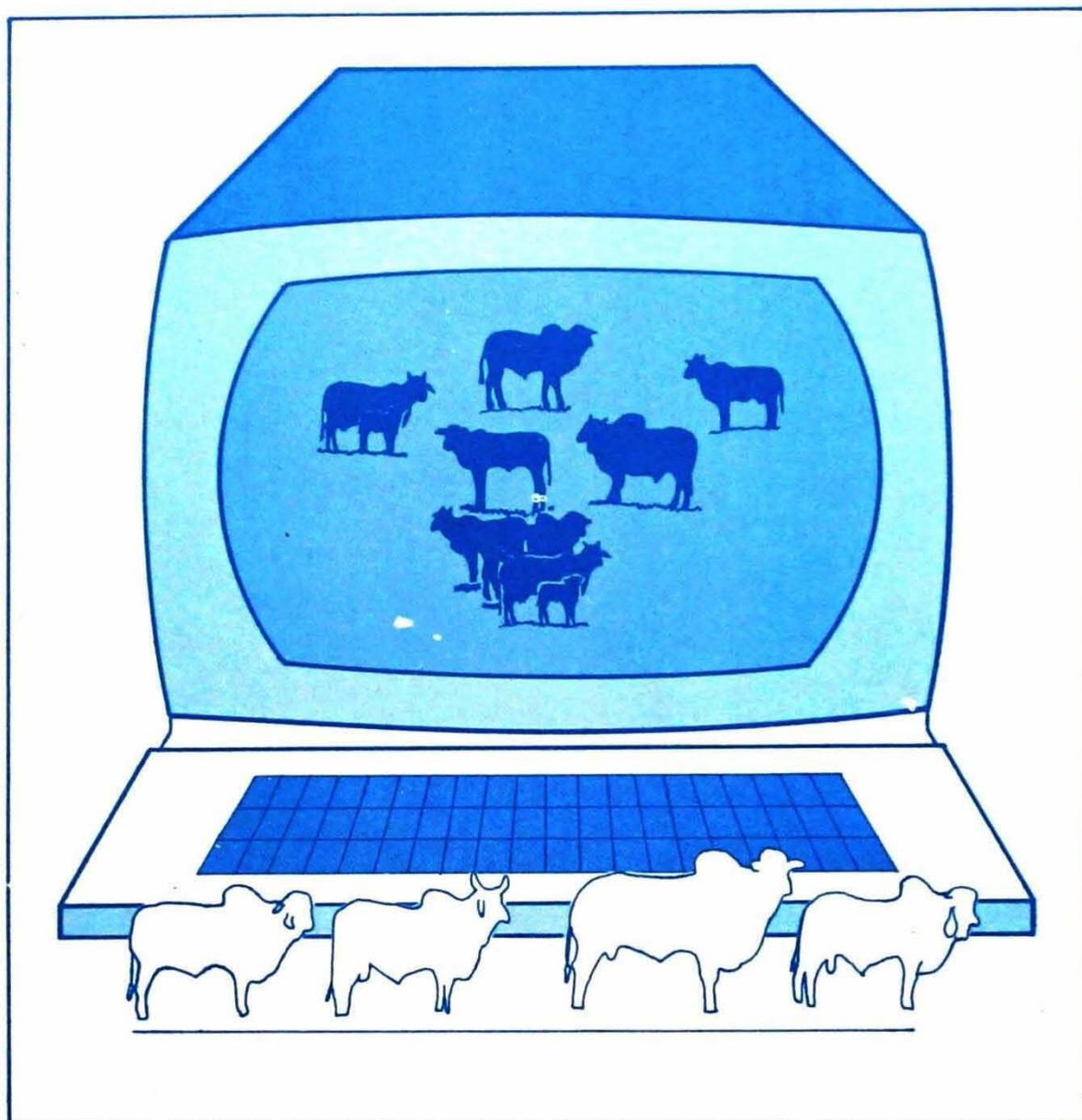


Instituto de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Ministério da Agricultura



Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte - CNPGC
Campo Grande, MS

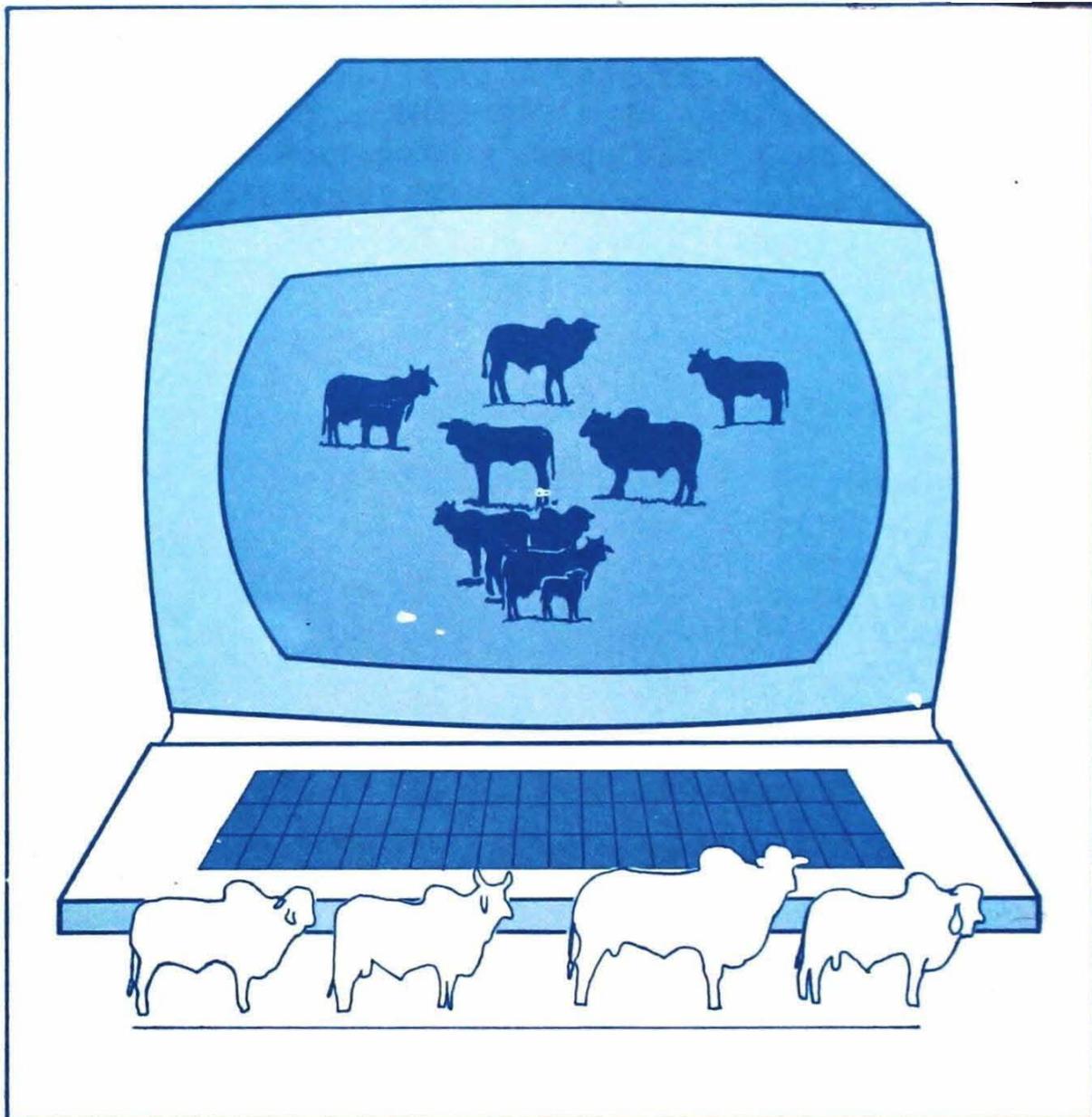


AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES EM BÓVINO DE CORTE



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA
Vinculada ao Ministério da Agricultura

Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte - CNPGC
Campo Grande, MS



AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES EM BÓVINO DE CORTE

ISBN 85-297-0007-4

ISSN 0100-9443



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA
Vinculada ao Ministério da Agricultura
Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte-CNPGC
Campo Grande, MS

AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES EM BOVINO DE CORTE

Paulo Roberto Costa Nobre

EMBRAPA
J - Departamento de Publicações
N - Parque Rural Norte
Postal 040315 Telex 1620
Tele: (061) 272-4241 - Ramal 236
770 - Brasília - DF.

CLASSIFICAÇÃO	ASSUNTO	TÍTULO
123	020	183

3.

Campo Grande, MS

1989

EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 42

Exemplares desta publicação podem ser solicitados ao:
CNPGC

Rodovia BR 262, km 4

Telefone: (067) 763-1030

Telex: (067) 2153

Caixa Postal 154

CEP 79080 Campo Grande, MS

Tiragem: 1.500 exemplares

COMITÊ DE PUBLICAÇÕES

Michael Robin Honer - Presidente

Nilza Watanabe Cunha - Secretária Executiva

Ana Maria Sastre Sacco

Cacilda Borges do Valle

Cesar Heraclides Behling Miranda

Fernando Paim Costa

Kepler Euclides Filho

Maria Antonia Ulhôa Cintra de Oliveira Santos

Renato Garcia Leoni

Editoração: Nilza Watanabe Cunha

Normalização: Maria Antonia U.C.de O. Santos

Datilografia: Eurípedes Valério Bittencourt

Criação/Capa: Paulo R. Achucarro

NOBRE, P.R.C. Avaliação de reprodutores em bovino de corte. Campo Grande, EMBRAPA-CNPGC, 1989. 27p. (EMBRAPA-CNPGC, Documentos, 42).

1. Bovino de corte - Melhoramento genético. 2. Bovino de corte - Reprodução. 3. Touro - Avaliação. I. Título II. Série.

CDD 636.082

SUMÁRIO

	Pág.
1 IMPORTÂNCIA DA AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES	5
2 ESTRUTURA E SEGMENTOS DO MELHORAMENTO	6
3 VALOR GENÉTICO DE REPRODUTORES CONFORME O MÉTODO DE SELEÇÃO	8
3.1 Desempenho individual - Seleção massal	8
3.1.1 Valor genético de cada animal escolhido ...	10
3.2 Pedigree	11
3.2.1 Valor genético	14
3.3 Teste de progênie	14
3.3.1 Valor genético	18
4 MODELOS ESTATÍSTICOS UTILIZADOS NA AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES	19
5 ACURÁCIA DAS ESTIMATIVAS DO VALOR GENÉTICO DE REPRODUTORES	21
6 AVALIAÇÃO NACIONAL DE TOUROS	24
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	26

AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES EM BOVINO DE CORTE

Paulo Roberto Costa Nobre¹

1 IMPORTÂNCIA DA AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES

Na exploração dos animais domésticos, as características de importância econômica são, de modo geral, dependentes de muitos pares de genes. Efeitos de meio ambiente interagem com os efeitos dos genes de forma aditiva e/ou interativa, promovendo, como consequência, variações na característica em foco.

Desta forma, o progresso genético buscado pelo criador, pela aplicação dos métodos de seleção e de acasalamento, irá depender de sua capacidade de usar, para reprodução, os animais de valor genético superior para a característica objeto de seleção. Ou seja, o progresso na característica dependerá, entre outros fatores, de se identificar os animais superiores e de que esta superioridade seja devida aos genes que o animal possui e não ao meio em que ele vive.

O valor genético é uma medida utilizada no processo de avaliação de reprodutores, e corresponde a uma estimativa do nível de estoque de genes possíveis de serem transmitidos à geração seguinte, desde que aqueles reprodutores venham a ser selecionados para a reprodução.

Ao nível de produtor de reprodutores, torna-se interessante a especificação comercial de seu produto pelo valor genético. Estes selecionadores estariam comercializando um produto que deve transmitir a metade da amostra de seu germoplasma, o que possibilitaria trabalhar com um

¹Zoot., M.Sc., CRMV-6 Nº 0041/Z, EMBRAPA - Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC), Caixa Postal 154, CEP 79001 Campo Grande, MS.

ganho adicional previsto de carne ou de peso vivo na progênie. Os produtores comerciais vendem quilogramas de carne, não o valor genético. No entanto, eles necessitam adquirir reprodutores que possuam uma estimativa de valor genético coerente com o planejamento de sua exploração, bem como esquematizar combinações lógicas de acasalamentos para obter vantagens em todas características, especialmente naquelas do complexo reprodutivo.

Assim, tanto os produtores de animais geneticamente superiores quanto os produtores comerciais podem se beneficiar do conhecimento da estimativa do valor genético dos reprodutores.

2 ESTRUTURA E SEGMENTOS DO MELHORAMENTO

Ao se considerar o melhoramento genético de uma raça bovina como um todo, é fundamental analisar a estrutura dessa população em termos dos objetivos de cada um dos rebanhos que a constituem. Os rebanhos puros de seleção (produção e venda de reprodutores), além de serem responsáveis pelo aumento da frequência dos genes desejáveis, participam intensamente da difusão destes genes para a população, contribuindo, em última instância, para o aumento da produção de carne (Packer 1979).

No melhoramento genético de bovinos, são utilizados dois instrumentos básicos de trabalho. O primeiro, a seleção, consiste na escolha dos pais das gerações futuras. O segundo, sistema de acasalamento, envolve as diversas possibilidades de acasalar os indivíduos selecionados. A combinação apropriada de seleção e sistema de acasalamento define, para qualquer circunstância, o plano de melhoramento. A importância relativa de cada um dos componentes do plano de melhoramento é função da natureza da variação genética predominante. Quando o caráter que serve de critério de seleção apresenta suficiente variação genética aditiva, isto é, apresenta alta herdabilidade, a seleção é mais importante que o sistema de acasalamento. Este, por

sua vez, adquire maior importância no caso deste caráter ser mais susceptível à variação genética não aditiva.

A implementação de um plano de melhoramento em bovinos de corte deve apresentar definições corretas dos objetivos biológicos e econômicos, ou seja, qual(is) característica(s) deve(m) ser selecionada(s). No caso de cruzamentos, além disto, o objetivo básico deve ser, segundo Euclides Filho (1985), a otimização de valores genéticos aditivos e da heterose para as três características de maior importância em gado de corte: taxa de desmama, habilidade materna e potencial de crescimento dos bezerras.

Euclides Filho (1985) esclarece que as características reprodutivas, de modo geral, apresentam herdabilidades baixas. Desta forma, somente uma percentagem pequena da superioridade reprodutiva observada no indivíduo será transmitida à geração subsequente. Isto faz com que o progresso genético obtido por meio de seleção destas características, geralmente seja muito baixo. Melhorias desta resposta à seleção podem ser alcançadas por meio de seleção indireta, ou seja, selecionando-se algumas características auxiliares, como por exemplo diâmetro escrotal, que promoveriam melhor desempenho reprodutivo tanto nos machos quanto nas fêmeas. Por outro lado, melhorias consideráveis podem ser alcançadas dando-se maior atenção ao rebanho de cria, em termos de alimentação, manejo, descarte de vacas e seleção dos touros utilizados no rebanho. Um programa de descarte de vacas, baseado na eliminação gradativa, iniciando-se pela eliminação de vacas com problemas reprodutivos ou doentes, apresenta-se como prática recomendável.

Euclides Filho (1985) acrescenta que o resultado desta prática fica na dependência da taxa de natalidade inicial, da percentagem de vacas-problemas, da taxa de concepção de novilhas e do progresso advindo desta primeira etapa. A eliminação de vacas vazias deve ser feita concomitantemente com a inclusão de novilhas prenhes, isto é, este descarte só será efetuado após a estação de monta.

O mesmo autor esclarece, ainda, que para execução de um programa de seleção desta natureza, deve-se ter em mente a necessidade de se devotar maior atenção ao rebanho de cria no que diz respeito à alimentação. Assim, vacas prenhes, principalmente aquelas em pior estado de carne, devem ser mantidas em pastagens melhores. A melhoria na taxa de natalidade resulta, basicamente, de um manejo mais intensivo e, como tal, não pode ser transmitida às filhas, a não ser, em parcela mínima. Desta forma, este manejo deve ser mantido continuamente.

Assim, uma boa taxa de desmama pode ser alcançada através de um programa de seleção de fêmeas que enfoque o critério fertilidade como primordial.

Por outro lado, no processo de seleção de reprodutores, as fontes de informações podem ser obtidas através de medições ou observações no indivíduo e/ou em seus parentes. Em gado de corte, os métodos clássicos mais utilizados são: 1) Desempenho individual - Seleção massal; 2) Pedigree; e 3) Teste de progênie.

3 VALOR GENÉTICO DE REPRODUTORES CONFORME O MÉTODO DE SELEÇÃO

3.1 Desempenho individual - Seleção massal

A escolha de animais pela individualidade é feita quando estes são rejeitados ou mantidos no rebanho de criação, de acordo com o seu próprio fenótipo para a característica particular objeto da seleção.

Considerando que os indivíduos com fenótipos superiores a um valor pré-estabelecido sejam mantidos no rebanho de criação, temos um "truncamento" da curva no ponto pré-estabelecido, conforme Figura 1.

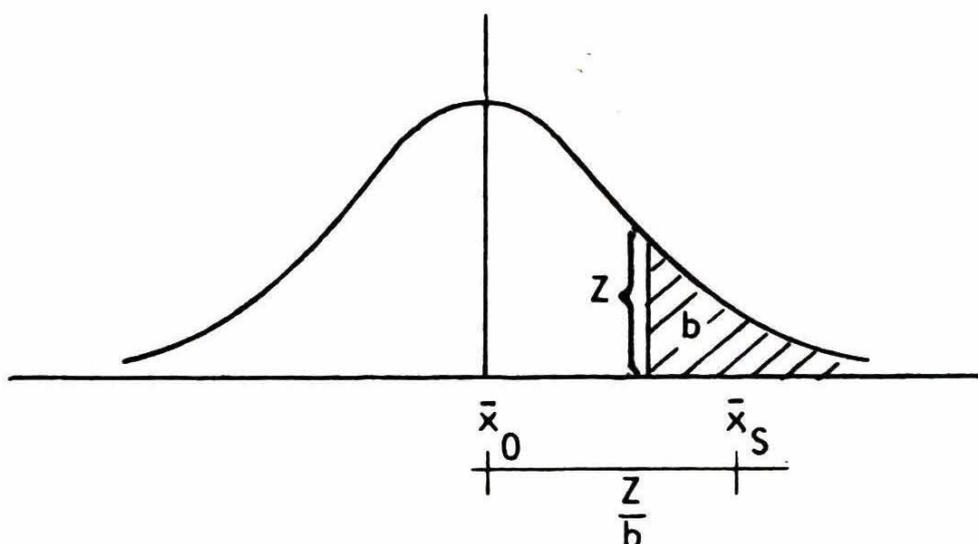


FIG. 1. Diferencial de seleção numa curva normal padronizada.

A diferença entre a média do grupo selecionado (\bar{X}_S) e a média da população (\bar{X}_0) é o diferencial de seleção (ΔS).

O valor de ΔS depende da variabilidade da população, da quantidade de indivíduos necessários à reprodução e do número de características selecionadas, entre outras variáveis.

Quando se deseja comparar o diferencial de seleção (ΔS) entre populações diferentes e mesmo entre diferentes características, torna-se necessário padronizá-lo. Tal padronização pode ser obtida da seguinte forma:

$$\frac{\Delta S}{\sigma_p} = i = \frac{z}{b}, \text{ onde:}$$

σ_p = desvio-padrão da característica na população;

i = intensidade de seleção;

z = altura da ordenada no ponto correspondente ao valor mínimo da característica nos animais escolhidos (ponto de "truncamento" da curva);

b = área sob a curva correspondente aos indivíduos escolhidos.

O ganho genético esperado (ΔG) é o produto da herdabilidade (h^2 - porcentagem das diferenças entre indivíduos, devido às diferenças genéticas) pelo diferencial de seleção (ΔS) - diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população, ou seja:

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

$$\text{Mas, } \Delta S = i \cdot \sigma_p$$

$$\text{Assim, } \Delta G = i \cdot h^2 \cdot \sigma_p$$

Considerando t como sendo o tempo para obtenção do ganho genético tem-se:

$$\Delta G = \frac{i \cdot h^2 \cdot \sigma_p}{t} \text{ onde,}$$

t representa o intervalo de tempo no qual o ganho genético é expresso, podendo ser apresentado em intervalo entre gerações ou por ano.

3.1.1 Valor genético de cada animal escolhido

Muitas vezes, em vez de se prever somente o ganho genético esperado pela seleção de vários animais, é importante obter-se uma estimativa do valor genético do indivíduo. Em geral, uma medida em determinado animal é de pouco valor, a menos que esta seja comparada com medidas de outros animais que viveram nas mesmas condições de meio ambiente.

O valor fenotípico de um indivíduo pode, entretanto, ser expresso em termos de porcentagem da média de todos os indivíduos do grupo, ou seja:

$$p = \frac{\text{Valor fenotípico da característica do animal}}{\text{média da característica no grupo}} \times 100$$

A expressão fenotípica de uma característica, desta forma, permite comparações de indivíduos dentro de anos, fazendas ou rebanhos. Estas comparações terão validade se

as diferenças entre anos, fazendas ou rebanhos são causadas pelo meio ambiente e se as interações genótipo-ambiente inexistem.

O valor fenotípico medido não é a estimativa real do genótipo correspondente. Por outro lado, se são conhecidos o valor fenotípico do animal para determinada característica, a média da característica na população a que ele pertence e a regressão do valor genético em relação ao valor fenotípico (valor que estima a herdabilidade- h^2 da característica), pode-se estimar o valor genético do animal.

O valor genético (VG) é estimado pela seguinte expressão:

$$VG = \bar{P} + b (P_i - \bar{P}), \text{ em que:}$$

$b = h^2 =$ herdabilidade;

$P_i =$ valor fenotípico do indivíduo i ;

$\bar{P} =$ média fenotípica da população tomada na mesma época daquela do indivíduo i .

O VG representa a estimativa do desvio genético em uma característica do indivíduo em relação à média do grupo a que ele pertence.

Especialmente para o caso de características de baixa herdabilidade, a estimativa do VG do indivíduo pode ser mais acurada se informações adicionais de parentes forem utilizadas.

3.2 Pedigree

A escolha de animais pela informação de pedigree depende de informações do desempenho dos ascendentes.

Além da correlação entre os genótipos do indivíduo e de seu ascendente, é necessário que se analise a precisão com que estima o genótipo do ascendente, quando dá análise da eficiência da seleção por este método.

Em geral, não se pode conhecer perfeitamente o genótipo de um animal qualquer. Ainda que o genótipo do indivíduo fosse completamente conhecido, seria impossível prever qual alelo de um locus heterozigótico seria transmitido ao descendente, uma vez que este fato é probabilístico.

Além do mais, há que se considerar as influências de meio na avaliação de pedigree. É comum ascendentes famosos receberem tratamento diferenciado em relação aos demais animais do rebanho. A consequência imediata deste fato é a super valorização das estimativas de seus genótipos.

A utilização das informações de pedigree torna-se particularmente útil no reconhecimento da presença de combinações não aditivas de genes. É normal a existência de animais com desempenho superior cujos ascendentes são apenas regulares. Em tais casos, a superioridade do animal é oriunda de combinações não aditivas de genes. Tais combinações tendem a desintegrar-se na meiose, de forma que o valor genético do indivíduo pode estar muito aquém do sugerido pelo seu desempenho.

Há, evidentemente, casos de animais com um valor genético superior ao sugerido por seus fenótipos, no caso de animais de pior desempenho e ascendentes de boa qualidade.

As informações de pedigree são bastante úteis na obtenção das estimativas do valor genético de animais jovens. Entretanto, tal importância diminui, quando se avolumam informações sobre o desempenho individual do animal, de seus irmãos e de seus filhos.

Para se obter o ganho genético pela seleção, baseada em um só ascendente, a expressão é:

$$\Delta G = i \cdot b_{A_i P_j} \cdot \sigma_p = i \cdot 2 r_{ij} \cdot h^2 \cdot \sigma_p, \text{ pois:}$$

$b_{A_i P_j}$ = regressão do valor genético do indivíduo (A_i) sobre o fenótipo do ascendente (P_j), ou:

$$b_{A_i P_j} = \frac{\text{COV}(A_i, A_j + E_j)}{V_{P_j}} = \frac{2r_{ij} \cdot \sigma^2_A}{\sigma^2_P} = 2r_{ij} \cdot h^2, \text{ onde:}$$

$2r_{ij} = R_{ij}$ = coeficiente de parentesco de Wright entre o indivíduo e o ascendente.

i = diferencial de seleção do ascendente, em unidades padronizadas;

σ_P = desvio-padrão da característica medida na população a que pertence o ascendente.

Quando a seleção é baseada em informação do pai ou da mãe, o ganho genético é, $1/2 \cdot i \cdot h^2 \cdot \sigma_P$; e quando for de avós, o ganho genético será $1/4 \cdot i \cdot h^2 \cdot \sigma_P$.

Portanto, a eficiência da seleção pelo pedigree (E) em relação à seleção massal, é em função do parentesco entre o indivíduo e seu ascendente. A eficiência relativa é dada por:

$$E = \frac{\Delta G \text{ (seleção pelo pedigree)}}{\Delta G \text{ (seleção massal)}} = \frac{i \cdot R_{ij} \cdot h^2 \cdot \sigma_P}{i \cdot h^2 \cdot \sigma_P} = R_{ij}$$

Caso sejam disponíveis várias observações do ascendente, a eficiência da seleção pelo pedigree é aumentada, pois:

$$\Delta G = i \cdot b_{A_i \bar{P}_j} \cdot \sigma_{\bar{P}_j}$$

$$\Delta G = i \cdot R_{ij} \cdot h^2 \cdot \left[\frac{n}{1 + (n-1)r} \right] \cdot \sigma_P \cdot \sqrt{\frac{1 + (n-1)r}{n}}$$

$$\Delta G = i \cdot R_{ij} \cdot h^2 \cdot \sigma_P \cdot \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)r}}, \text{ em que:}$$

n = número de observações que constituem a média;

r = repetibilidade da característica.

Neste caso, a eficiência da seleção pelo pedigree, em relação à seleção massal, será:

$$E = \frac{i \cdot R_{ij} \cdot h^2 \cdot \sigma_p \cdot \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)r}}}{i \cdot h^2 \cdot \sigma_p}$$

$$E = R_{ij} \cdot \sqrt{\frac{n}{1 + (n-1)r}}$$

Então, a eficiência é proporcional ao grau de parentesco entre o indivíduo e seu ascendente e ao número de observações no ascendente.

3.2.1 Valor genético

A estimativa do valor genético do indivíduo, através das informações do pedigree, pode ser obtida pela expressão:

$$VG = \bar{P} + b_{A_i P_j} (P_j - \bar{P}), \text{ onde:}$$

\bar{P} = média da população a que pertence o ascendente,

$b_{A_i P_j}$ = regressão do valor genético do indivíduo, sobre o fenótipo do ascendente;

P_j = valor da característica no ascendente.

3.3 Teste de progênie

O desempenho dos filhos é utilizado como critério para a escolha dos melhores pais no teste de progênie. Na verdade, o método consiste na avaliação de diferenças entre os fenótipos de grupos de filhos. O resultado do teste de

nutrisul

SUPLEMENTO MINERAL



Eficiência que se mede na balança.

Já é hora de oferecer um tratamento moderno e racional para a suplementação mineral do seu rebanho. A Nutrisul tem suplementos minerais na dose certa de macro e micro-elementos para suprir as deficiências das pastagens. É um verdadeiro

programa alimentar, produzido através de pesquisas científicas, para atender as necessidades de Bovinos e Eqüinos. Conheça os produtos da Nutrisul e garanta uma boa produtividade. Afinal, rebanho sadio é sinônimo de lucro certo.

SAL OURO

NÍVEIS DE GARANTIA
(cada kg contém)

Fósforo	90	g
Cálcio	160	g
Zinco	4.000	mg
Cobre	1.488	mg
Cobalto	55	mg
Iodo	40	mg
Manganês	550	mg
Magnésio	9.000	mg
Ferro	4.000	mg
Selênio	10	mg
Enxofre	7.000	mg
Cloreto de Sódio - q.s.p.	1.000	g

MODO DE USAR
Fornecer puro no cocho

SAL PRATA

NÍVEIS DE GARANTIA
(cada kg contém)

Fósforo	60	g
Cálcio	100	g
Zinco	6.650	mg
Cobre	1.260	mg
Cobalto	90	mg
Iodo	85	mg
Manganês	1.080	mg
Magnésio	7.000	mg
Ferro	1.060	mg
Selênio	18	mg
Enxofre	6.500	mg
Cloreto de Sódio - q.s.p.	1.000	g

MODO DE USAR
Fornecer puro no cocho

**Veja porque
os minerais
são importantes
para a saúde
do seu rebanho**

CÁLCIO E FÓSFORO

Cerca de 99% do cálcio e 80% do fósforo no animal, encontram-se nos ossos e nos dentes; assim sendo, as principais funções destes minerais são a formação e a manutenção dos ossos e dentes.

A ausência prolongada desses elementos minerais causa deformações nos ossos e dentes, reduz o crescimento, baixa a produção de leite, provoca a diminuição do apetite, ausência de cio, baixa fertilidade, aborto e aumento da mortalidade.

SÓDIO E CLORO

O sódio para os animais é o elemento mais deficiente universalmente entre todos os minerais. Animais com deficiência de sal são esguios, consomem menos alimentos e são capazes de fazer longas caminhadas para receber sal. Os animais apresentam ainda apetite depravado, comem terra, roem madeira, lambem suor de outros animais, diminuem a produção de leite e o ganho de peso. Além disso, o cloro isoladamente faz parte do suco gástrico e estimula a formação de enzimas digestivas.

MAGNÉSIO

Está intensamente associado com cálcio e fósforo, nos tecidos e no metabolismo do corpo animal. O magnésio é um constituinte normal dos ossos, dentes, sistema enzimático e neuro-muscular. Contribui ainda para o retardamento do processo de acidez do leite.

ENXOFRE

É um elemento essencial na formação das proteínas, do pêlo, da cartilagem, da parede dos vasos sanguíneos, dos ossos, dos tendões e das enzimas. Deficiência de enxofre causa perda de peso, fraqueza, lacrimejamento e morte.

FERRO

Este é um elemento básico da hemoglobina que produz a coloração vermelha do sangue e conduz o oxigênio dos pulmões a todo o organismo. O sistema clássico de deficiência de ferro é anemia, que destrói as defesas naturais do organismo, podendo também levar a morte.

SUPRE OURO

NÍVEIS DE GARANTIA
(cada kg contém)

Fósforo	170	g
Cálcio	208	g
Zinco	13.500	mg
Cobre	3.800	mg
Cobalto	200	mg
Iodo	230	mg
Manganês	4.000	mg
Magnésio	27.000	mg
Ferro	6.400	mg
Selênio	45	mg
Enxofre	20.000	mg

MODO DE USAR

Misturar 2 sacos de sal comum com um saco de Supre Ouro.

EQÜIOURO

NÍVEIS DE GARANTIA
(cada kg contém)

Fósforo	35	g
Cálcio	200	g
Cobre	280	mg
Ferro	4.600	mg
Cobalto	10	mg
Zinco	1.340	mg
Iodo	11	mg
Manganês	376	mg
Magnésio	10.500	mg
Selênio	9	mg
Cloreto de Sódio - q.s.p.	1.000	g

MODO DE USAR

Fornecer puro no cocho

COBRE

Suas funções são altamente correlacionadas com as do ferro. Participa na formação da hemoglobina do sangue, enzimas, ossos e sistema nervoso. A deficiência de cobre pode causar anemia, crescimento retardado, diarreia, má formação óssea, desordens nervosas, despigmentação da pelagem, perda de peso e morte.

COBALTO

É essencial para a formação da vitamina B-12 através dos microorganismos do rúmem. Deficiência de cobalto causa anemia, perda de apetite, emagrecimento e morte.

IODO

É o elemento fundamental na formação de tiroxina pela glândula tireóide. A tiroxina regula o metabolismo geral do organismo. Em bovinos a deficiência de iodo está associada ao bócio(papo), recém-nascidos mortos, mal formados, sem pêlos e com aumento da glândula tireóide.

MANGANÊS

Como quase todos os micro-elementos, o manganês está diretamente envolvido na formação dos ossos e em várias reações enzimáticas. Deficiência de manganês causa principalmente redução na fertilidade do rebanho. Causa ainda pouco desenvolvimento, baixo consumo alimentar, deformação dos membros posteriores de bezerros recém-nascidos, esterilidade, maturidade sexual retardada e bezerros recém-nascidos fracos ou mortos.

ZINCO

É importante para a formação das proteínas, sínteses das enzimas que operam no mecanismo de eliminação do gás carbônico, digestão de proteínas, mineralização dos ossos e também na formação da pelagem. Um dos principais sintomas de deficiência de zinco é a perda de pêlo ou alopecia (PARAQUERATOSE).

SELÊNIO

É necessário para o crescimento e indispensável à reprodução dos animais.

Selênio é fundamental na síntese de proteínas e faz parte da enzima glutationa peroxidase. Deficiência do Selênio causa aborto, baixa fertilidade, retenção de placenta e outras anomalias na reprodução.

SAL OURO

SAL PRATA

SUPRE OURO

EQÜIOURO

 **nutrisul**
Sal Mineral
do jeito que o Boi gosta

PROGRAMA DE SANIDADE DO REBANHO BOVINO

ATIVIDADES	MÊS												OBSERVAÇÕES	
	JAN	FEV	MAR	ABR	MAI	JUN	JUL	AGO	SET	OUT	NOV	DEZ		
FEBRE AFTOSA														Vacinar todos os animais à partir de 4 meses de idade. Aplicar via subcutânea - 5 ml.
CARBÚNCULO SINTOMÁTICO														Vacinar os bezerros aos 4 meses e repetir na desmama.
BRUCELOSE														Vacinar as fêmeas de 3 a 8 meses de idade. Esta vacina deve ser feita com intervalo de 21 dias das outras vacinas.
RAIVA														Vacinar anualmente em zonas onde ocorre a doença.
PNEUMOENTERITE														Vacinar as vacas no 8º mês de gestação e os bezerros aos 15 e 30 dias de idade. Doses: - Vacas - 5 ml Bezerros - 2 ml
BOTULISMO														Vacinar quando houver suspeita da doença.
VERMIFUGAÇÃO														Vermifugar nos meses indicados.
MINERALIZAÇÃO														Fornecer à vontade no cocho durante todo o ano.

progênie poderá ser influenciado por erros causados pelo ambiente, dominância, epistasia ou pela amostragem.

As informações de um só filho para a avaliação do pai têm pequeno valor, uma vez que este está sujeito às influências de ambiente, de amostragem, de herança, além de ser relacionado com o pai em apenas 50%. Se a média de muitos filhos é usada, as influências aleatórias de meio e de chance tendem a ser anuladas, pois tais influências atuam em diferentes direções. Assim, a estimativa do valor genético do pai será tanto mais precisa quanto maior for o número de filhos com informações participantes da média.

Uma fonte de erro importante no teste de progênie é o fato de haver seleção dentro dos grupos de filhos. É comum a tendência de as piores produções serem omitidas e apresentadas somente as superiores. Conseqüentemente, este fato poderá resultar em erros na classificação dos pais.

Na análise da progênie de determinado pai, é necessário considerar que a metade da herança de cada filho é proveniente da mãe e, por esta razão, as mães devem ser um grupo não selecionado dentro da raça.

As principais fontes de diferenças entre os grupos de progênie podem ser assim classificadas:

- a) diferenças genéticas entre os pais de cada grupo;
- b) diferenças genéticas entre as mães de cada grupo de de progênies;
- c) diferenças entre os filhos do mesmo reprodutor, de origem aleatória.

Estas diferenças devem-se ao fato de que os membros do mesmo grupo de progênie recebem genes diferentes do pai, da mãe, em virtude da segregação mendeliana e podem, ainda, ser submetidos a diferentes condições de ambiente. Além disso, erros na própria medição da característica podem constituir-se numa diferença aleatória.

Tais diferenças de origem aleatória somam-se em um componente de variação de meio que, com o aumento do número (N) de filhos, decresce na proporção de $1/N$;

- d) diferenças sistemáticas entre os grupos de progênie, de natureza não genética, resultantes de diferenças de alimentação e manejo, estação de nascimento e idade da mãe ao parto, entre outras.

Estas diferenças, ao contrário daquelas de origem aleatória, não são reduzidas com o aumento do número de filhos. Na verdade, estas contribuem para a correlação fenotípica entre os membros do mesmo grupo de progênie com um coeficiente denominado de $C = c^2 = \frac{\sigma^2 c}{\sigma^2 p}$.

O ganho genético pela seleção de indivíduos, com base nas informações de progênie, pode ser obtido pela expressão:

$$\Delta G_{\bar{F}} = i \cdot b_{A\bar{F}} \cdot \sigma_{\bar{F}}, \text{ onde:}$$

- i = intensidade de seleção na progênie;
 $b_{A\bar{F}}$ = regressão do valor genético do indivíduo, sobre a média de seus filhos; e
 $\sigma_{\bar{F}}$ = desvio-padrão da característica, em função da média dos filhos.

$$\Delta G_{\bar{F}} = i \cdot h^2 \cdot \sqrt{\frac{n}{4[1+(n-1)t]}} \cdot \sigma_p, \text{ sendo:}$$

- σ_p = desvio-padrão da característica na população;
 n = número de filhos que constituem a média \bar{F} ;
 t = correlação entre os n filhos do animal,
 $t = \frac{R\sigma^2 A + \sigma^2 c}{\sigma^2 p}$

R = parentesco entre os indivíduos de cada grupo de progênie; e

σ^2_c = variância de meio comum aos irmãos do grupo de progênie.

Pode-se considerar ainda que:

$$t = Rh^2 + c^2$$

Se no teste de progênie os indivíduos de cada grupo de progênie são meio-irmãos, então:

$$t = \frac{1}{4} \cdot h^2 + c^2.$$

O ganho genético pela seleção, baseada na média da progênie, pode ser expresso pela correlação entre o valor genético do indivíduo e a média fenotípica de seus filhos. Neste caso tem-se:

$$\Delta G_{\bar{F}} = i \cdot r_{A\bar{F}} \cdot \sigma_A$$

$$G_{\bar{F}} = i \cdot \frac{h}{2} \cdot \sqrt{\frac{n}{1+(n-1)t}} \cdot \sigma_A \quad e:$$

$r_{A\bar{F}}$ = correlação entre o valor genético do indivíduo, e a média fenotípica de seus filhos.

No caso do teste de progênie, dado um número não limitado de mães, é de se esperar que a eficiência da resposta em relação à seleção massal aumente na razão direta do número de filhos, ou seja:

$$E = \frac{\Delta G \text{ (seleção pela progênie)} / T_p}{\Delta G \text{ (seleção massal)} / T} = \frac{T}{T_p} \cdot \sqrt{\frac{n}{4[1-(n-1)t]}}$$

sendo:

T_p = tempo necessário para se obter as informações da progênie;

T = tempo necessário para se obter as informações do próprio indivíduo.

Há que se considerar que T_p , em geral, é maior que T . Além disso, para um mesmo número de filhos, a eficiência aumenta com a redução do valor de h^2 e c^2 .

3.3.1 Valor genético

A progênie de determinado indivíduo é comparada com animais contemporâneos, para se estimar o valor genético do indivíduo. Neste caso, quantifica-se o desvio da progênie de um indivíduo em relação ao grupo de contemporâneos.

Assim, o valor genético é dado por:

$$VG = \bar{P}_{Co} + b_{A_i\bar{F}} (\bar{P}_F - \bar{P}_{Co}), \text{ tal que:}$$

\bar{P}_{Co} = média dos companheiros de rebanho com os quais os filhos do touro são comparados;

\bar{P}_F = média dos filhos; e

$b_{A_i\bar{F}}$ = regressão do valor genético do indivíduo, sobre a média de seus filhos.

Há que ressaltar que muitas características de valor econômico na exploração dos animais domésticos não são medidas no macho. Em outras situações, como no caso de avaliação de carcaça, há necessidade de se abaterem animais para medição da característica, e muitas vezes, é necessário estimar o valor genético de machos, mediante medidas tomadas na progênie, para que se possa escolher os melhores reprodutores.

A precisão da estimativa do valor genético dos reprodutores merece atenção especial, principalmente com o uso intensivo da inseminação artificial, para se evitar a disseminação de material genético não desejável.

4 MODELOS ESTATÍSTICOS UTILIZADOS NA AVALIAÇÃO DE REPRODUTORES

Os modelos estatísticos constituem um recurso utilizado para quantificar e/ou relacionar fatores influenciadores em um dado fenômeno biológico. Este fato encerra, portanto, uma grande propriedade dos modelos descritivos, ou seja, os modelos constituem uma equação aproximada ou simplificada, questionável e testável.

Henderson (1983) esclareceu que o sucesso de um programa de melhoramento depende de vários fatores: escolha das características a serem selecionadas, ênfase relativa dada a cada uma delas, sistema de acasalamento, intervalo de geração e precisão nas decisões sobre seleção.

Portanto, a teoria de construção de modelos nos auxilia na seleção dos animais com mais precisão, utilizando-se as informações coletadas.

Diante das informações disponíveis, podemos descrever as características de interesse em gado de corte através de três modelos estatísticos:

Modelo I:
$$\underset{\sim}{Y} = \underset{\sim}{\chi} \underset{\sim}{\beta} + \underset{\sim}{e}, \text{ em que:}$$

$\underset{\sim}{Y}$ = vetor $n \times 1$ de observações;

$\underset{\sim}{\chi}$ = matriz de incidência $n \times p$;

$\underset{\sim}{\beta}$ = vetor com p efeitos fixos;

$\underset{\sim}{e}$ = vetor $n \times 1$ de erros, cuja variância, $\sigma^2(\underset{\sim}{e}) = \sigma^2_a + \sigma^2_e$, sendo que:

σ^2_a = variância genética aditiva;

σ^2_e = variância aleatória.

Modelo II: $Y = \chi\beta + Zt + e$, onde:

Z = matriz $k \times m$ de incidência, que relaciona produtos e touros;

t = vetor $m \times 1$ que contém a contribuição dos efeitos aleatórios dos t touros, pais das progênie.

A variância (t) = $1/4 \sigma_a^2$;

e = vetor $n \times 1$ de erros, cuja variância, $\sigma^2(e) = 3/4 \sigma_a^2 + \sigma_e^2$

Os demais termos (Y e $\chi\beta$) são como definidos para o Modelo I.

O modelo II representa aquele utilizado em um teste de progênie. O "output" de um processamento, utilizando este modelo, fornece as diferenças esperadas na progênie com propriedades "BLUP" - Best Linear Unbiased Prediction.

Naturalmente, a utilização deste modelo pressupõe-se que os acasalamentos tenham ocorrido de forma aleatória.

Na prática, esta pressuposição só poderia ser atendida em um teste previamente planejado. Na maioria das outras situações, ela não se verifica plenamente, já que os criadores, em geral, dirigem os acasalamentos.

Modelo III: $Y = \chi\beta + Zt + Wv + e$, em que:

W = matriz de incidência $m \times g$ que relaciona as observações com as vacas;

v = vetor $g \times 1$ que contém a contribuição dos efeitos aleatórios das v vacas.

A variância (v) = $\frac{1}{4} \sigma_a^2 + \sigma_{e_p}^2$;

e = vetor $n \times 1$ de erros, cuja variância, $\sigma^2(e) = \frac{1}{2} \sigma_a^2 + \sigma_e^2$.

Os termos Y , $\chi\beta$ e Zt são idênticos àqueles definidos nos modelos anteriores.

Este modelo permite uma maior exatidão para os termos β e ξ , uma vez que estes são ajustados para os desvios de aleatoriedade, provocados pelos acasalamentos dirigidos.

A estimativa do efeito combinado das vacas (v) é semelhante à diferença esperada na progênie dada por \tilde{t} , exceto evidentemente pelo número de observações para cada um dos níveis de (v).

Embora este seja o modelo mais desejável, verifica-se um acréscimo do número de parâmetros a serem estimados. Conseqüentemente, o número de operações matemáticas é também aumentado, o que pode levar a uma exigência maior de memória computacional, além do tempo de execução necessário para o ajuste do modelo.

5 ACURÁCIA DAS ESTIMATIVAS DO VALOR GENÉTICO DE REPRODUTORES

Além de se estimar o valor genético de um indivíduo, torna-se importante quantificar a precisão desta estimativa. Matematicamente, esta precisão é denominada de acurácia que, por definição, é a correlação entre o valor genético estimado e o valor verdadeiro de um indivíduo.

A Tabela 1 mostra a acurácia conseguida em função da fonte de informações.

Quando se dispõe de informação individual do desempenho, a acurácia é igual a raiz quadrada da herdabilidade. Para uma característica com herdabilidade da ordem de 0,50 e dispondo de informação de desempenho do próprio indivíduo, tem-se uma acurácia de 0,71, sendo 1,00 a perfeita acurácia. Se a herdabilidade é de 0,40, a acurácia é de 0,63. Este valor é o mesmo daquele alcançado quando da avaliação de seis progênies.

Desta forma, para características de alta herdabilidade (maior ou igual a 0,50), o desempenho individual, quando medido, é um excelente critério para ser usado no processo de seleção, bem como na aquisição de pais.

TABELA 1. Acurácia das estimativas do valor genético com base em informações de parentes.

Parente	Número de informações	Coeficiente de parentesco	Herdabilidade	
			0,20	0,40
			Acurácia	
Pai	1	1/2	0,22	0,31
Meio-irmãos paternos	10	1/4	0,30	0,36
	40	1/4	0,41	0,45
Meio-irmãos maternos	2	1/4	0,15	0,22
	4	1/4	0,21	0,28
Indivíduo	1	1	0,45	0,63
Progênie	10	1/2	0,59	0,72
	40	1/2	0,82	0,90

FONTE: Hubbard (1981).

Por outro lado, é lógica a utilização de informações de parentes na avaliação de um indivíduo, uma vez que cada membro do grupo de parentes tem uma fração de seus genes em comum com este animal e, conseqüentemente, eles têm a mesma fração de semelhança de seus valores genéticos. Considerando que a estimativa do valor genético é influenciada de forma aleatória pelo meio ambiente, estas frações são adicionadas ou subtraídas ao valor de alguns animais. Assim, quanto maior o número de animais no grupo, maior será a tendência destes efeitos somados ou diminuídos, se autocancelarem. Este fato é particularmente interessante e útil para o caso das características de baixa herdabilidade, embora beneficie também àquelas de herdabilidade média.

As expressões matemáticas utilizadas para se obter os valores de acurácia são:

$$\text{Acurácia} = \sqrt{2b \cdot R_{xy}}$$

$$\text{Valor genético} = 2b_{\text{DEP}} (\bar{X}_r - \bar{X}_o) = b_{\text{VG}} (\bar{X}_i - \bar{X}_o)$$

$$b_{\text{VG}} = \frac{r_{xy} \cdot h^2}{\{[1 + r_{xx} \cdot h^2(n-1)]/n\}}$$

$$b_{\text{DEP}} = \frac{n}{(n + \frac{\sigma_e^2}{\sigma_r^2})} = \frac{n}{[n + (4-h^2)/h^2]}$$

em que:

b_{DEP} = coeficiente de regressão da diferença esperada na progênie;

b_{VG} = coeficiente de regressão no valor genético;

\bar{X}_r = \bar{X}_i = média dos filhos do indivíduo;

\bar{X}_o = média dos companheiros de rebanho com os quais os filhos do indivíduo são comparados;

R_{xy} = r_{xy} = r_{xx} = coeficiente de parentesco;

- h^2 = estimativa de herdabilidade da característica;
 n = número de informações (indivíduos) por reprodutor. Quando o número de informações por reprodutor não for o mesmo (não balanceado), n deve ser substituído por n_{ep} (número efetivo de progênie);
 σ_r^2 = estimativa do componente de variância do reprodutor e,
 σ_e^2 = estimativa do componente de variância devido ao erro.

Na Tabela 1, a acurácia usa a informação de um parente particular do indivíduo ou dele mesmo. Observa-se que uma maior acurácia é alcançada para características de maior variabilidade genética (maior herdabilidade). Além disso, a acurácia aumenta com o número de informações dentre de um mesmo grupo de parente e o indivíduo e a fonte de informação disponível.

6 AVALIAÇÃO NACIONAL DE TOUROS

O Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte (CNPGC), da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), vem conduzindo um trabalho de avaliação nacional de touros das raças zebuínas, tendo-se, por base, o desempenho de suas progênie em controle de desenvolvimento ponderal (CDP)-Convênio Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ)/EMBRAPA/Ministério da Agricultura —, cuja edição mais recente, com dados atualizados até 1988, encontra-se em editoração pelo Ministério da Agricultura.

Para a composição e análise crítica das amostras de cada uma das raças, utilizou-se o Statistical Analysis System (SAS Institute 1985).

A metodologia utilizada, para a análise propriamente dita, foi a de modelos mistos, cuja versão contempla a opção Best Linear Unbiased Prediction (BLUP), pela utilização do programa Mixed Model Least-Squares and Maximum Likelihood Computer Program (LSMLMW) (Harvey 1987).

A diferença esperada na progênie (DEP) foi estimada utilizando-se um modelo de máxima verossimilhança, equivalente ao Modelo Tipo II de Henderson (1953), que incluiu os efeitos de reprodutor, estado, fazenda dentro de estado, sexo, ano (A) e estação de nascimento (E), interação A x E e os efeitos lineares e quadráticos da idade da vaca. A repetibilidade, utilizada neste processo, foi estimada pelo método de quadrados mínimos, aplicando-se um modelo que incluiu todos os efeitos acima identificados sendo que, ao invés de reprodutor, constou o efeito de vaca dentro de fazenda dentro de estado.

O modelo proposto para a obtenção das estimativas de DEP pressupõe que os acasalamentos tenham ocorrido ao acaso, o que não corresponde fielmente à realidade. No entanto, devido à abrangência geográfica alcançada pelo CDP, e à utilização de inseminação artificial, muito menos real seria considerar um modelo no qual determinadas vacas só se acasalassem com determinado touro.

A DEP de determinado reprodutor, em relação à amostra da raça, corresponde à metade do valor genético do touro, para a característica considerada.

A importância fundamental da DEP é permitir predizer o desempenho da progênie futura com base nas informações obtidas da progênie atual.

A estimativa da DEP é expressa na mesma unidade de medida da característica em avaliação e pode ser positiva ou negativa, em sinal. Vale ressaltar, que a superioridade ou inferioridade encontrada como sendo a DEP de determinado reprodutor, é genética, por ter sido considerada no modelo descritivo os efeitos influenciadores do desempenho dos animais.

Nas tabelas dos resultados das avaliações de reprodutores constam: nome e Registro Genealógico Definitivo (RGD) do reprodutor, nome do pai e da mãe do reprodutor, nome do criador, disponibilidade de sêmen e código da central de Inseminação Artificial (CIA), além de, para as idades-padrão de 205 e 365 dias, o número de produtos avaliados (N), DEP em kg, acurácia e a classificação.

Na edição de 1988 é apresentada a acurácia da estimativa do valor genético dos reprodutores, cuja importância maior é permitir uma decisão mais segura no processo de escolha dos reprodutores.

A classificação foi feita com base na estimativa da DEP. Por segurança, somente os touros cuja acurácia é igual ou superior a 0,60 foram classificados.

O trabalho de avaliação nacional de touros das raças zebuínas apresenta estimativas de DEPs para pesos aos 205 e 365 dias de idade. A decisão por uma ou outra estimativa é uma questão cuja resposta depende da situação e do sistema de criação em cada rebanho. Se as vendas são feitas logo após a desmama, naturalmente o critério será selecionar os touros com melhores estimativas das DEPs para o peso aos 205 dias.

Há que esclarecer que os pesos às idades-padrão são correlacionados positivamente entre si, e o ideal seria que se dispusesse de uma única estimativa do valor genético do reprodutor, agregando todas as informações disponíveis.

A tomada de decisão pela utilização de um ou de outro reprodutor deve estar agregada ao próprio patrimônio genético das matrizes de cada rebanho. Em outras palavras, um maior ou menor ganho genético é diretamente proporcional à contribuição genética do reprodutor e da matriz.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

EUCLIDES FILHO, K. Programa de seleção para gado de corte: uma proposição. Campo Grande, EMBRAPA-CNPGC, 1985. 19p. (EMBRAPA-CNPGC. Documentos, 26).

HARVEY, W. User's guide for LSMLMW - Mixed model least-squares and maximum likelihood computer program. 1987. 59p. Fotocópia.

HENDERSON, C.R. Avaliação de vacas e touros. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINO LEITEIRO NOS TRÓPICOS, 1., Juiz de Fora, 1982. Anais... Juiz de Fora, EMBRAPA-CNPGL, 1983. p.137-68.

HENDERSON, C.R. Estimation of variance and covariance components. Biometrics, 9:226-52, 1953.

HUBBARD, D.D. Guidelines for uniform beef improvement programs. s.l., USDA-Extension Service, 1981. p.19-21.

PACKER, I.U. Métodos de melhoramento utilizados atualmente em bovinos de corte. In: SIMPÓSIO SOBRE PECUÁRIA DE CORTE, 2., Piracicaba, 1978. Anais... Campinas, ESALQ, 1979. p.177-202.

SAS Institute, Cary, United States of America. Statistical analysis system user's guide: basics. Cary, 1985. 1290p.