

JOÃO CRUZ REIS FILHO

**ENDOGAMIA NA RAÇA GIR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Magister Scientiae”

VIÇOSA  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2006

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e  
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

R375e  
2006

Reis Filho, João Cruz, 1981-  
Endogamia na raça Gir / João Cruz Reis Filho.  
– Viçosa : UFV, 2006.  
x, 49f. : il. ; 29cm.

Orientador: Paulo Sávio Lopes.  
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de  
Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 46-49.

1. Bovino de leite - Genética. 2. Gir (Zebu) - Melho-  
ramento genético. 3. Leite - Produção. 4. Endogamia.  
I. Universidade Federal de Viçosa. II.Título.

CDD 22.ed. 636.20821

JOÃO CRUZ REIS FILHO

**ENDOGAMIA NA RAÇA GIR**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para a obtenção do título de “Magister Scientiae”

APROVADA: 10 de fevereiro de 2006

---

Prof. Robledo de Almeida Torres  
(Conselheiro)

---

Dr. Rui da Silva Verneque  
(Conselheiro)

---

Prof. Ricardo Frederico Euclides

---

Dr. Mário Luiz Martinez

---

Prof. Paulo Sávio Lopes  
(Orientador)

Aos meus maiores incentivadores,  
meus pais Rosalva e João,  
dedico este trabalho.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por dar prova de Sua existência nos momentos de descrença.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pelo abrigo das diversas gerações de minha família.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão das bolsas de Iniciação Científica e de Mestrado.

À Embrapa Gado de Leite, por proporcionar as condições necessárias para a realização deste trabalho.

À ABCGIL (Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro), por congregar uma verdadeira seleção de criadores e funcionários.

À raça Gir e aos seus selecionadores, em especial aos que gentilmente me receberam e disponibilizaram seus arquivos particulares de inestimável valor.

Ao professor Paulo Sávio, pela confiança e orientação desde a Iniciação Científica.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, meu tutor, pelos ensinamentos, pelo constante estímulo e disponibilidade.

Ao Dr. Rui da Silva Verneque, pela amizade, pelos ensinamentos, pelo exemplo, pela disposição ímpar, pelas conversas infundáveis sobre a “roça” e por me integrar em seu convívio familiar.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides e ao Dr. Mário Luiz Martinez, por enriquecerem a banca examinadora.

Ao Dr. Juan Pablo Gutiérrez, pela cessão do programa ENDOG e pela pronta colaboração em torná-lo adequado a este estudo.

A Carla, Condé, Felipe, Gilberto, Luanna, Mário e Rodrigo, pela grandiosa colaboração na digitação dos dados de campo.

A todos os meus amigos e colegas de pós-graduação, pela agradável convivência.

Ao pessoal da Embrapa Gado de Leite, em especial a Roberto Teodoro, Maria Gabriela, Marcos Vinícius, Marco Antônio, Ivete, Aline, Cátia e Juca, pelo agradável convívio.

Ao pessoal da ABCGIL, em especial à Miriam, André, Tiburga e Zé Geraldo, pela colaboração.

Ao meu amigo Fábio, pelas conversas, pelos estudos e pelas caminhadas sempre proveitosas.

Aos meus bons amigos Pilantras (Adílson, André, Flávio, João Luiz, Léo e Raphael), pela convivência.

A todos os amigos de Miradouro, pelos momentos de descontração e alegria.

Aos meus mais que primos Rodolphinho, Robledinho e Rodriguinho, pela amizade.

Aos meus Tios Rodolpho e Cidinha, por me adotarem temporariamente, e também a Juju, Letícia, Luísa e Álvaro, por me receberem e tornarem tão melhor a minha estada em Juiz de Fora.

A D. Iemar, Débora e Filipe, pelo carinho com que me acolheram, pelos alegres momentos de convivência e pela generosidade em compartilhar as preciosas horas do Dr. Rui.

A todos os Melhoristas da família, pelo exemplo.

Aos meus pais, por tudo.

Às minhas irmãs Deise e Denise, ao meu cunhado Conrado e a esperada Carolina, por constituírem a minha família.

À Natália, pelo amor, pelo incentivo, pelo companheirismo e pela compreensão nas horas de ausência e por ter uma família especial (Sr. Francisco, D. Lúcia e Cleide).

A todos que, de uma forma ou de outra, contribuíram para a realização deste trabalho.

## **BIOGRAFIA**

JOÃO CRUZ REIS FILHO, filho de João Cruz Reis e Rosalva Torres da Cruz Reis, nasceu em 22 de novembro de 1981, em Belo Horizonte, MG.

Em fevereiro de 1996, ingressou na Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, MG, por meio de seu Colégio de Aplicação (COLUNI), onde cursou o Ensino Médio.

Em março de 1999, iniciou o Curso de Agronomia na UFV, onde foi bolsista de iniciação científica na área de Melhoramento Animal, já orientado pelo Professor Paulo Sávio Lopes.

Em janeiro de 2002, iniciou um programa de seleção da raça Gir para produção de leite, na Fazenda Sumaúma, em Miradouro, MG.

Em janeiro de 2004, obteve o título de Engenheiro Agrônomo pela Universidade Federal de Viçosa e, em março desse mesmo ano, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV, em nível de Mestrado, submetendo-se à defesa de tese em 10 de fevereiro de 2006.

## CONTEÚDO

<b>RESUMO</b> .....	<b>VII</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>IX</b>
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	<b>1</b>
<b>2. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>4</b>
2.1. ENDOGAMIA E ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO .....	4
2.2. DEPRESSÃO ENDOGÂMICA .....	6
2.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA E ENDOGAMIA.....	10
<b>3. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>12</b>
3.1. ARQUIVO DE PEDIGREE.....	12
3.2. ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO .....	13
3.3. INFORMAÇÕES DE PRODUÇÃO .....	17
3.4. ANÁLISES E MODELOS ESTATÍSTICOS PARA ESTUDO DO EFEITO DA ENDOGAMIA .....	18
3.5. AVALIAÇÃO GENÉTICA .....	21
<b>4. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>24</b>
4.1. ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO .....	24
4.2. EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE AS CARACTERÍSTICAS .....	30
4.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA .....	41
<b>5. CONSIDERAÇÕES FINAIS</b> .....	<b>45</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>46</b>

## RESUMO

REIS FILHO, João Cruz, M.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2006.  
**Endogamia na raça Gir.** Orientador: Paulo Sávio Lopes. Conselheiros:  
Robledo de Almeida Torres e Rui da Silva Verneque.

Os arquivos de pedigree e produção da raça Gir selecionada para produção de leite, armazenados na Embrapa Gado de Leite, foram utilizados para análise da estrutura genética da população, estudo do efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas, e avaliação genética comparativa entre base genética completa e selecionada. O programa ENDOG utilizou 27.610 animais no cálculo dos coeficientes individuais de endogamia (F) e de relação médio (CR), número efetivo de animais ( $N_e$ ), de fundadores ( $f_e$ ) e de ancestrais ( $f_a$ ), e do intervalo de gerações (IG). Os coeficientes F e CR médios da população foram 2,82% e 2,10%, respectivamente. O  $N_e$  variou de 16,1 a 125,3 entre as gerações completas. O  $f_e$  estimado foi 146 e o  $f_a$  foi 75, sendo que apenas 28 ancestrais foram responsáveis pela origem de 50% dos genes da população. O IG total foi de 8,41 anos, sendo maior para machos e menor para fêmeas. Registros de 24.045 lactações ocorridas entre 1960 e 2004, de 8.879 vacas distribuídas em 26 rebanhos, foram utilizados para verificação do efeito da endogamia sobre as características produtivas: produções de leite (PL), de gordura (PGOR), de proteína (PPRO), de lactose (PLAC) e de sólidos totais (PSOL) e duração da lactação (DLAC); e reprodutivas: idade ao primeiro parto (ID1P) e intervalo de partos (INTP). As análises de variância e de regressão utilizaram procedimentos do SAS. A análise de variância para as características produtivas e intervalo de partos considerou os efeitos fixos de rebanho, ano-estação do parto, classe de geração (CG) aninhado em rebanho, classe de endogamia (CF) e idade da vaca ao parto, como covariável, nos termos linear e quadrático). Para idade ao primeiro parto, o modelo incluiu os efeitos fixos de rebanho-ano do nascimento, época de nascimento, CF e CG-rebanho. As características produtivas foram afetadas por todas as fontes de variação ( $p < 0,05$ ). A idade da vaca ao parto e estação de

nascimento não afetaram ( $p > 0,05$ ) o intervalo de partos e idade ao primeiro parto, respectivamente. Realizou-se um estudo de regressão das características, ajustadas para as outras fontes de variação, em função do coeficiente médio de endogamia de cada classe, ponderando-se pelo número de observações de cada classe. Os termos linear e quadrático do modelo de regressão foram significativos ( $p < 0,01$ ) para as características produtivas, cujas maiores produções estiveram associadas a coeficientes de endogamia entre 10 e 12%. Somente o termo linear foi significativo ( $p < 0,05$ ) para ID1P. O modelo de regressão proposto não explicou ( $p > 0,05$ ) a característica INTP. As avaliações genéticas para produção de leite foram realizadas pelo sistema MTDFREML e utilizaram como base o arquivo de produção, acrescido de pai e mãe da vaca. Variou-se somente a informação de pedigree, ora utilizando toda informação disponível, ou base genética completa (BGC), ora utilizando apenas as informações de pedigree dos touros submetidos ao teste de progênie, ou base genética selecionada (BGS). A utilização da BGS, em média, subestimou os valores genéticos dos animais. Altas correlações de Pearson e Spearman entre os valores genéticos preditos pela utilização das duas bases foram obtidas. Contudo, a seleção de animais diferentes quando se utiliza uma base genética ou outra poderia incorrer em redução nos ganhos genéticos, sobretudo nos machos, mais influenciados pela informação de parentes.

## ABSTRACT

REIS FILHO, João Cruz, M.S., Universidade Federal de Viçosa, February 2006.  
**Inbreeding on Gyr cattle.** Adviser: Paulo Sávio Lopes. Committee members:  
Robledo de Almeida Torres and Rui da Silva Verneque.

The pedigree and production database of Gyr cattle selected for milk production, stored at Embrapa had been employed in this research work. There were studied population's genetic structure, inbreeding effects on productive and reproductive traits and a comparative genetic evaluation regarding a complete and selected genetic basis. The ENDOG program has used 27,610 animals to obtain the individual coefficients of inbreeding ( $F$ ) and average relatedness ( $CR$ ), the effective number of animals ( $N_e$ ), founders ( $f_e$ ) and ancestors ( $f_a$ ) and generation intervals ( $IG$ ). The average  $F$  and  $AR$  coefficients of population were 2.82 % and 2.10 %, respectively. The  $N_e$  ranged from 16.1 to 125.3 for complete generations. The estimated  $f_e$  and  $f_a$  were, respectively, 146 and 75, with only 28 ancestors being the source of 50 % of the populations genes. The total  $IG$  was 8.41 years, being higher for males than for females. Data from 24,045 lactations ended between 1960 and 2004, from 8,879 cows distributed in 26 herds, were used for verifying the effects of inbreeding over the productive traits: productions of milk ( $PL$ ), fat ( $PGOR$ ), protein ( $PPRO$ ), lactosis ( $PLAC$ ), total solids ( $PSOL$ ) and length of lactation ( $DLAC$ ); and reproductive traits: age at first calving ( $ID1P$ ) and calving interval ( $INTP$ ). The variance and regression analysis used SAS procedures. The variance analysis for productive traits and calving intervals considered as fixed effects the herd, year-season of calving, generation class ( $CG$ ) nested in herd, inbreeding class ( $CF$ ) and age of the cow at calving, as covariate, with linear and quadratic terms. For age at first calving there were considered in the model the fixed effects of herd-year of birth, birth season,  $CF$  and  $CG$ -herd. The productive traits were affected ( $p < 0.05$ ) by all sources of variation. The age of the cow at calving and birth season did not affect ( $p > 0.05$ ) the calving interval and age at first calving, respectively. A regression study of the traits, adjusted for others variation

sources, was carried out considering the average inbreeding coefficient of each class, weighted by the number of observations of the class. The linear and quadratic regression terms were significant ( $p < 0.01$ ) for productive traits, in which the higher production levels were associated to inbreeding coefficients between 10 and 12 %. Only the linear regression term was significant ( $p < 0.05$ ) for ID1P. The proposed regression model did not explain INTP. The genetic evaluation for milk production was performed by MTDFREML system, applying the production database plus information of cow's parents and two different pedigree structures. The complete genetic basis (BGC) considered all available information and the selected genetic basis (BGS) used a subset with only pedigree information of progeny test bulls. The employment of BGS, on average, underestimated the breeding values. High Pearson and Spearman correlations between predicted breeding values by the utilization of both genetics basis were obtained. However, the selection of different animals based on of the genetic basis could reduce the genetic gains, mainly in males, which are more influenced by relative's information.

## 1. INTRODUÇÃO

Originária da região de montanhas e florestas do Kathiawar, no distrito de Gujarat, Índia, a raça Gir foi introduzida oficialmente no Brasil mediante importações ocorridas entre 1906 e 1962. Uma vez em território nacional, sua ampla aceitação por criadores, graças à sua rusticidade e adaptabilidade aos mais diversos sistemas de produção, fez com que se espalhasse por todo o país.

Inicialmente selecionada para produção de carne, a raça Gir atravessou um momento de auge, quando foi a raça zebuína mais numerosa no país, e outro de decadência, quando plantéis inteiros de animais foram destinados ao abate. Contudo, foi na seleção para produção de leite, aptidão natural da raça na Índia, que esta “ressurgiu” para se tornar um dos pilares da pecuária leiteira nacional.

Atualmente, a raça Gir encontra-se distribuída em quase todas as regiões do país, presente em mais de 80% dos rebanhos leiteiros, constituídos de animais puros e cruzados. A participação da raça no mercado de sêmen tem crescido nos últimos anos, sendo líder no comércio de sêmen de origem nacional para o segmento leiteiro. Observa-se, também, crescimento do interesse do mercado internacional para aquisição de material genético da raça, por meio de sêmen, embriões e animais.

Estima-se que 6.262 animais zebuínos ingressaram no país, dos quais somente uma parte seria da raça Gir. Esse pequeno número de animais importados, conjugado com a divergência nos critérios originais de seleção (produção de carne ou de leite) e com a seleção praticada até hoje dentro dos rebanhos, conduziram, em maior ou menor intensidade, ao aumento da probabilidade de acasalamento de indivíduos aparentados (endogamia).

A endogamia reduz a heterozigosidade e, conseqüentemente, aumenta a homozigose, aumentando também a freqüência de genes deletérios recessivos, o que reduz o desempenho fenotípico e a viabilidade, fenômeno este conhecido como “depressão endogâmica”.

A bem-sucedida seleção para aptidão leiteira praticada na raça Gir, iniciada a partir de 1930 por instituições públicas e por um grupo de criadores, consolidou-se

com o surgimento do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro em 1985, executado pela Embrapa Gado de Leite em parceria com a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL). O programa contempla diversas ações de pesquisa, como: estudo de medidas de conformação e de manejo da raça, visando obter índices de desempenho no sistema linear de avaliação; estudo do efeito da somatotropina bovina (BST) sobre o desempenho produtivo e na classificação de animais; estudo da qualidade do sêmen e sua relação com a fertilidade das filhas; e estudo de pesos econômicos para seleção de touros. O programa, enfim, possibilitou a organização de ampla base de dados com informações de produção e reprodução. No âmbito do Programa, também realiza-se o teste de progênie de reprodutores, cujos resultados são publicados anualmente desde 1993, com o intuito de permitir a identificação e seleção de touros geneticamente superiores para características de produção, de conformação e de manejo.

Ao mesmo tempo que possibilitou maior fluxo genético entre os plantéis de seleção, os resultados publicados, de algum modo, levaram à intensificação do uso de reduzido número de touros provados. Com o desenvolvimento e aplicação em larga escala das técnicas reprodutivas (inseminação artificial, transferência de embriões e fecundação *in vitro*) e aumento na acurácia das avaliações genéticas (utilização do BLUP e Modelo Animal), a probabilidade de co-seleção de indivíduos pertencentes à mesma família é aumentada. Isso pode acarretar incrementos ainda maiores na endogamia da população caso esses animais sejam, por exemplo, touros submetidos ao teste de progênie.

O conhecimento da taxa de endogamia no transcorrer das gerações, especialmente com o advento do programa de melhoramento genético, possibilitaria exercer uma melhor orientação de planos de acasalamentos dos animais, visando à melhoria nos índices produtivos e reprodutivos na raça e em seus cruzamentos.

Os objetivos deste trabalho foram:

- \* Caracterizar a estrutura genética da população em estudo.
- \* Avaliar o efeito da endogamia sobre características produtivas (produção

de leite, gordura, proteína, lactose e sólidos totais) e reprodutivas (idade ao primeiro parto e intervalo de partos) na raça Gir.

\* Verificar o efeito da utilização de uma base genética selecionada em relação à base genética completa na avaliação genética para produção de leite de vacas e touros.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. ENDOGAMIA E ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO

A endogamia (ou consangüinidade) é o acasalamento de indivíduos cujo parentesco entre si é maior que o grau de parentesco médio existente na população (LUSH, 1945).

O grau de parentesco entre os indivíduos na população depende do tamanho da população e do número possível de ancestrais de um indivíduo. A consequência principal resultante do fato de dois indivíduos terem um ancestral comum é que podem, os dois, carregar réplicas de um dos genes presentes no ancestral. Se dois genes são originados da cópia de um gene apenas, numa geração anterior, podem ser chamados de “idênticos por ascendência”, ou simplesmente “idênticos”. A identidade por ascendência proporciona a base para mensuração do processo dispersivo, mediante o grau de parentesco entre os pares acasalados. A medida é o “coeficiente de endogamia”, que é a probabilidade de dois alelos em qualquer loco de um indivíduo serem idênticos por ascendência (FALCONER, 1987).

O coeficiente de endogamia, denotado por  $F$ , mede a correlação entre os gametas que se unem para formar um zigoto (WRIGHT, 1923) e equivale à metade do coeficiente de parentesco dos pais, quando o ancestral comum é não-endogâmico. Uma população considerada como base (“panmítica”), cujos ascendentes são desconhecidos (fundadores), é utilizada como referência para posteriores comparações com a população sob estudo e tem coeficiente de endogamia igual a zero.

O valor de  $F$ , por si só, não é suficiente para compreensão do comportamento da endogamia na população. O “incremento de endogamia” ( $\Delta F$ ), que mede quanto o coeficiente de endogamia varia proporcionalmente de uma geração para outra subsequente, torna possível comparar os efeitos da endogamia sob diferentes sistemas de acasalamento (FALCONER, 1987). Além disso, o incremento de endogamia é a chave para se estabelecer uma relação da população sob estudo com uma população ideal.

O número de animais que se acasalam em uma população ideal e geram o mesmo incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) da população sob estudo é

chamado de “número ou tamanho efetivo” da população ( $N_e$ ). Dessa forma, podem-se realizar comparações entre diversas populações ou mesmo de dada população com o passar das gerações.

Outra medida do grau de endogamia na população é o “coeficiente de relação médio” (*average relatedness*), denotado por CR, definido como a probabilidade de um alelo qualquer tomado ao acaso na população pertencer a dado indivíduo. Assim, o CR de um animal fundador indica sua contribuição genética para a população. Dessa forma, o CR pode ser utilizado como alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia (F) para prever a endogamia de uma população no longo prazo, porque leva em consideração a porcentagem do pedigree completo originado de um fundador (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

A preservação da diversidade genética dos fundadores até a população atual pode ser medida pelo balanço da contribuição dos fundadores por meio do “número efetivo de fundadores” ( $f_e$ ), que equivale ao número de animais com igual contribuição que produziram a mesma diversidade genética na população sob estudo (LACY, 1989).

O “número efetivo de ancestrais” ( $f_a$ ) representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessário para explicar a completa diversidade genética da população sob estudo (BOICHARD et al., 1997). Esse parâmetro complementa a informação oferecida por  $f_e$  por considerar perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desbalanceado de indivíduos para reprodução, gerando o efeito “gargalo” (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Denomina-se efeito gargalo (*bottleneck*) a redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra, mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja restabelecido. Segundo Nei et al. (1975), alelos que estavam em baixa frequência antes do gargalo podem ser perdidos.

Faria (2002), ao estudar a estrutura populacional da raça Gir registrada no Brasil, entre os anos de 1979 e 1998, verificou decréscimo do tamanho efetivo populacional ( $N_e=45$ ), o que contribuiu para o aumento da taxa de endogamia total no período ( $F=2,28\%$ ). Os números efetivos de fundadores e de ancestrais também decresceram ao longo do período, atingindo valores de 284 e 211 animais, respectivamente.

## 2.2. DEPRESSÃO ENDOGÂMICA

A depressão endogâmica causa redução na lucratividade da atividade leiteira. Desse modo, o nível de endogamia nos rebanhos deve constituir uma preocupação constante, uma vez que os modernos programas de seleção identificam acuradamente famílias com potencial genético superior e tecnologias reprodutivas são usadas eficientemente na difusão desses genótipos pela população (WEIGEL e LIN, 2000).

As possíveis causas da depressão endogâmica são: (a) segregação de genes recessivos que só possuem efeitos desfavoráveis em estado de homozigose; (b) frequências reduzidas de genótipos heterozigotos (havendo sobredominância, ou seja, interação favorável de alelos no mesmo loco, a redução da heterozigose se associa a uma menor viabilidade); e (c) interação entre genes situados em diferentes locos, ou seja, efeito epistático (JOHANSSON e RENDEL, 1971, citados por PENNA, 1990).

A detecção da depressão endogâmica depende da acurácia das estimativas da endogamia (CASSEL et al., 2003a). Pedigrees incompletos podem subestimar a endogamia e o parentesco, porque as potenciais contribuições dos ancestrais desconhecidos são ignoradas (VAN RADEN, 1992). Da mesma forma, ao se variar o ano da população-base para mais recente, menores estimativas de endogamia são obtidas (YOUNG e SEYKORA, 1996). “Pedigrees” com informações errôneas também afetam as estimativas de endogamia.

Estimativas de depressão endogâmica para características produtivas na raça Holandesa, nos Estados Unidos, apontaram que, para cada acréscimo de 1% na endogamia, houve redução de 29,6 kg de leite, 1,08 kg de gordura e 0,97 kg de proteína na lactação (WIGGANS et al., 1995). Já Smith et al. (1998) observaram decréscimo de 27; 0,9; e 0,8 kg durante a primeira lactação e 177; 6; e 5,5 kg na vida produtiva, para a produção de leite, de gordura e de proteína, respectivamente, além de reduzir em seis dias a vida produtiva e em 4,8 dias a duração da lactação.

Thompson et al. (2000a) encontraram redução na produção de leite por lactação de 35, 55 e 35 kg por aumento de 1% no coeficiente de endogamia (F), nos intervalos de F entre 2 e 6, 7 e 10, e acima de 10%, respectivamente,

na raça Holandesa. Esses autores observaram maior depressão na produção diária de leite para idades mais jovens ao parto (20 e 21 meses), indicando que vacas com maior taxa de endogamia atingem a maturidade mais lentamente ou apresentam piores condições físicas na fase jovem. Elevados níveis de endogamia geraram grandes perdas na produção diária em todas as idades e grande efeito deletério no princípio da lactação, o que provavelmente inibiu o pico de produção. As produções diárias de gordura e proteína exibiram decréscimo contínuo com o aumento da endogamia, enquanto a SCS (escore de células somáticas, transformação  $\log_2$  da contagem de células somáticas) não foi afetada. Esse último resultado difere do encontrado por Miglior et al. (1995), que ao avaliarem a mesma raça no Canadá, observaram aumento de 0,012 unidade na SCS com o acréscimo de 1% na endogamia.

Ao avaliarem informações da raça Holandesa na Itália, Biffani et al. (2002) encontraram redução de 21,6 kg na produção de leite, de 0,84 kg na de gordura e de 0,66 kg na de proteína por lactação (305 dias) e aumento de 0,007 unidade de SCS, para cada 1% de aumento na taxa de endogamia, resultados compatíveis com o trabalho de Miglior et al. (1995). A endogamia reduziu a média das duas maiores produções de leite no dia do controle, excluindo-se as três primeiras medidas de cada animal, em até 0,12 e 0,08 kg por dia, por aumento porcentual, nas raças Holandesa e Jersey, respectivamente (CASSELL et al., 2003a).

Na raça Jersey, o acréscimo de 1% na endogamia reduziu 21,3 kg na produção de leite e 1,03 kg na de gordura, por lactação (WIGGANS et al., 1995). Thompson et al. (2000b) observaram redução de aproximadamente 0,17 kg de leite por dia, equivalente a 52 kg de leite na lactação de 305 dias, para vacas paridas em 1998, com proporcional perda na produção de gordura e proteína, e nenhum efeito para SCS. Ao estudarem a raça Pardo-Suíça, Casanova et al. (1992) encontraram redução de 26 kg na produção de leite, equivalente a 2,4% do desvio-padrão fenotípico, para cada 1% de aumento na taxa de endogamia.

As características reprodutivas são teoricamente as mais afetadas pelo efeito da endogamia. Smith et al. (1998) relataram acréscimo de 0,55 dia na idade ao primeiro parto de vacas Holandesas para cada 1% de aumento na endogamia. Segundo Thompson et al. (2000a), níveis de endogamia acima de

10% estiveram claramente associados com maiores idades ao parto. Entretanto, baixos a moderados níveis de endogamia (< 7%) estiveram associados com menores idades ao parto, cerca de 3 a 5 dias a menos que animais não-endogâmicos. Biffani et al (2002) encontraram resultados que confirmam os obtidos por Thompson et al. (2000a), com menores e maiores idades ao primeiro parto para níveis menos e mais elevados de endogamia (em torno de 17%). A endogamia não afetou significativamente a característica dias para o primeiro serviço, nas raças Jersey e Holandesa, contudo esse pequeno efeito foi desfavorável (CASSELL et al., 2003b).

Segundo Thompson et al. (2000ab), a maior perda econômica com a endogamia pode ser a consistente redução da sobrevivência das vacas para todos os níveis de endogamia, observada nas raças Holandesa e Jersey. Smith et al. (1998) relataram redução na renda líquida relativa, ajustada ao custo de oportunidade, de US\$14,79 para preço de mercado do leite fluido e de US\$12,40 para preço manufaturado, por 1% de aumento na endogamia. Os efeitos da endogamia são cumulativos no desempenho das vacas leiteiras durante a vida produtiva.

No Brasil, Dias et al. (1994) não observaram efeito de endogamia sobre as características idade ao primeiro parto e intervalo de partos, na raça Caracu. Contudo, outros autores observaram efeito da endogamia em diversas características. Oliveira et al. (1999) relataram pequena depressão nos pesos ao nascer e aos 8, 12, 18 e 24 meses de animais da raça Guzará, bem como Queiroz et al. (2000) encontraram efeito sobre os pesos à desmama e aos 365 dias na raça Gir. Falcão et al. (2001) verificaram redução no peso ao nascer e acréscimo no intervalo de partos em animais da raça Pardo-Suíça. Influência negativa da endogamia sobre os valores genéticos das características, reduzindo a produção total de leite e duração da lactação e aumentando a idade ao primeiro parto e intervalo de partos, foi relatada para o ecótipo Mantiqueira (SILVA et al., 2001).

O efeito da endogamia sobre características de importância econômica na raça Gir, como produção de leite (PL), duração da lactação (DL), idade ao primeiro parto (IPC) e intervalo de partos (IEP), foi estudado por Queiroz et al. (1993). O banco de dados utilizado continha informações de aproximadamente 12.000 lactações de cerca de 3.500 vacas Gir, com partos ocorridos entre 1962

e 1988. O coeficiente de endogamia médio estimado foi de 1,27%, com aproximadamente 23% de animais endogâmicos, considerados de baixa magnitude. No estudo, a endogamia não influenciou significativamente o intervalo de partos e a idade à primeira cria. Entretanto, o acréscimo de 1% na taxa de endogamia reduziu a produção de leite em 18,99 kg e a duração da lactação em 1,55 dia de lactação. Também foi observado tendência de crescimento da endogamia com o avançar das gerações.

### 2.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA E ENDOGAMIA

Os resultados de avaliações genéticas são fundamentais para identificação e seleção de animais geneticamente superiores para características de importância econômica. Nesse sentido, anualmente é publicado o sumário de touros da raça Gir submetidos ao teste de progênie, realizado no âmbito do Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro (Embrapa Gado de Leite/ABCGIL), informando os méritos genéticos dos reprodutores para diversas características de produção, de conformação e de manejo (MARTINEZ et al., 2005).

A utilização da metodologia dos modelos mistos e modelo animal nas atuais avaliações genéticas permite que a informação disponível de todos os parentes do animal contribua diretamente na predição de seu valor genético, em maior ou menor intensidade em função da proximidade do parentesco. Isso é possível pela utilização da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco, que contém o relacionamento genético aditivo de cada indivíduo com todos os outros da população, além de corrigir para a homozigose (endogamia) do próprio indivíduo. Assim, quanto mais se conhecem os laços genéticos entre os indivíduos da população, mais completa fica a matriz de relacionamento genético e mais acuradas tornam-se as estimativas obtidas nas avaliações genéticas. Desse modo, o efeito da endogamia sobre a avaliação genética também é variável em função do conhecimento das relações de parentesco entre os animais.

Weigel e Lin (2000) concluíram que coeficientes de endogamia estimados com pedigrees traçados até 1985 foram preditores inadequados dos coeficientes de endogamia estimados com o pedigree traçado até 1960, para animais das raças Holandesa e Jersey. Essa alteração na população-base poderia ocasionar predições errôneas dos valores genéticos.

Para reduzir os efeitos do uso de pedigrees incompletos, Van Raden (1992) propôs um algoritmo em que a endogamia dos animais cujos pais são desconhecidos é igual à endogamia média de seus contemporâneos com pais conhecidos.

Nos programas de acasalamentos para controle de endogamia, o arquivo incompleto de pedigree das vacas reduz substancialmente os

benefícios econômicos obtidos. Esse problema é ainda mais severo para touros, pois pode alterar as recomendações de acasalamentos em favor de touros com dados incompletos de ancestrais (WEIGEL e LIN, 2000).

Estratégias para maximizar o mérito genético dos animais selecionados, ao se restringir ou penalizar o parentesco médio dentro do grupo selecionado, têm sido propostas por diversos autores (MEUWISSEN, 1997; BIJMA et al., 2001). Nessa linha, ao considerarem a sobreposição de gerações, Meuwissen e Sonesson (1998) obtiveram, via simulação, ganhos genéticos superiores a 44% utilizando a “metodologia de contribuição ótima” (MEUWISSEN, 1997) do que a seleção direta com base no BLUP em uma mesma taxa de endogamia. Esses resultados confirmam os obtidos por Quinton et al. (1992), os quais concluíram também, via simulação, que a seleção de animais com base no BLUP pode não ser ideal em todos os casos, pois o uso da informação de família pelo BLUP resulta na seleção de indivíduos mais aparentados.

Weigel e Lin (2002) aplicaram a metodologia de contribuição ótima na seleção de touros jovens para utilização em inseminação artificial (IA) para as cinco maiores raças leiteiras nos Estados Unidos, a saber: Holandês, Jersey, Pardo-Suíça, Guernsey e Ayrshire. Esses autores relataram que uma leve redução no ganho genético pode ser necessária para se obter uma taxa desejável de acúmulo de endogamia, que não deve ser problemática a menos que se imponham severas restrições no nível de endogamia. Eles afirmaram que, se o ganho genético é padronizado para um nível comum de endogamia, o balanço entre endogamia e seleção é economicamente viável.

Considerar a depressão endogâmica pode também impedir que um touro jovem seja penalizado em suas avaliações iniciais por acasalamentos com parentes. Para evitar a superestimação do mérito genético do touro quando este é acasalado com parentes, uma estatística útil pode ser o parentesco médio do touro com os acasalamentos esperados (WIGGANS et al., 1995).

A endogamia pode superestimar a acurácia das avaliações genéticas (confiabilidade), resultante do fato de se considerarem diversas contribuições de um mesmo ancestral em um animal endogâmico como se fossem contribuições de ancestrais independentes (WIGGANS et al., 1995).

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. ARQUIVO DE PEDIGREE

A base de dados da raça Gir depositada na Embrapa Gado de Leite compõe-se de informações armazenadas no âmbito do teste de progênie (Embrapa/ABCGIL), acrescidas de registros de produção advindos do Arquivo Zootécnico Nacional (dados enviados pela ABC e ABCZ) e de rebanhos não-participantes do teste de progênie, para evitar repetição de registros.

A base era constituída de informações de produção, de reprodução e de pedigree dos animais em produção ou que já produziram, tendo como informação mínima o pai e a mãe da vaca. Dados de gerações avançadas no pedigree eram possíveis nos casos em que o animal era mãe de outro com produção controlada. Para os touros submetidos ao teste de progênie, o arquivo continha informações completas de pedigree. Assim, um levantamento pormenorizado nas fichas de pedigree dos animais poderia ampliar o conhecimento sobre a raça, melhorando a acurácia da avaliação genética dos animais e a obtenção de estimativas mais precisas da endogamia na população.

Para completar as informações disponíveis, foram realizadas visitas a diversas fazendas para resgate e mesmo correção do arquivo de pedigree até a mais remota geração possível, incluindo-se animais não registrados. Na escolha das fazendas, optou-se por aquelas precursoras da seleção para a produção de leite na raça Gir, a saber: Agropastoril dos Poções (Jequitibá, MG); Estância Silvânia (Caçapava, SP); Fazenda Arapoema (Uberaba, MG); Fazenda Brasília (São Pedro dos Ferros, MG); Fazenda Calciolândia (Arcos, MG); Fazenda da Derrubada (Rio das Flores, RJ); Fazenda Experimental Getúlio Vargas – Epamig (Uberaba, MG); Fazenda Nova Estiva (Buritizal, SP); Fazenda Santa Rita da Estiva (Buritizal, SP); Fazenda Santana da Serra (Cajuru, SP); Fazenda São Bento (Paraopeba, MG); Fazenda Tabarana (Santa Cruz das Palmeiras, SP); e Fazenda Terra Vermelha (Vargem Grande do Sul, SP).

Foram obtidos ainda dados de pedigree da Fazenda Poty VR (escritório em Uberaba, MG) e da Fazenda Regional de Criação Presidente João Pessoa, da EMEPA (Umbuzeiro, PB).

Todos os livros de registros de nascimentos ou fichas de pedigrees encontrados foram copiados, além da obtenção de cópia integral dos arquivos informatizados das fazendas que dispunham de *softwares* para gerenciamento do rebanho. O material impresso copiado foi digitado e, juntamente com os arquivos informatizados, foram padronizados e tiveram a consistência verificada.

O arquivo completo de pedigree incluiu 27.610 animais, dos quais 3.709 possuíam um ou ambos os pais desconhecidos e 23.901 formaram a população-referência (ambos os pais conhecidos).

Utilizou-se o programa CODIFICA (VERNEQUE e FERREIRA, 2000 – comunicação pessoal)\*, escrito em linguagem Pascal, para transformação dos registros dos animais em códigos numéricos, de modo que o número do animal sempre fosse maior que o número dos pais.

### 3.2. ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO

O coeficiente de endogamia ( $F$ ), proposto por Wright (1923), foi calculado pela seguinte fórmula:

$$F_x = \frac{1}{2} \sum \left( \frac{1}{2} \right)^n (1 + F_A)$$

em que:

$F_x$  = coeficiente de endogamia do indivíduo  $x$ ;

$n$  = número de gerações intercaladas que ligam os dois pais ao ancestral comum; e

$F_A$  = coeficiente de endogamia de cada ancestral comum.

---

\* Rui da Silva Verneque, pesquisador da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG.

Para obtenção dos coeficientes de endogamia, utilizou-se o programa computacional MTDFNRM (“Multiple Trait Derivative Free Numerator Relationship Matrix”), componente do sistema MTDFREML (BOLDMAN et al., 1995).

O arquivo de pedigree completo foi utilizado para análise da estrutura genética da população, executada pelo programa ENDOG v. 3.2 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005), gentilmente cedido por Juan Pablo Gutiérrez (*Universidad Complutense de Madrid*, Espanha). Os parâmetros calculados pelo programa ENDOG, bem como suas fórmulas, são apresentados a seguir.

O programa ENDOG utiliza o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992) para o cálculo do coeficiente de endogamia (F). O incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) calculado para cada geração foi obtido utilizando a fórmula clássica:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

em que  $F_t$  e  $F_{t-1}$  são a endogamia média na  $t^{\text{ésima}}$  geração ( $i=1, \dots, t$ ).

Utilizando-se o  $\Delta F$  para as gerações em que  $F_t > F_{t-1}$ , o programa ENDOG calcula o tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), pela fórmula:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

Além disso, o programa ENDOG calcula três valores adicionais de  $N_e$  pelo cálculo do coeficiente de regressão (b) do coeficiente de endogamia individual sobre: i) o número de gerações completas traçadas, ii) o número máximo de gerações traçadas e iii) o número equivalente de gerações completas. Considerando o coeficiente de regressão correspondente ao incremento de endogamia entre duas gerações ( $F_n - F_{n-1} = b$ ) e, conseqüentemente, tem-se:

$$N_e = \frac{1}{2b}$$

O número de gerações completas traçadas (g) é definido como a geração mais distante em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou seja, que separa a progênie da mais distante geração em que  $2^g$  ancestrais do indivíduo são conhecidos. O número máximo de gerações traçadas é o número de gerações que

separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. O número equivalente de gerações completas, por sua vez, é obtido pelo somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos os ancestrais conhecidos, em que  $n$  é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

O “coeficiente de relação médio” (CR), ou *average relatedness coefficient*, pode ser calculado ao mesmo tempo que os coeficientes de endogamia. Para a obtenção dos CR, utiliza-se de um algoritmo para obter um vetor  $\mathbf{c}'$ , em que cada elemento corresponde ao CR do respectivo animal, definido como:

$$\mathbf{c}' = (1/n) \mathbf{1}'\mathbf{A} \quad [1]$$

em que  $\mathbf{A}$  é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) (HENDERSON, 1976), de tamanho  $n \times n$ , e  $\mathbf{1}$  é um vetor de um, de ordem  $1 \times n$ , sendo  $n$  o número de animais. A NRM pode ser obtida a partir de uma matriz  $\mathbf{P}$ , em que  $p_{ij}$  é igual a 1, se  $j$  é pai de  $i$  e 0, caso contrário, a qual identifica os pais dos animais (QUAAS, 1976). Dessa forma:

$$\mathbf{A} = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}')^{-1} \quad [2]$$

em que  $\mathbf{D}$  é uma matriz diagonal, com os elementos da diagonal não-nulos, os quais são obtidos por:

$$\begin{aligned} d_{ii} &= 1, \text{ se nenhum dos pais é conhecido;} \\ d_{ii} &= \frac{3}{4}, \text{ se um dos pais é conhecido; e} \\ d_{ii} &= \frac{1}{2}, \text{ se ambos os pais são conhecidos.} \end{aligned} \quad [3]$$

$$\text{A partir de [2], tem-se que:} \quad \mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} \quad [4]$$

Pré-multiplicando ambos os lados de [4] por  $(1/n) \mathbf{1}'$ , obtém-se:

$$(1/n) \mathbf{1}' \mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

e usando [1], tem-se:

$$\mathbf{c}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (\frac{1}{n}) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}')^{-1} \mathbf{D}$$

Multiplicando  $\mathbf{c}'$  dentro dos parênteses e isolando  $\mathbf{c}'$ , obtém-se:

$$\mathbf{c}' = (\frac{1}{n}) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}')^{-1} \mathbf{D} + \frac{1}{2} \mathbf{c}' \mathbf{P}' \quad [5]$$

Dentre as vantagens de utilizar o coeficiente de relação médio (CR), Gutiérrez e Goyache (2005) citaram: i) baixo custo computacional para sua obtenção, uma vez que utiliza algoritmos comuns aos do cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco; ii) pode ser utilizado como uma medida da endogamia em toda a população, por levar em consideração os coeficientes de endogamia e de parentesco; e iii) pode ser utilizado como um índice para manutenção do estoque genético inicial pela seleção de indivíduos para reprodução com menores valores de CR. Além disso, o CR pode ser utilizado para calcular o tamanho efetivo de fundadores ( $f_e$ ) na população, pelo inverso da soma de quadrados dos CR entre os animais fundadores.

Consideraram-se como animais fundadores aqueles importados e os de genealogia desconhecida.

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) é calculado por:

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

em que  $q_k$  é a probabilidade de o gene ser originado do fundador  $k$ , ou alternativamente,  $q_k$  é o CR do fundador  $k$ .

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) é calculado de maneira similar ao número efetivo de fundadores:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

em que  $q_j$  é a contribuição marginal de um ancestral  $j$  (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética de ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente.

O intervalo de gerações, dado pela idade média dos pais ao nascimento de sua progênie mantida para a reprodução, e a idade média dos pais ao nascimento de sua prole (usados para reprodução ou não) também foram calculados pelo programa ENDOG. Ambos os parâmetros são calculados pelas quatro trilhas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha), considerando-se apenas animais nascidos a partir de 1966 e cujas datas de nascimento eram conhecidas.

### 3.3. INFORMAÇÕES DE PRODUÇÃO

O arquivo de produção analisado, depositado na Embrapa Gado de Leite, continha 24.045 lactações, oriundas de 8.879 vacas da raça Gir, filhas de 916 pais e 5.375 mães, nascidas a partir de 1950, distribuídas em 26 rebanhos e cujos partos ocorreram entre os anos de 1960 e 2004. Os partos ocorridos entre os meses de abril e setembro formaram a estação 1 (“seca”), e a estação 2 (“águas”) compreendeu os demais meses, à exceção dos rebanhos da EBDA, EMPARN e EMEPA (Umbuzeiro), situados na Região Nordeste, onde se considerou o inverso. Esse mesmo critério foi adotado para a divisão da estação de nascimento.

As características estudadas, presentes no arquivo, divididas em duas categorias foram: 1) Produtivas – Produção de leite até 305 dias de lactação (PL); Produção de gordura (PGOR); Produção de proteína (PPRO); Produção de lactose (PLAC); Produção de sólidos totais (PSOL); e Duração da lactação (DLAC); 2) Reprodutivas – Idade ao primeiro parto (ID1P); e Intervalo de partos (INTP).

Eliminaram-se do arquivo lactações com causas de encerramento anormais ou com duração menor que 90 dias. Para idade ao primeiro parto, considerou-se a primeira lactação controlada da vaca, declarada como primeira ordem de parto e

ocorrida com idade ao parto entre 18 e 66 meses. Foram considerados como válidos intervalos de partos entre 300 e 730 dias.

### 3.4. ANÁLISES E MODELOS ESTATÍSTICOS PARA ESTUDO DO EFEITO DA ENDOGAMIA

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o procedimento GLM (*General Linear Models*) do SAS (*Statistical Analysis System*) (SAS, 1996).

Para melhor compreensão do efeito da endogamia sobre as características estudadas, os coeficientes de endogamia (F) foram agrupados em 29 classes representativas (CF), apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1 – Coeficientes (F) e classes (CF) de endogamia

CF	F	CF	F	CF	F
0	0	10	0,045   - 0,050	20	0,095   - 0,105
1	0,000 – 0,005	11	0,050   - 0,055	21	0,105   - 0,125
2	0,005   - 0,010	12	0,055   - 0,060	22	0,125
3	0,010   - 0,015	13	0,060   - 0,065	23	0,125 – 0,140
4	0,015   - 0,020	14	0,065   - 0,070	24	0,140   - 0,155
5	0,020   - 0,025	15	0,070   - 0,075	25	0,155   - 0,170
6	0,025   - 0,030	16	0,075   - 0,080	26	0,170   - 0,250
7	0,030   - 0,035	17	0,080   - 0,085	27	0,250
8	0,035   - 0,040	18	0,085   - 0,090	28	> 0,250
9	0,040   - 0,045	19	0,090   - 0,095		

Uma vez que a sobreposição de gerações é freqüente em bovinos, torna-se necessário inferir a que geração os indivíduos pertencem para corrigir o efeito da geração na modelagem estatística. Para tal, utilizou-se o “Coeficiente de Geração” (BRINKS et al., 1961), que corresponde ao número médio de segregações mendelianas a partir dos animais fundadores, dado por:

$$CGI = \frac{CGP + CGM + 2}{2}$$

em que:

CGI = coeficiente de geração do indivíduo;  
CGP = coeficiente de geração do pai; e  
CGM = coeficiente de geração da mãe.

Para o cálculo dos coeficientes de geração, utilizou-se o programa GERAÇÃO (Verneque, 2005 – comunicação pessoal)\*, escrito em linguagem FORTRAN.

Os coeficientes de geração (CG) foram agrupados em 6 classes, sendo a primeira com  $CG = 3$ , a segunda com  $3 < CG = 4$ , a terceira com  $4 < CG = 5$ , a quarta com  $5 < CG = 6$ , a quinta com  $6 < CG = 7$  e a última com  $7 < CG = 9,22$  (máximo observado). O efeito de classe de geração foi analisado aninhado dentro de rebanho, pois nem todos os rebanhos contemplavam dados de todas as gerações, especialmente aqueles com trabalho de seleção mais recente.

O modelo utilizado nas análises de variância para todas as características, à exceção de idade ao primeiro parto, foi

$$y_{ijklp} = \mathbf{m} + R_i + A_j + F_k + G_{li} + b_1(x_{ijklp} - \bar{x}) + b_2(x_{ijklp} - \bar{x})^2 + e_{ijklp}$$

em que:

$y_{ijklp}$  = registro  $p$  da característica estudada, na classe de geração  $l$  e classe de endogamia  $k$ , ocorrido na classe de ano-estação do parto  $j$ , no rebanho  $i$ ;

$\mathbf{m}$  = constante inerente a todas as observações;

$R_i$  = efeito do rebanho  $i$ ;

$A_j$  = efeito da classe de ano-estação de parto  $j$ ;

$F_k$  = efeito da classe de endogamia  $k$ ;

$G_{li}$  = efeito da classe de geração  $l$  dentro do rebanho  $i$ ;

$b_1$  = coeficiente de regressão linear da idade ao parto do registro  $p$  em relação à média sobre a característica estudada;

$b_2$  = coeficiente de regressão quadrática da idade ao parto do registro  $p$  em relação à média sobre a característica estudada;

$x_{ijklp}$  = idade da vaca ao parto no registro  $p$ ;

---

\* Rui da Silva Verneque, pesquisador da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG.

$\bar{x}$  = média de idade ao parto dos animais para a característica estudada; e  
 $e_{ijklp}$  = erro aleatório, considerado normal e independentemente distribuído, com  
média zero e variância  $s_e^2$ .

A característica idade ao primeiro parto foi analisada segundo o modelo:

$$y_{ijklq} = \mathbf{m} + H_i + N_j + F_k + G_l + e_{ijklq}$$

em que:

$y_{ijklq}$  = idade ao primeiro parto da vaca  $q$ , pertencente à classe de rebanho-ano de nascimento  $i$ , estação de nascimento  $j$ , classe de endogamia  $k$  e classe de geração  $l$ ;

$\mathbf{m}$  = constante inerente a todas as observações;

$H_i$  = efeito da classe de rebanho-ano de nascimento  $i$ ;

$N_j$  = efeito da estação de nascimento  $j$ ;

$F_k$  = efeito da classe de endogamia  $k$ ;

$G_l$  = o efeito da classe de geração-rebanho  $l$ ; e

$e_{ijklq}$  = erro aleatório, considerado normal e independentemente distribuído, com  
média zero e variância  $s_e^2$ .

Uma vez constatada a significância ( $p < 0,05$ ) do efeito de classe de endogamia, efetuou-se a análise de regressão da característica, corrigida para os demais efeitos, em função dos efeitos linear e quadrático (quando significativo) do coeficiente de endogamia médio de cada classe, ponderado pelo número de observações. Em seguida, foram traçados os gráficos com o coeficiente de endogamia médio de cada classe, sendo a regressão ajustada quando significativa. Foram utilizados os procedimentos REG e GPLOT do SAS (*Statistical Analysis System*)(SAS, 1996).

Para conferir maior consistência às análises, foram criadas classes de rebanho-ano de parto, mantendo-se apenas classes com cinco ou mais registros para as características produção de leite e de gordura, duração da lactação e

intervalo de partos. Para as características produção de proteína, de lactose e de sólidos totais, com menos informações na base de dados, exigiram-se três ou mais registros por classe de rebanho-ano do parto. Para a análise da característica idade ao primeiro parto, consideraram-se apenas classes de rebanho-ano de nascimento com, no mínimo, três registros.

### 3.5. AVALIAÇÃO GENÉTICA

A avaliação genética para produção de leite foi realizada em dois diferentes conjuntos de dados. O arquivo de produção anteriormente descrito foi mantido como base. A primeira avaliação utilizou toda a informação de parentesco disponível, aqui chamada de base genética completa. Para a segunda avaliação, base genética selecionada, a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco foi composta pelos pais e mães das vacas do arquivo de produção, acrescida de três gerações de ascendentes dos touros submetidos ao teste de progênie.

As estimativas dos componentes de (co)variância e dos parâmetros genéticos foram obtidas pelo sistema MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood), descrito por Boldman et al. (1995). As estimativas dos componentes de (co)variâncias que minimizam a função  $-2 \log_e L$  ( $L$  é a função de verossimilhança) foram obtidas utilizando-se a máxima verossimilhança restrita livre de derivadas (DFREML) e o algoritmo simplex. Em seguida, as herdabilidades foram estimadas e os valores genéticos, preditos.

O critério de convergência adotado exigiu variância dos valores do simplex inferior a  $10^{-9}$ . O procedimento foi repetido três vezes, utilizando-se as estimativas obtidas na análise precedente como valores iniciais.

O modelo utilizado nas análises, em notação matricial, foi:

$$\tilde{y} = X \tilde{\mathbf{b}} + Z_1 \tilde{g} + Z_2 \tilde{p} + \tilde{e}$$

em que:

$y$  = vetor de observações;

$X$  = matriz de incidência de efeitos fixos, incluindo variáveis classificatórias e co-variável;

$\mathbf{b}$  = vetor de efeitos fixos;

$Z_1$  = matriz de incidência dos efeitos genéticos aditivos;

$g$  = vetor de efeitos genéticos aditivos diretos;

$Z_2$  = matriz de incidência dos efeitos de ambiente permanente;

$p$  = vetor dos efeitos de ambiente permanente; e

$e$  = vetor de efeito residual.

Admitindo que  $y$ ,  $g$ ,  $p$  e  $e$  tenham distribuição normal multivariada, tem-se:

$$\begin{bmatrix} y \\ g \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim \left\{ \begin{bmatrix} X \mathbf{b} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_1 G Z_1' + Z_2 P Z_2' + R & Z_1 G & Z_2 P & R \\ & G Z_1' & G & \mathbf{f} & \mathbf{f} \\ & P Z_2' & \mathbf{f} & P & \mathbf{f} \\ & R & \mathbf{f} & \mathbf{f} & R \end{bmatrix} \right\},$$

em que:

$G = A \otimes \mathbf{s}_a^2$ ,  $P = I \otimes \mathbf{s}_p^2$  e  $R = I \otimes \mathbf{s}_e^2$ , sendo:

$A$  = matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright entre os indivíduos;

$\mathbf{s}_a^2$  = variância genética aditiva;

$\mathbf{s}_p^2$  = variância de ambiente permanente;

$\mathbf{s}_e^2$  = variância residual;

$I$  = matriz identidade;

$f$  = matriz nula; e

$\otimes$  = operador produto direto.

O sistema de equações do modelo misto é:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z_1 & X'R^{-1}Z_2 \\ Z_1'R^{-1}X & Z_1'R^{-1}Z_1 + G^{-1} & Z_1'R^{-1}Z_2 \\ Z_2'R^{-1}X & Z_2'R^{-1}Z_1 & Z_2'R^{-1}Z_2 + P^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}^0 \\ \hat{g} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z_1'R^{-1}y \\ Z_2'R^{-1}y \end{bmatrix}.$$

Como efeitos fixos foram utilizados o rebanho-classe de geração, época e ano de parto e a co-variável idade da vaca ao parto (termos linear e quadrático). Os efeitos de animal e de ambiente permanente e o erro foram tomados como aleatórios.

Após a predição dos valores genéticos, mantiveram-se no arquivo de análise apenas os animais que se encontravam nas duas bases genéticas (completa e selecionada). Em seguida, os animais foram ordenados pelo valor genético, conjuntamente e separados por sexo, e utilizou-se o procedimento CORR do SAS (SAS, 1996) para calcular as correlações de Pearson e de Spearman em todas as situações.

Para confiabilidades acima de 60%, calculou-se a porcentagem de animais em comum na seleção de 5%, 10% e 25% dos machos e 5%, 10%, 25%, 50% e 75% das fêmeas, com base nos valores genéticos preditos pela utilização das duas bases genéticas.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO

A matriz de parentesco completa incluiu informações de 27.610 animais, com coeficiente de endogamia (F) médio de 2,82% e coeficiente de relação médio (CR) de 2,10%. De acordo com Gutiérrez et al. (2003), um baixo coeficiente de relação médio associado a um coeficiente de endogamia médio mais alto sugere um freqüente uso de acasalamentos dentro dos rebanhos. Realmente, no período que antecede o programa de melhoramento da raça os criadores evitavam introduzir animais de outros rebanhos por temerem retrocesso em suas seleções.

Apesar de a endogamia na população apresentar um nível considerado “baixo”, mais de 60% do total de animais são endogâmicos (16.687 animais), com coeficiente de endogamia médio de 4,66%, indicando a necessidade de se preocupar com a endogamia nas próximas gerações.

O coeficiente médio de endogamia das vacas nascidas a partir de 1980 e que tiveram produção de leite controlada encontra-se na Figura 1. Pela análise da Figura 1, pode-se verificar que a porcentagem de vacas endogâmicas sobre o total de vacas apresenta uma preocupante tendência de crescimento linear com o passar do tempo. É interessante observar que, apesar do aumento da proporção de vacas endogâmicas, o coeficiente de endogamia médio não tem acompanhado essa tendência, mantendo-se em níveis considerados “baixos”. Os resultados divulgados do teste de progênie de reprodutores, executado no âmbito do Programa Nacional de Melhoramento de Gir Leiteiro, fornecem informações importantes que subsidiam os produtores a realizar acasalamentos com vistas à obtenção de ganho genético, sem desconsiderar as relações de parentesco entre os animais.

O maior número de gerações completas encontrado neste estudo foi cinco, representando o completo conhecimento dos seus 32 ascendentes mais próximos ( $2^5$ ). A descrição das gerações completas traçadas encontra-se na Tabela 2.

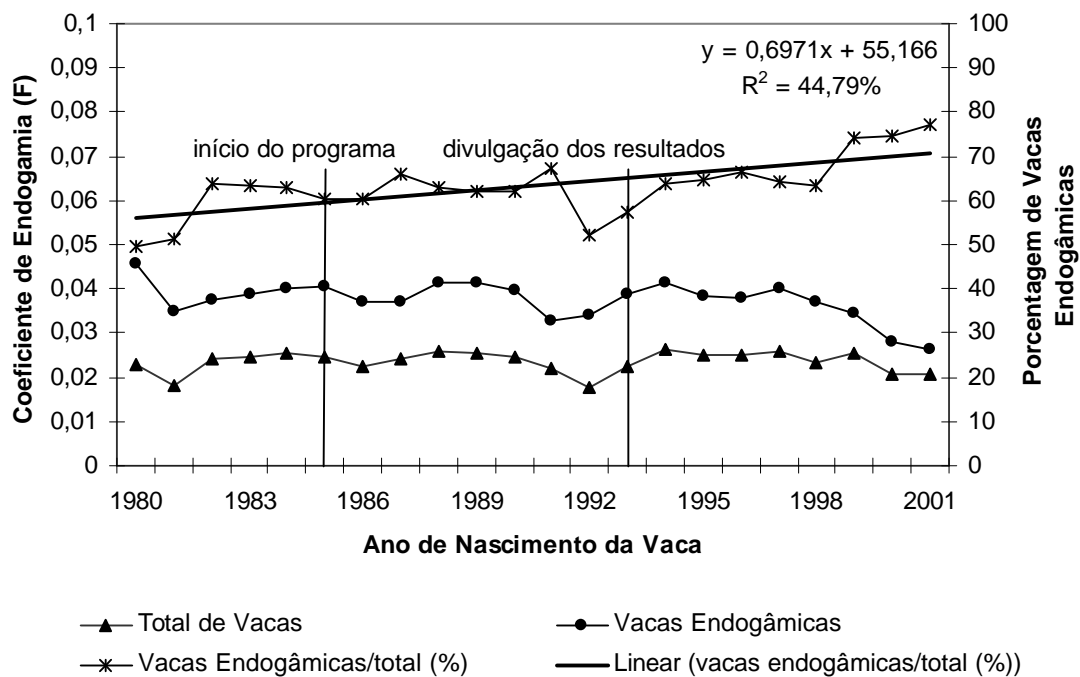


Figura 1 – Porcentagem de vacas endogâmicas sobre o total de vacas e respectivos coeficientes de endogamia médios por ano de nascimento da vaca (com lactação controlada).

Tabela 2 – Número de indivíduos (N), coeficiente de endogamia médio (F), porcentagem de indivíduos endogâmicos (% End), coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos ( $F_{end}$ ), coeficiente de relação médio (CR) e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), por geração completa traçada (Ger) de 0 a 5

Ger	N	F (%)	% End	$F_{end}$ (%)	CR (%)	$N_e$
0	3709	0,00	0,05	0,00	0,17	
1	5297	0,50	8,38	5,91	1,06	100,80
2	7102	3,57	73,01	4,89	2,22	16,10
3	8176	3,95	96,04	4,12	2,89	125,30
4	3234	5,26	99,88	5,27	3,67	36,60
5	92	5,86	100,00	5,86	3,91	80,20

Observa-se, na Tabela 2, que o coeficiente de endogamia médio (F), o coeficiente de relação médio (CR) e a porcentagem de indivíduos endogâmicos aumentaram consistentemente com o transcorrer das gerações. O simples fato de se conhecerem mais gerações completas de um indivíduo aumenta a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree, o que justifica esse resultado.

A oscilação observada no tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) deve-se à variação no coeficiente médio de endogamia entre as gerações, uma vez que o  $N_e$ , nesse caso, é calculado em função do incremento da endogamia ( $\Delta F$ ). Os resultados assemelham-se aos obtidos por Faria (2002), em que  $N_e$  variou de 41 a 99 para a raça Gir registrada.

O  $N_e$  calculado pelo coeficiente de regressão do coeficiente de endogamia individual sobre o número de diferentes tipos de gerações traçadas encontra-se na Tabela 3. Em populações em que a informação de pedigree disponível é escassa, essas diferentes estimativas podem ser úteis para indicar os limites superior, inferior e “real” do número efetivo ( $N_e$ ) na população analisada (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005). O número máximo de gerações que separou um indivíduo de seu ascendente mais remoto teve valor igual a 22.

Tabela 3 – Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração considerada

<b>Tipo de Gerações</b>	<b>Número médio</b>	<b><math>\Delta F</math></b>	<b><math>N_e</math></b>
Completas <sup>1</sup>	2,08	1,14%	35,42
Máximas <sup>2</sup>	8,89	0,16%	308,30
Equivalentes <sup>3</sup>	3,86	0,74%	67,38

<sup>1</sup> Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

<sup>2</sup> Número de gerações que separa o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

<sup>3</sup> Somatório dos termos  $(1/2)^n$  de todos ancestrais conhecidos, em que  $n$  é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

A população-referência, em que ambos os pais são conhecidos, continha apenas 23.901 animais, uma vez que 3.709 animais apresentavam um ou ambos

os pais desconhecidos. O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) foi equivalente a 146, e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores é de 0,34%.

O número de ancestrais que contribuiu para a população-referência foi 2.872, dos quais apenas 28 foram responsáveis pela origem de 50% dos genes da população. O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) equivale a 75. O parâmetro  $f_a$  é sempre inferior ou igual ao  $f_e$ , por levar em consideração o “efeito gargalo” no pedigree, que por sua vez é a maior causa de perda de alelos em populações, como em gado de leite.

Ao estudar essa mesma raça, Faria (2002) verificou decréscimo nos parâmetros  $f_e$  e  $f_a$  ao longo do tempo, cujos valores de 284 e 211, respectivamente, ainda se encontram superiores às estimativas observadas neste trabalho. Tendo em vista que o referido autor trabalhou com a população registrada da raça Gir, conclui-se que a população selecionada para a produção de leite no Brasil é realmente apenas parte da população, ou seja, diversos ancestrais e fundadores da raça Gir não contribuíram para a formação do Gir “leiteiro”.

A razão  $f_e/f_a$  observada de 1,95, que expressa o “efeito gargalo”, encontra-se intermediária entre as obtidas por Faria (2002), de 1,08 e 1,34 para a raça Gir, e por Boichard et al. (1997), igual a 3,0 para a raça Normanda.

A superestimação do número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) é particularmente severa em programas de seleção intensiva, quando o germoplasma de um número limitado de animais é amplamente disseminado, por exemplo pela inseminação artificial (BOICHARD et al., 1997).

O intervalo de gerações (média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução) e a média de idade dos pais ao nascimento da prole (usadas para reprodução ou não), com os respectivos números de observações, desvio-padrão e erro-padrão, encontram-se na Tabela 4.

A idade média dos pais ao nascimento dos filhos e o intervalo de gerações podem ser considerados altos, mas são similares às estimativas relatadas por Faria (2002) e Queiroz e Lôbo (1993). Essas elevadas estimativas podem ser

atribuídas, em parte, à longevidade da raça Gir, em que não são raros os casos de animais mantidos para reprodução até os 20 anos de idade. A redução do ganho genético por unidade de tempo é a principal consequência dos longos intervalos de gerações.

Tabela 4 – Intervalo de gerações (anos) e média de idade dos pais ao nascimento da prole.

<b>Tipo</b>	<b>Número</b>	<b>Média</b>	<b>Desvio- Padrão</b>	<b>Erro- Padrão</b>
<i>Intervalo de Gerações (anos)</i>				
Pai-filho	256	9,67	4,91	0,31
Pai-filha	3588	8,29	4,58	0,29
Mãe-filho	304	8,58	4,54	0,28
Mãe-filha	4152	7,29	3,77	0,24
Machos (pai/mãe-filho)	560	9,07		
Fêmeas (pai/mãe-filha)	7740	7,75		
Total	8300	8,41		
<i>Idade dos Pais ao Nascimento da Prole (anos)</i>				
Pai-filho	5542	9,63	5,07	0,07
Pai-filha	9222	8,86	4,87	0,07
Mãe-filho	5909	7,37	3,75	0,05
Mãe-filha	10435	7,34	3,72	0,05
Machos (pai/mãe-filho)	11451	8,46		
Fêmeas (pai/mãe-filha)	19657	8,05		
Total	31108	8,25		

A idade do pai ao nascimento do filho (utilizado para reprodução ou não) é maior em relação às demais trilhas (pai-filha, mãe-filho e mãe-filha). Isso pode ser justificado pela contínua utilização de determinados reprodutores, sem rápida substituição por seus descendentes ou, mesmo, pela elevada idade do touro quando da divulgação de sua primeira prova. Apenas recentemente os programas de seleção na raça têm estimulado o uso de touros jovens, em teste de progênie.

Madalena et al. (1996) alertaram para o fato de que o intervalo de tempo entre a divulgação do valor genético dos reprodutores submetidos ao teste de progênie do Gir leiteiro e seu uso poderia estar contribuindo para aumentar o intervalo de gerações.

## 4.2. EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE AS CARACTERÍSTICAS

O número de registros utilizados para análise de cada característica, com as respectivas médias estimadas e os desvios-padrão, encontra-se na Tabela 5.

Tabela 5 – Número de registros (N), médias estimadas e desvios-padrão (DP) por característica estudada

<b>Característica (unidade)</b>	<b>N</b>	<b>Média</b>	<b>DP</b>
Produção de leite (kg)	24.045	2590,9	828,4
Produção de gordura (kg)	15.211	125,1	39,4
Produção de proteína (kg)	5.034	97,2	33,5
Produção de lactose (kg)	4.960	107,1	42,2
Produção de sólidos totais (kg)	4.956	368,7	128,1
Duração da lactação (dias)	24.045	299,5	57,8
Intervalo de partos (dias)	14.205	492,5	96,3
Idade ao primeiro parto (meses)	6.236	44,3	4,9

As análises de variância das características estudadas encontram-se nas Tabelas 6 a 13. Verificou-se que o efeito de classes de endogamia foi significativo ( $p < 0,01$ ) com relação a todas as características estudadas.

As características produtivas foram afetadas ( $p < 0,05$ ) por todos os efeitos incluídos no modelo. O efeito de rebanho pode ser justificado pelo uso de diferentes práticas de manejo e ampla distribuição geográfica dos mesmos. O contínuo desenvolvimento e adoção de tecnologias e mesmo a variação climática podem estar relacionados com a significância do efeito ano-época de parto.

As características estudadas foram afetadas pela classe de geração, o que pode indicar diferenças genéticas acumuladas no decorrer das gerações. O efeito da idade da vaca ao parto não foi significativo ( $p > 0,05$ ) sobre o intervalo de partos, assim como a época de nascimento da vaca não afetou a idade ao primeiro parto.

Tabela 6 – Resumo da análise de variância da produção de leite

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	25	138897116	<0,0001
Ano-época do parto	89	13240657	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	120	7267785	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	2178193	<0,0001
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	1028033886	<0,0001
Quadrática	1	738302616	<0,0001
Erro	23780	686324	

Tabela 7 – Resumo da análise de variância da produção de gordura

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	20	313586,70	<0,0001
Ano-época do parto	85	15964,91	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	93	18997,63	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	4239,97	<0,0001
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	1486744,63	<0,0001
Quadrática	1	1111061,31	<0,0001
Erro	14982	1553,41	

Tabela 8 – Resumo da análise de variância da produção de proteína

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	13	45010,74	<0,0001
Ano-época do parto	31	14930,91	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	57	4189,40	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	2566,89	<0,0001
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	420984,92	<0,0001
Quadrática	1	298176,66	<0,0001
Erro	4902	1121,83	

Tabela 9 – Resumo da análise de variância da produção de lactose

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	12	63013,19	<0,0001
Ano-época do parto	31	59348,16	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	56	7410,98	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	4247,64	<0,0001
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	580588,32	<0,0001
Quadrática	1	400165,48	<0,0001
Erro	4830	1779,89	

Tabela 10 – Resumo da análise de variância da produção de sólidos totais

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	12	766330,99	<0,0001
Ano-época do parto	31	264045,94	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	56	67153,27	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	34671,68	0,0006
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	6231223,50	<0,0001
Quadrática	1	4434736,27	<0,0001
Erro	4826	16413,00	

Tabela 11 – Resumo da análise de variância da duração da lactação

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	25	274514,62	<0,0001
Ano-época do parto	89	18022,96	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	120	15133,10	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	7557,71	0,0002
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	23853,00	0,0076
Quadrática	1	22446,78	0,0096
Erro	23780	3344,43	

Tabela 12 – Resumo da análise de variância do intervalo de partos

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho	25	177594,75	<0,0001
Ano-época do parto	89	41352,53	<0,0001
Classe de geração (rebanho)	116	20648,58	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	19065,71	0,0008
Idade da vaca ao parto			
Linear	1	7210,73	0,3777
Quadrática	1	22526,62	0,1190
Erro	13944	9265,00	

Tabela 13 – Resumo da análise de variância da idade ao primeiro parto

<b>Fonte de Variação</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Significância</b>
Rebanho-ano de nascimento	391	186,95	<0,0001
Época de nascimento	1	2,32	0,7587
Classe de geração (rebanho)	112	45,27	<0,0001
Classe de endogamia (CF)	28	49,81	0,0011
Erro	5678	24,57	

Uma vez que o efeito de classes de endogamia foi significativo sobre todas as características estudadas, realizou-se um estudo por meio da análise de regressão destas em função do coeficiente de endogamia médio de cada classe, ponderada pelo número de informações da classe.

O intercepto, os coeficientes de regressão dos termos linear e quadrático e o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) encontram-se na Tabela 14. Na mesma tabela, encontra-se o valor do coeficiente de endogamia (F) associado ao ponto de máximo da curva de tendência de cada característica (y), quando esta apresenta termo quadrático significativo ( $p < 0,05$ ). O valor do coeficiente de determinação ( $R^2$ ) serve como medida da qualidade do ajuste da regressão aos dados.

À exceção da característica reprodutiva idade ao primeiro parto, a regressão apresentou bom ajuste para as demais características. Dentre as características produtivas, o pior ajuste foi observado na duração da lactação, em

virtude da maior amplitude de variação, uma vez que as demais características produtivas tiveram as produções consideradas até 305 dias de lactação (leite, gordura, proteína, lactose e sólidos totais).

Tabela 14 – Coeficiente de endogamia (F) associado ao ponto de máximo na curva de tendência, coeficiente de determinação ( $R^2$ ), intercepto ( $\hat{b}_0$ ) e coeficientes de regressão linear ( $\hat{b}_1$ ) e quadrático ( $\hat{b}_2$ ) do F sobre as características produtivas e reprodutivas

<b>Característica (y)</b>	$\hat{b}_0$	$\hat{b}_1$	$\hat{b}_2$	<b>F( <math>\hat{y}_{\max}</math> )</b>	<b>R<sup>2</sup> (%)</b>
Produção de leite (kg)	2467,11	10270**	-47536**	0,108	65,42
Produção de gordura (kg)	117,04	553,64**	-2386,98**	0,116	77,30
Produção de proteína (kg)	84,59	720,45**	-3389,10**	0,106	79,60
Produção de lactose (kg)	92,60	814,55**	-3781,18**	0,107	73,13
Produção de sólidos totais (kg)	312,87	3155,98**	-14803**	0,107	83,41
Duração da lactação (dias)	295,59	289,29**	-1156,23**	0,125	54,23
Idade ao primeiro parto (meses)	44,12	5,46*	-	-	17,85

\*  $p < 0,05$  e \*\*  $p < 0,01$ .

O coeficiente médio de endogamia de cada classe e a regressão ajustada, para as características em que seu efeito foi significativo, encontram-se nas Figuras 2 a 9.

O comportamento quadrático do efeito da endogamia sobre todas as características produtivas indica que, de certo modo, elas estão sendo afetadas de maneira semelhante. A alta correlação genética entre as características produção de gordura, de proteína, de lactose e de sólidos totais com a produção de leite na raça Gir, acima de 0,94 (MARTINEZ et al., 2005), justifica esse resultado. Por extensão, pode-se inferir que a duração de lactação também é regulada pelo mesmo agregado gênico.

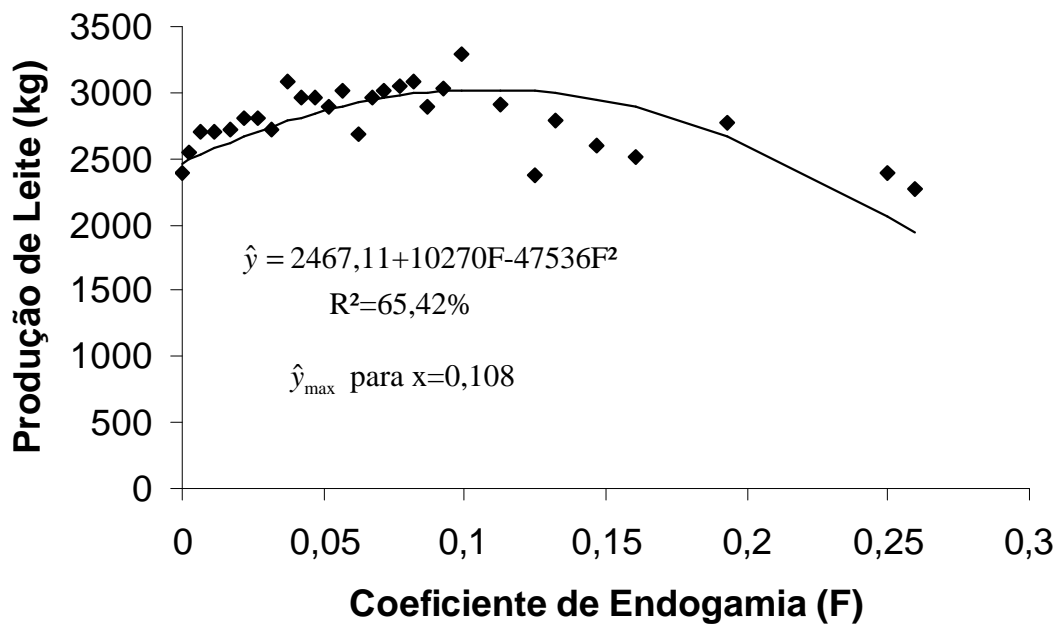


Figura 2 – Produção de leite na lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

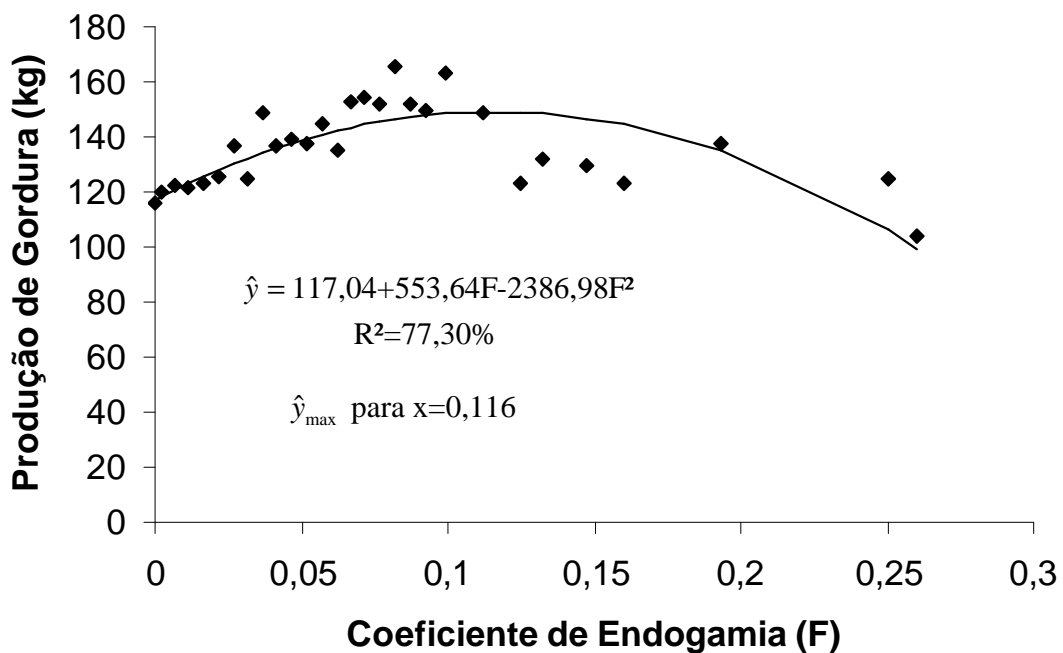


Figura 3 – Produção de gordura na lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

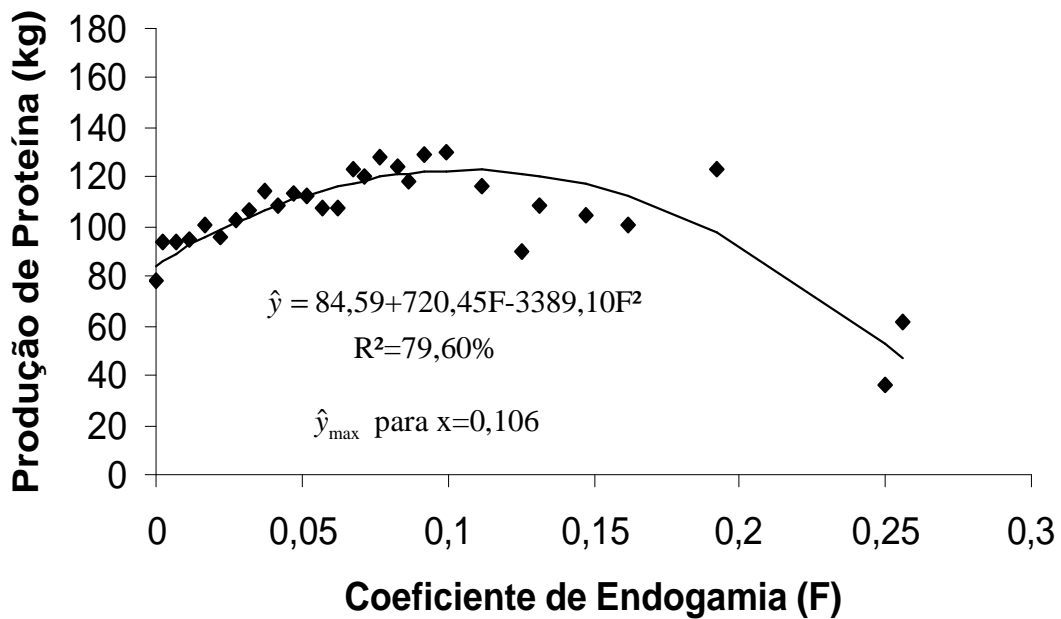


Figura 4 – Produção de proteína na lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

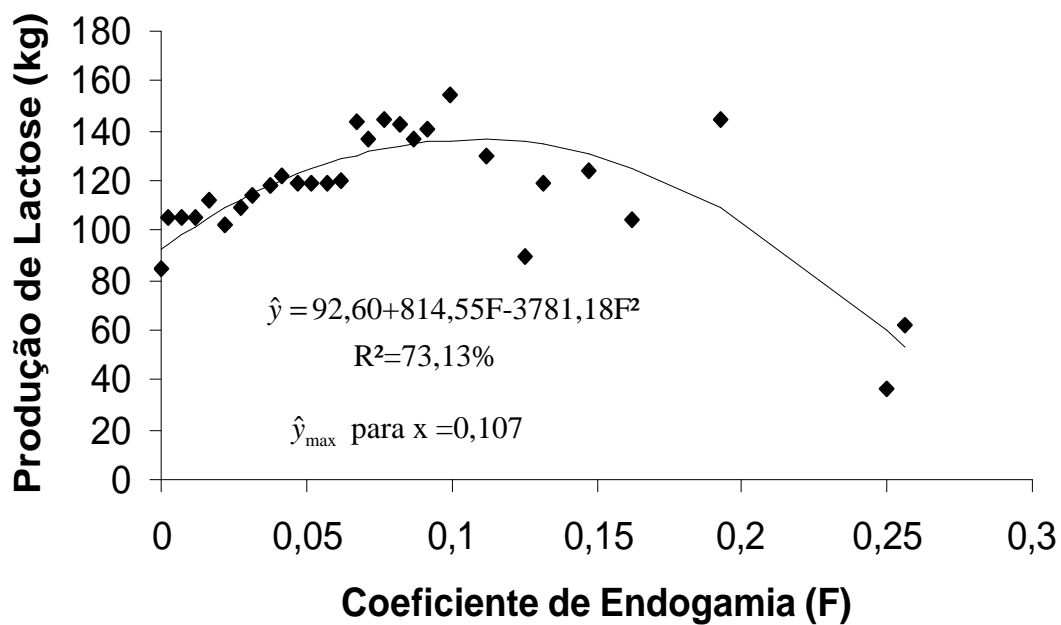


Figura 5 – Produção de lactose na lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

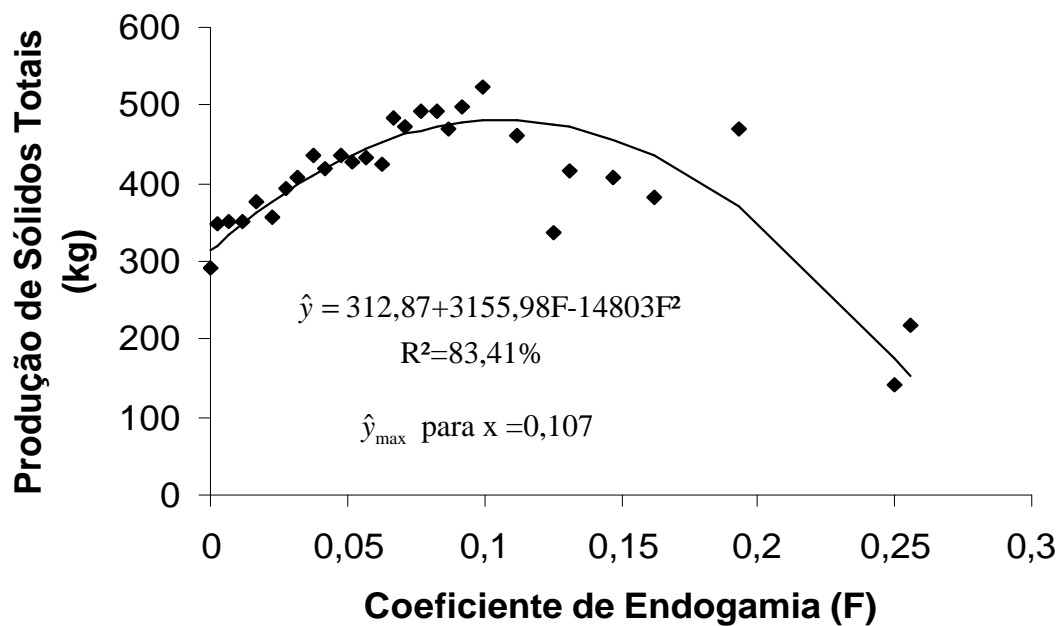


Figura 6 – Produção de sólidos totais na lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

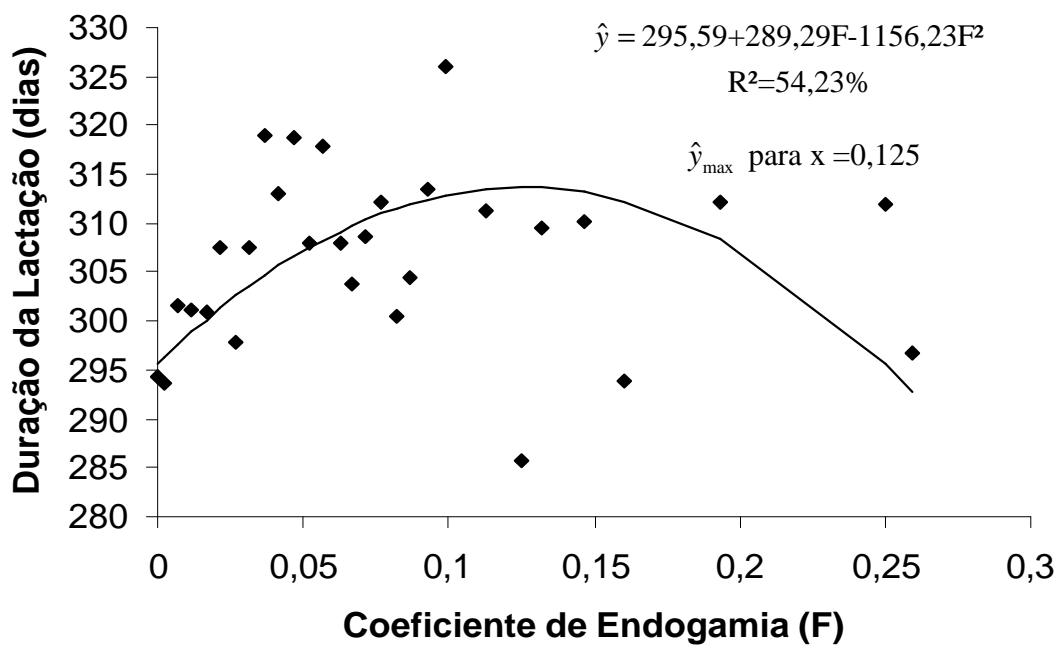


Figura 7 – Duração da lactação ajustada e curva de tendência em função do coeficiente de endogamia.

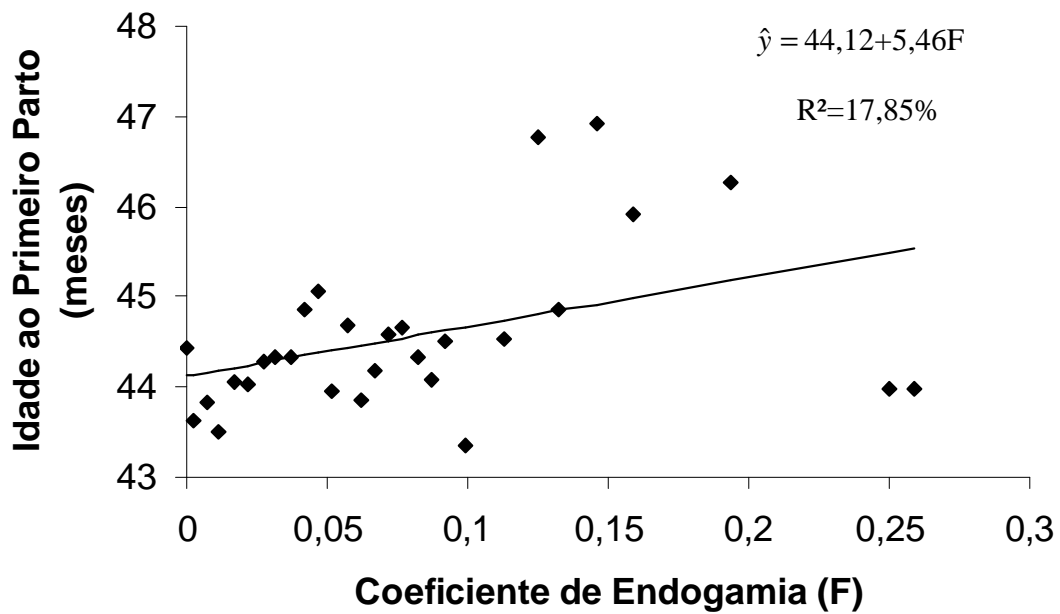


Figura 8 – Idade ao primeiro parto ajustada e linha de tendência em função do coeficiente de endogamia.

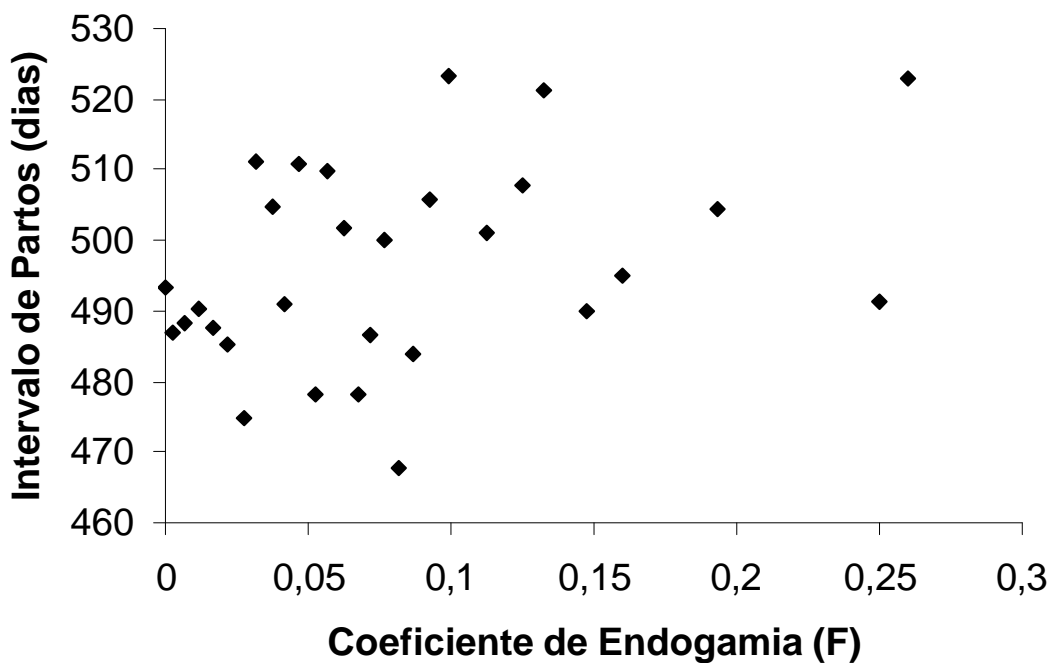


Figura 9 – Intervalo de partos em função do coeficiente de endogamia.

Observou-se que todas as características produtivas responderam positivamente com o aumento da taxa de endogamia até 10%. Em média, as maiores produções para essas características estiveram associadas a coeficientes de endogamia entre 10,6% e 12,5%. Portanto, acasalamentos que possam gerar animais com níveis de endogamia acima desses seriam desaconselháveis.

Resultados diferentes aos do presente trabalho, em que houve redução linear das produções de leite, de gordura e de proteína por acréscimo unitário do coeficiente de endogamia, foram relatados em diversas raças leiteiras, como a Holandesa, a Jersey e a Pardo-Suíça (CASANOVA et al., 1992; MIGLIOR et al., 1992; WIGGANS et al., 1995; THOMPSON et al., 2000ab; BIFFANI et al., 2002). Na raça Gir, Queiroz et al. (1993) também verificaram decréscimo linear na produção de leite e duração da lactação em função de aumento no coeficiente de endogamia.

As raças leiteiras européias (Holandesa, Jersey, Pardo-Suíça, etc.) vêm sendo selecionadas para esse propósito há milhares de anos. Nesse longo período de seleção, muitos alelos favoráveis à produção de leite foram fixados nessas populações, assim como uma série de outros alelos se perderam.

A raça Gir, originária da Índia, onde não há abate de bovinos por questões religiosas e, portanto, praticamente inexistente a seleção devido aos acasalamentos ao acaso, foi introduzida no Brasil somente no século XX. Dentre os animais importados, a identificação de reprodutores ou linhagens que tinham aptidão leiteira, seguida pelo acasalamento entre e dentro dessas linhagens, invariavelmente conduziu ao aumento da endogamia na população, sobretudo pela inexistência de um programa de melhoramento nessa fase. Contudo, nesse primeiro momento, o incremento de endogamia resultou em ganhos genéticos nas principais características de produção, pelo uso de touros de alto mérito genético e, conseqüentemente, fixação de alelos favoráveis. No entanto, a partir de certo nível, os efeitos deletérios associados ao aumento da homozigose advinda da endogamia passaram a reduzir os ganhos genéticos e trazer perdas na produção. Desse modo, atribuem-se ao curto período de tempo em que se pratica a seleção para produção de leite na raça Gir, em comparação com as raças européias

especializadas, as parábolas observadas nas características produtivas pelo acréscimo da endogamia.

Apenas o coeficiente de regressão linear foi significativo ( $p < 0,05$ ) para a característica idade ao primeiro parto, com acréscimo de 1,66 dia (0,0546 mês) para cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia. Esse resultado é semelhante ao relatado por Smith et al. (1998) para a raça Holandesa. Todavia, efeitos não-significativos da endogamia sobre essa característica foram encontrados por Queiroz et al. (1993) na raça Gir e por Dias et al. (1994) na raça Caracu. O efeito linear permite concluir que, no intervalo estudado, as características reprodutivas são mais influenciadas pela taxa de endogamia e qualquer incremento pode ser prejudicial.

Apenas o intervalo de partos não pode ser explicado pelo modelo de regressão proposto ( $p > 0,05$ ). Isso não descarta a existência de algum modelo capaz de se adequar aos dados de intervalo de partos. Contudo, é necessário que qualquer modelo proposto apresente concordância biológica com o fenômeno estudado. Efeito não-significativo da endogamia sobre essa característica foi relatado nas raças Gir (QUEIROZ et al., 1993), Caracu (DIAS et al., 1994) e Pardo-Suíça (FALCÃO et al., 2001).

A não-significância da regressão da endogamia sobre o intervalo de partos pode estar associada à dificuldade de percepção deaios na raça Gir (“cio silencioso”), à prática freqüente de atrasar a cobertura das matrizes em lactação por receio de queda na produção de leite e à não-identificação das vacas doadoras submetidas a programas de TE e FIV. Além desses fatores, outra justificativa para o resultado encontrado seria o descarte de matrizes endogâmicas com baixa eficiência reprodutiva, como salientou Penna (1990), uma vez que os rebanhos analisados são explorados para fins comerciais.

### 4.3. AVALIAÇÃO GENÉTICA

A base genética selecionada, que considerou até a terceira geração de ascendentes dos touros submetidos ao teste de progênie, apresentou menor número e proporção de animais endogâmicos em relação à base genética completa (Tabela 15). Em razão disso, o coeficiente de endogamia médio estimado na base genética selecionada foi bem menor (0,006) que o obtido na base genética completa (0,028). Esses resultados estão de acordo com os de Weigel e Lin (2000), que obtiveram estimativas inadequadas do coeficiente de endogamia variando a população-base para mais recente. Ao utilizar dados simulados, Breda (2003) concluiu que a não-utilização da base genética verdadeira subestima os coeficientes de endogamia, com aumento do viés da estimação proporcional ao número de gerações desprezadas.

Tabela 15 – Descrição resumida da base genética completa (BGC) e selecionada (BGS)

<b>Descrição</b>	<b>BGC</b>	<b>BGS</b>
Número de animais	27.610	11.735
Número de animais endogâmicos	16.687	1.603
Porcentagem de animais endogâmicos	60,44%	13,66%
Coeficiente de endogamia médio	0,028	0,006
Coeficiente de endogamia médio dos endogâmicos	0,047	0,048

A mesma estimativa de herdabilidade para produção de leite foi obtida com o uso das duas bases genéticas, iguais a 0,25, estando de acordo com a literatura (MARTINEZ et al., 2005). Para tanto, foi observada uma pequena redução nas estimativas das variâncias genética aditiva e fenotípica total na base genética selecionada (Tabela 16), justificada pela menor variabilidade genética dessa base em relação à completa.

Na Tabela 17 são apresentados os valores genéticos preditos médios para produção de leite, obtidos pela avaliação genética com as duas bases. A utilização da base genética selecionada, em média, subestimou os valores genéticos, apesar de praticamente não alterar a amplitude entre o menor e maior valor genético. Segundo Sorensen e Kennedy (1984ab), a resposta à seleção com base nas médias genéticas preditas pelo BLUP, é subestimada quando a estimativa da variância genética utilizada é menor que a verdadeira.

Tabela 16 – Estimativas dos parâmetros genéticos em função da base genética considerada

<b>Parâmetro</b>	<b>Base Completa</b>	<b>Base Selecionada</b>
Variância genética aditiva (kg <sup>2</sup> )	186.825,80	180.403,73
Variância de ambiente permanente (kg <sup>2</sup> )	151.419,00	151.205,00
Variância residual (kg <sup>2</sup> )	401.109,61	401.154,46
Variância fenotípica (kg <sup>2</sup> )	739.354,44	732.763,66
Herdabilidade (erro-padrão)	0,25 (0,002)	0,25 (0,000)
Repetibilidade	0,46	0,45

Tabela 17 – Valores genéticos preditos para produção de leite (kg)

<b>Categoria</b>	<b>Base Genética Completa</b>			<b>Base Genética Selecionada</b>		
	<b>Médio</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>	<b>Média</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Máximo</b>
Machos	154,63	-853	1892	83,17	-915	1812
Fêmeas	176,38	-839	2220	126,52	-834	2165
Total	174,62	-853	2220	123,01	-915	2165

As correlações de Pearson e de Spearman para os valores genéticos e confiabilidades obtidos pela avaliação genética com as duas bases genéticas (completa e selecionada) são apresentadas na Tabela 18. De maneira geral, as

confiabilidades e os valores genéticos obtidos nas duas avaliações genéticas apresentaram altas correlações. As confiabilidades estiveram menos sujeitas às alterações de ordem (correlação de Spearman) que os valores genéticos.

Tabela 18 – Correlações de Pearson e de Spearman para valores genéticos e confiabilidades entre as bases genéticas avaliadas

<b>Categoria</b>	<b>Valores Genéticos</b>		<b>Confiabilidades</b>	
	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>	<b>Pearson</b>	<b>Spearman</b>
Machos	89,09	84,78	90,57	92,27
Fêmeas	97,57	96,19	94,67	97,30
Total	96,92	95,33	93,95	96,58

Os valores genéticos dos machos apresentaram as menores correlações de Pearson e de Spearman com a alteração da base genética. Isso se deve ao fato de que os machos são avaliados para produção de leite com base na informação das filhas e demais fêmeas aparentadas, portanto mais afetados pelos laços genéticos presentes na matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco. No entanto, a maioria das fêmeas avaliadas dispunha de registros próprios de produção de leite, estando seus valores genéticos menos sujeitos à variação na base genética considerada por influência de parentes.

Em virtude da grande aplicação de biotécnicas reprodutivas capazes de multiplicar com eficiência o material genético superior, calculou-se a porcentagem de animais em comum selecionados por seus valores genéticos preditos nas duas bases genéticas para diferentes pressões de seleção. Os resultados encontram-se na Tabela 19, com a ressalva de que foram considerados apenas animais cujos méritos genéticos apresentavam confiabilidade superior ou igual a 60%. Conforme prática corrente, considerou-se a maior pressão de seleção nos machos.

O alto percentual de animais em comum selecionados, sempre acima de 90% para ambos os sexos em todas as intensidades de seleção simuladas, indica que a utilização de uma base genética selecionada, desde que se disponha de

amplo arquivo de produção, não interfere muito na seleção dos animais. Contudo, tal resultado não deve ser extrapolado para outras situações sem prévio estudo.

Tabela 19 – Porcentual de animais em comum entre os selecionados pelos valores genéticos preditos por diferentes bases genéticas em diversas intensidades de seleção por sexo

<b>Sexo</b>	<b>Pressão de Seleção (%)</b>	<b>Número de Animais</b>		<b>Animais em Comum (%)</b>
		<b>Base Completa</b>	<b>Base Selecionada</b>	
Machos	5	20	18	90,00
	10	40	38	95,00
	25	98	90	91,84
Fêmeas	5	389	372	95,63
	10	778	721	92,67
	25	1943	1801	92,69
	50	3886	3666	94,34
	75	5829	5620	96,41

## 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O pequeno número efetivo de animais e o contínuo incremento da endogamia na raça Gir reforçam a necessidade de intervenção na seleção dos indivíduos para reprodução, no intuito de evitar maiores perdas de variabilidade genética. Nesse sentido, o uso de um programa de acasalamentos pode ser ferramenta útil no controle da endogamia.

O longo intervalo de gerações observado pode limitar o progresso genético da raça. Assim, a implantação de um núcleo MOET (*Multiple Ovulation and Embryo Transfer*) poderia acelerar a divulgação dos méritos genéticos dos reprodutores e, conseqüentemente, reduzir o intervalo de gerações. Nesse caso, cuidados adicionais com o incremento da endogamia do núcleo são fundamentais.

A endogamia afetou significativamente todas as características estudadas, não se recomendando acasalamentos que originem animais para produção com coeficiente de endogamia maior que 10% a 12%, exceto em condições especiais, com propostas restritas de melhoramento genético, por meio da formação de novas linhagens.

O conhecimento mais profundo do relacionamento genético dos animais permite a obtenção de estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos da população e, portanto, o aumento da acurácia dos méritos genéticos preditos.

O emprego de uma base genética selecionada subestimou os valores genéticos dos animais. Apesar da alta correlação observada entre os méritos genéticos preditos com as bases genéticas completa e selecionada, a pequena alteração na seleção dos animais-elite poderia causar perdas devido à intensa utilização desses animais.

## REFERÊNCIAS

BIFFANI, S.; SAMORÉ, A.B.; CANAVESI, F. Inbreeding depression for production, reproduction and functional traits in Italian Holstein cattle. In: WORLD CONGRESS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION 7., 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, França: WCGALP, 2002. CD-ROM.

BIJMA, P.; VAN ARENDONK, J.A.M.; WOOLIAM, J.A. Predicting rates of inbreeding for livestock improvement schemes. **J. Anim. Sci.**, v.79, p.840-853, 2001.

BOICHARD, C.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet. Sel. Evol.**, v.29, p.5-23, 1997.

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Beltsville: U.S. Department of agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 125 p.

BREDA, F.C. **Influência de populações selecionadas sobre a avaliação genética animal**. Viçosa, MG: UFV, 2003. 59 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BRINKS, J.W.; CLARK, R.T.; RICE, F.J. Estimation of genetic trends in beef cattle. **J. Anim. Sci.**, v.20, p.903, 1961.

CASANOVA, L.; HAGGER, C.; KUENZI, N.; SCHNEEBERGER, M. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. **J. Dairy Sci.**, v.75, p.1119-1126, 1992.

CASSEL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. **J. Dairy Sci.**, v.86, p.2967-2976, 2003a.

CASSEL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. Maternal and fetal inbreeding depression for 70-day nonreturn and calving rate in Holsteins and Jerseys. **J. Dairy Sci.**, v.86, p.2977-2983, 2003b.

DIAS, A.S.C.; QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Efeito da endogamia em características reprodutivas de bovinos da raça Caracu. **Rev. Bras. Zootec.**, v.23, p.157-164, 1994.

FALCÃO, A.J.S.; MARTINS FILHO, R.; MAGNABOSCO, C.U.; BOZZI, R.; LIMA, F.A.M. Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos da raça Pardo-Suiça. **Rev. Bras. Zootec.**, v.30, p.83-92, 2001.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ, 1987. 279 p.

FARIA, F.J.C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. Belo Horizonte, MG, EV-UFMG, 2002. 177 f. Tese (Doutorado em Melhoramento Animal) – Escola de Veterinária – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, A.R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genet. Sel. Evol.**, v.35, p.43-64, 2003.

GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.122, p.172-176, 2005.

HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.31, p.69-83, 1976.

JOHANSSON, I.; RENDEL, J. **Genética y mejora animal**. Zaragoza: Acribia, 1971. 567 p.

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

LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. Ames: Iowa State College, 1945. 443 p.

MADALENA, F.E.; MADUREIRA, A.P.; PENNA, V.M.; TURRA, E.M. Fatores que afetam o preço do sêmen bovino. 1 Raças Nelore e Gir Leiteiro. **Rev. Bras. Zootec.**, v.25, p.428-436, 1996.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, v.14, p.49-54, 1996.

MARTINEZ, M.L.; VERNEQUE, R.S.; TEODORO, R.L.; SILVA, M.V.G.B.; LEDIC, I.L.; FERNANDES, A.R. **Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro. Resultado do teste de progênie – 13º grupo**. Juiz de Fora, MG: Embrapa Gado de Leite, 2005. 44 p (Documentos 102).

MEUWISSEN, T.H.E Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. **J. Anim. Sci.**, v.75, p.934-940, 1997.

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genet. Sel. Evol.**, v.24, p.305-313, 1992.

MEUWISSEN, T.H.E.; SONESSON, A.K. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. **J. Anim. Sci.**, v.76, p.2575-2583, 1998.

MIGLIOR, F.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E.B. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. **J. Dairy Sci.**, v.75, p.1112-1118, 1992.

MIGLIOR, F.; BURNSIDE, E.B.; DEKKERS, J.C.M. Nonadditive genetic effects and inbreeding depression for somatic cell counts of Holstein cattle. **J. Dairy Sci.**, v.78, p.1168-1173, 1995.

NEI, M.; MARUYAMA, T.; CHAKRABORTY, R. The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution**, v. 29, p.1-10, 1975.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Rev. Bras. Zootec.**, v.28, p.721-728, 1999.

PENNA, V.M. **Endogamia na raça Tabapuã**. Ribeirão Preto, SP: FMRP-USP, 1990. 88 f. Tese (Doutorado em Genética) – Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto – Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, v.32, p.949-953, 1976.

QUEIROZ, S.A.; LÔBO, R.B. Genetic relationship, inbreeding and generation interval in registered Gir cattle in Brazil. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.110, p.228-233, 1993.

QUEIROZ, S.A.; LÔBO, R.B.; MARTINEZ, M.L. Efeito da endogamia sobre algumas características de importância econômica na raça Gir. **Rev. Bras. Zootec.**, v.22, p.773-786, 1993.

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

QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M.E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **J. Anim. Sci.**, v.70, p.1060-1067, 1992.

SAS Institute Inc.; **SAS/STAT® Software**: Changes and enhancements through Release 6.11. Cary, NC: SAS Institute Inc., 1996. 1104 p.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.; COBUCCI, J.A.; GUARAGNA, G.P.; OLIVEIRA, P.R.P. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Rev. Bras. Zootec.**, v.30, p.1236-1242, 2001.

SMITH, L.A.; CASSEL, B.G.; PEARSON, R.E. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. **J. Dairy Sci.**, v.81, p.2729-2737, 1998.

SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of response to selection using Least Square and Mixed Model Methodology. **J. Anim. Sci.**, v.58, p.1097-1106, 1984a.

SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. Estimation of genetic variances from unselected and selected population. **J. Anim. Sci.**, v.59, p.1213-1223, 1984b.

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. **J. Dairy Sci.**, v.83, p.1856-1864, 2000a.

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; WOLFE, C.W. Effects of inbreeding on production and survival in Jerseys. **J. Dairy Sci.**, v.83, p.2131-2138, 2000b.

VAN RADEN, P.M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. **J. Dairy Sci.**, v.75, p.3136-3144, 1992.

WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. Use of computerized mate selection programs to control inbreeding of Holstein and Jersey cattle in the next generation. **J. Dairy Sci.**, v.83, p.822-828, 2000.

WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs. **J. Anim. Sci.**, v.85, p.2376-2383, 2002.

WIGGANS, G.R.; VAN RANDEN, P.M.; ZUURBIER, J. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. **J. Dairy Sci.**, v.78, p.1584-1590, 1995.

WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. **J. Heredity**, v.14, p.339-348, 1923.

YOUNG, C.W.; SEYKORA, A.J. Estimates of inbreeding and relationship among registered Holstein females in the United States. **J. Dairy Sci.**, v.79, p.502-505, 1996.