quando r é diferente de zero, é necessário medir $1/(1 - 2r)^2$ mais animais, pois a taxa de recombinação diminui em $(1 - 2r)$ a diferença média entre os grupos de progênies que recebem diferentes alelos do marcador.

O poder diminui nos delineamentos com replicação de progênies com o aumento da heritabilidade se o efeito do QTL é expresso em unidades de desvio-padrão fenotípico. Embora o desvio-padrão fenotípico seja economicamente relevante, é a variância genética que deve ser explicada pelo QTL. Quando o QTL é expresso relativo ao desvio-padrão genético, não há praticamente nenhuma relação entre heritabilidade e poder, se o número de netas for grande.

4. Bibliografia consultada

FALCONER, D.S. *Introduction to Quantitative Genetics*. 2. ed. New York, Longman, 1981.

HALEY, C.S. *Third Nordic Genome Workshop*, Oslo, p.22-24, october: A-13, 1993.

MARTINEZ, M.L. Eficiência dos delineamentos de filhas e netas para detectar ligação entre marcador e loci de característica quantitativa. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 27, n. 4, p. 707-714, 1998a.

MARTINEZ, M.L. Efeitos da substituição de alelos, da frequência gênica e da taxa de recombinação sobre o poder de se detectar ligação entre um marcador genético e loci de característica quantitativa de baixa heritabilidade. *Revista Brasileira de Zootecnia*, Viçosa, v. 27, n. 4, p. 715-721, 1998b.

NEIMANN-SOERSEN, A.; ROBERTSON, A. The association between blood groups and several production characters in three Danish cattle breeds. *Acta Agriculturae Scandinavica*, Oslo, v. 11, p. 163-196, 1961.

RON, M.; YOFFE, O.; EZRA, E.; MEDRANO, J.F.; WELLER, J.I. Determination of milk protein effects on production traits of Israeli Holsteins. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 77, p. 1106-1113, 1994.

RONNINGN, K. Potencial genetic techniques/strategies to improve resistance to disease. In: 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Guelph, Ontario, Canada, v. 20, p. 269-276, 1994.

SIMPSON, S.P. Correction: Detection of linkage between quantitative trait loci and restriction fragment length polymorphisms using inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 85, p. 110-111, 1992.

SMITH, C. Improvement of metric traits through specific genetic loci. *Animal Production*, Edinburgh, v. 9, p.349-358, 1967.

SOLLER, M.; GENIZI, A.; BRODY, T. On the power of experimental designs for the detection of linkage between marker loci and quantitative loci in crosses between inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 47, p. 35-59, 1976.

SOLLER, M.; GENIZI, A. The efficiency of experimental designs for the detection of linkage between a marker locus and a locus affecting a quantitative trait in segregating populations. *Biometrics*, Washington, v. 34, p. 47-55, 1978.

WELLER, J.I.; KASHI, Y.; SOLLER, M. Power of "daughter" and "granddaughter" designs for genetic mapping of quantitative traits in dairy cattle using genetic markers. *Journal of Dairy Science*, Champaign, v. 73, p. 2525-2537, 1990.