

## Divergência genética de touros Nelores com sêmen disponível em centrais de inseminação no Brasil

P. B. Ferraz Filho<sup>1</sup>, L.O.C. Silva<sup>2</sup>, J. C. Souza<sup>3</sup> e C.H.M. Malhado<sup>4</sup>

Departamento de Ciências Naturais, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS)– Campus de Três Lagoas, Av. Ranulpho Marques Leal, 3.484 - Caixa Postal 210, CEP 79620-080.

Três Lagoas - Mato Grosso do Sul - Brasil

Recibido Octubre 15, 2006. Aceptado Febrero 20, 2008

---

### Genetic divergence of Nellore bulls with available semen in headquarters of insemination in Brazil

**ABSTRACT.** The objective of this study was to evaluate the genetic divergence, among 33 Nelores bulls with available semen in Headquarters of Insemination, based in the expected differences in their progenies regarding development and reproductive characteristics, through techniques of multivariate analysis. Dissimilar measures were obtained through the Euclidian distances standardized averages, being the largest dissimilar among the bulls with distance of 2.5840 and the largest similarity among the progenitors with dear value of 0.3423 of distance. Ten groups of reproductive as same similarity pattern were obtained by grouping technique, with four divergent bulls in relation to the others. Scores of the main components were dear, to obtain dispersion graphs, that made possible the visual evaluation of the genetic divergence and of the dissimilar pattern among the studied materials. Of the principal components that explained most of the total variance, the first explained 30.33%, the second answered for 24.09% and the third for 16.75% of the variance. The estimates of found genetic divergence allow to define progenitors that can produce won significant in function of the heterotics effects originating from of matings among their progenies.

Key words: *Bos indicus*, genetic distance, principal components, similarity.

---

**RESUMO.** O objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética, entre 33 reprodutores da raça Nelore com sêmen disponíveis em Centrais de Inseminação, com base nas diferenças esperadas em suas progênes com relação a caracteres ponderais e reprodutivos, através de técnicas de análise multivariada. Medidas de dissimilaridade foram obtidas através das distâncias Euclidianas médias padronizadas, sendo a maior dissimilaridade entre os touros com distância de 2,5840 e a maior similaridade entre os progenitores com valor estimado de 0,3423 de distância. Dez grupos de reprodutores como mesmo padrão de similaridade foram obtidos por técnica de agrupamento, com quatro touros divergentes em relação aos demais. Escores dos componentes principais foram estimados, para se obter gráficos de dispersão, que possibilitaram a avaliação visual da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os materiais estudados. Dos componentes principais que explicaram a maior parte da variância total, o primeiro explicou 30,33%, o segundo respondeu por 24,09% e o terceiro por 16,75% da variância. As estimativas de divergência genética encontrada permitem definir progenitores que podem produzir ganhos significativos em função dos efeitos heteróticos oriundos de acasalamentos entre suas progênes.

Palavras chave: *Bos indicus*, componentes principais, distância genética, similaridade.

---

<sup>1</sup>Autor para la correspondencia, e-mail: paulo@ceul.ufms.br

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Corte BR 262 km 4, Caixa Postal 154 - CEP 79002-970 - Campo Grande - Mato Grosso do Sul - Brasil  
locs@cnpqg.embrapa.br

<sup>3</sup>Universidade Federal do Paraná (UFPR) / Missouri University - Campus de Palotina 1005. Queen Ann # 12. Columbia, MO, USA. 65201. Bolsista do CNPq.

<sup>4</sup>Departamento de Ciências Biológicas - Universidade Estadual Sudoeste da Bahia (UESB) - Campus de Jequié-Av: José Moreira Sobrinho, S/N Jequezinho - Jequié - Bahia, Brasil CEP: 45206-510 - malhado@uesb.br

## Introdução

A análise da diversidade genética se destina à identificação de genitores adequados à obtenção de progênes com vigor híbrido diferenciado, e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de animais com valores genéticos superiores a média da população.

A superioridade de descendentes provenientes de exogamia é função da heterose ou do vigor híbrido expressa no acasalamento entre os genitores selecionados. A heterose geralmente é aumentada em função da distância genética entre os genitores. Assim, a diversidade genética existente deve ser avaliada como objetivo de identificar quais grupos de genitores que quando acasalados entre si, identifiquem as combinações que expressem maior

efeito heterótico e maior heterozigose em sua descendência.

O propósito deste foi avaliar a diversidade genética por processos preditivos, entre reprodutores bovinos da raça Nelore com sêmen disponível em Centrais de Inseminação no Brasil, com relação às características biométricas, como pesos maternos, a desmama, e ao sobreano e ganhos de pesos nos períodos pré e pós-desmama e às características reprodutivas, como idade ao primeiro parto, intervalo entre partos, perímetro escrotal a desmama e ao sobreano. Ainda, realizar a formação de grupos similares de reprodutores por técnicas de agrupamento, e por intermédio de componentes principais.

## Material e Métodos

Foram selecionados 33 reprodutores, com sêmen disponível em Centrais de Inseminação do Brasil, equivalentes a 0,1% do percentil geral do índice de qualificação genética de 26627 touros da raça Nelore relacionados no Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas - Nelore 2004 (Brasil, 2004), realizado pela Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ) com parceria da Embrapa Gado de Corte. Para o estudo da divergência genética utilizou-se informações das diferenças esperadas nas progênes (DEPs), contidas no referido Sumário. As variáveis analisadas foram as DEPs estimadas para as seguintes características: Peso aos 120 dias de idade (efeito materno = PM e total materno = TMM), expressa em kg; Peso aos 240 dias de idade (efeito direto = PD e total materno = TMD), expressa em kg; Peso aos 420 dias de idade (efeito direto = PS), expressa em kg; Ganho de peso pré-desmama (efeito direto = GND, e total materno = TMGND), expressa em g/dia; Ganho de peso pós-desmama (efeito direto = GPD), expressa em g/dia; Perímetro escrotal à desmama (efeito direto = PED), expressa em cm; Perímetro escrotal ao

sobreano (efeito direto = PES), expressa em cm; Idade ao primeiro parto (efeito direto = IPP), expressa em dias; Intervalo entre primeiro e segundo partos (efeito direto = I2P), expressa em dias; Intervalo entre os demais partos (efeito direto = IOP), expressa em dias. O índice de qualificação genética (IQG), obtido pela fórmula  $10\%*PM + 15\%*PD + 20\%*TMD + 30\%*PS + 10\%*IPP + 10\%*I2P + 5\%*PES$ , foi incluído como a décima quarta variável.

As medidas de dissimilaridade foram obtidas através das estimativas das distâncias Euclidiana média, baseadas nas catorze variáveis acima descritas. Na análise de agrupamento dos reprodutores adotou-se a distância Euclidiana sobre a qual empregou-se o método de otimização de Tocher. Coeficientes de ponderação de componentes principais foram estimados, para se obter gráficos de dispersão, que possibilitaram a avaliação da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os materiais estudados. Os dados foram processados no Programa Genes - Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, versão Windows (Cruz, 2001).

## Resultados e Discussão

As estimativas das distâncias euclidianas médias evidenciam o grau de dissimilaridade entre os genitores avaliados (Cruz, 2005). Por intermédio do desempenho médio e das estimativas destas distâncias, é possível identificar entre os animais avaliados, aqueles mais divergentes. As progênes desses genótipos seriam recomendadas como genitores de acasalamentos visando a heterose em

programas de melhoramento. Já a análise de agrupamento tem por finalidade reunir objetos semelhantes segundo suas características (variáveis), segundo algum critério de similaridade ou dissimilaridade, de tal forma que existam homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos.

As maiores e menores distâncias Euclidianas

médias padronizadas, entre pares de progenitores, são apresentadas no Quadro 1. Estas estimativas evidenciam os graus de similaridade e de dissimilaridade entre os touros avaliados. Os resultados mostram que a maior dissimilaridade ocorre entre os touros 20 e 26 (distância euclidiana média de 2,5840) e a maior similaridade entre os progenitores 12 e 15 (com valor estimado de 0,3423 de distância euclidiana média).

Em programas que buscam a obtenção de animais superiores é necessária uma considerável divergência genética entre os reprodutores e que eles tenham médias elevadas para os caracteres a serem

melhorados. Apesar de a máxima diversidade ter sido apresentada entre os touros 20 e 26, a recomendação dos acasalamentos entre suas progênes só deverá ser feita após uma análise criteriosa de seus desempenhos em relação a cada um dos caracteres avaliados.

Pela técnica multivariada de quantificação a distância Euclidiana permite quantificar a importância relativa de caracteres para a diversidade genética, por meio da avaliação da contribuição destes para os valores das distâncias. Dentre os caracteres que mais contribuíram para a divergência, destacou-se o ganho de peso pós desmama (GPD)

Quadro 1. Distâncias Euclidianas Médias (Máximas e Mínimas) entre Pares de Trinta e Três Touros da Raça Nelore com Sêmen Disponível em Centrais de Inseminação no Brasil.

Touro	RGD*	Máxima	Touro mais Dissimilar	Mínima	Touro mais Similar
1	D7661	1,9682	20	0,4617	7
2	BETO501	1,7071	20	0,5619	1
3	AQMS410	1,9645	20	0,6147	2
4	HA8311	2,1110	20	0,9295	5
5	PAJ35	1,7709	29	0,6961	31
6	APBJ1909	2,2548	24	0,8804	14
7	SABA2010	1,7602	26	0,4617	1
8	MANAC2853	1,9217	26	0,6154	32
9	FSM894	2,2719	22	1,0380	11
10	SZSH112	2,3345	20	0,9711	30
11	HA9137	2,4270	22	0,8614	20
12	3165	1,9835	26	0,3423	15
13	BULL310	1,8106	6	0,6255	7
14	F6211	2,1232	26	0,6065	19
15	MRA2679	2,0153	26	0,3423	12
16	L9318	2,0107	26	0,5792	15
17	J8454	1,8066	11	0,8124	8
18	I3448	2,2371	26	0,7954	25
19	ALFA3970	2,0498	24	0,6065	14
20	HA4407	2,5840	26	0,8614	11
21	I2349	2,0308	26	0,6427	33
22	G5191	2,4270	11	0,9073	17
23	CSCM1635	1,8737	22	0,6180	7
24	I8840	2,3729	20	0,9928	4
25	IZSN3832	2,4458	26	0,7833	8
26	L4810	2,5840	20	0,7691	30
27	I1111	1,8861	29	0,3448	31
28	COL8510	2,0510	6	0,8932	30
29	CSCN6330	2,3407	22	1,0599	9
30	COL9427	2,1052	20	0,7691	26
31	CSCC1656	1,8987	29	0,3448	27
32	VBV3770	1,7633	26	0,6154	8
33	RBH3872	1,9211	26	0,6427	21

\*RGD = Registro Geral Definitivo na Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ)

com 41,43% da variação, seguido por idade ao primeiro parto (IPP) com 18,50% da variação. Pelo método de Singh (1981), considera-se de menor importância as características que expressam menor variabilidade, sendo assim, as características menos importantes foram perímetro escrotal à desmama (PED) com 0,0023%, o índice de qualificação genética (IQG) com 0,0277% e o perímetro escrotal ao sobreano (PS) com 0,0328% da variação total, conforme apresentado no Quadro 2.

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem e informarem sobre o grau de semelhança ou de diferença apresentado entre dois quaisquer genótipos (Cruz e Carneiro, 2003). Como o número elevado de estimativas dificulta o reconhecimento de grupos homogêneos pelo simples exame visual daquelas estimativas foi feito o uso do método de agrupamento de otimização (método de Tocher). O agrupamento dos touros por meio deste método, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média padronizada, permitiu o estabelecimento dos dez grupos apresentados no Quadro 3, onde se constata que os touros 29, 28, 22 e 10 são os mais divergentes em relação aos demais.

Componentes principais também foram obtidos a partir das médias padronizadas dos 33 touros, avaliados em relação às diferenças esperadas em suas progênies em relação aos catorze caracteres apresentados. A partir da estimativa dos autovalores e autovetores, obtidos a partir da matriz de

covariância entre os valores padronizados, verificou-se serem necessários os três primeiros componentes principais para explicar aproximadamente 80% da variação entre os touros. Dos componentes principais que explicaram a maior parte da variância total, o primeiro explicou 30,33%, o segundo respondeu por 24,09% e o terceiro por 16,75% da variância. Neste caso optou-se pela dispersão gráfica tridimensional (Figura 1), na qual são considerados simultaneamente os escores dos três primeiros componentes principais o que, confirma que os genótipos 20 e 26 apresentam a máxima diversidade por situarem-se graficamente mais distante e os mais próximos, genótipos 12 e 15, como as menores diversidades. A dispersão gráfica, resultante dos componentes principais, deverá ser utilizada tanto na identificação de cruzamentos promissores quanto aqueles cuja variabilidade disponível em gerações segregantes deve ser restrita (Cruz e Regazzi, 1994).

A estimativa dos componentes principais permitiu avaliar a importância relativa das características empregadas sobre a diversidade genética. As características de menor importância àqueles caracteres que são relativamente invariantes ou que apresentam redundância, ou seja, estão representados por outros caracteres, ou combinação de caracteres, cuja correlação é elevada (Cruz e Carneiro, 2003).

Após análise dos componentes cujo autovalor, obtido da matriz de correlação, não excedeu a 0,7, foram identificadas, em ordem crescentes, as variáveis de maior coeficiente na última função li-

Quadro 2. Contribuição relativa de caracteres ponderais e reprodutivos para divergência entre 33 reprodutores, com sêmen disponível em Centrais de Inseminação do Brasil, equivalentes a 0,1% do percentil geral do índice de qualificação genética de 26627 touros da raça Nelore relacionados no Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas - Nelore 2004 (Brasil, 2004). (Cálculo feito com médias não padronizadas) - SINGH (1981).

Característica	Variância ( $S_i$ )	Valor de $S_i$ (%)
PM	1286,3342	0,1978
TMM	908,2124	0,1396
PD	3794,33	0,5833
TMD	1504,5654	0,2313
OS	5383,118	0,8276
GND	116537,1632	17,9159
TMGND	41363,4546	6,3590
GPD	269509,2362	41,4332
PED	15,015	0,0023
PES	213,17	0,0328
IPP	120356,9972	18,5032
I2P	71987,6222	11,0671
IOP	17426,7378	2,6791
IQG	180,3896	0,0277

Quadro 3. Grupos de touros da raça Nelore, com sêmen disponível em centrais de inseminação no Brasil, estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana média padronizada.

Grupos	Genótipos													
I	12,	15,	16,	7,	13,	2,	1,	23,	8,	27,	31,	5,	32,	3
II	14,	19,	17,	6,	18									
III	21,	33,	20,	25										
IV	26,	30												
V	4,	24												
VI	9,	11												
VII	29													
VIII	28													
IX	10													
X	22													

Limite intergrupo ( $\theta$ ) 1,0599

near, IQG, TMGND, PD, IPP, TMM, novamente TMM, PED, PM, IOP, PES, novamente IOP, PS, TMD e novamente TMGND, respectivamente, como as de menor importância no estudo realizado ou passíveis de descarte (Quadro 4).

Na técnica dos componentes principais, em que se utilizam funções lineares das variáveis originais para estudos de divergência, Cruz e Regazzi (2001), interpretam como a variável de menor importância relativa para a divergência aquela que apresenta o

maior coeficiente na última função linear, formada com base no fato de que a importância decresce da primeira para a última. Em caso de descarte de variáveis, os autores recomendam que a variável de menor importância seja descartada e que nenhum outro descarte seja realizado com base nesta última função linear, sendo neste caso a variável sugerida para descarte o IQG, mas prosseguindo, se for o caso, com a função de importância relativa imediatamente superior e sua variável de maior coeficiente.

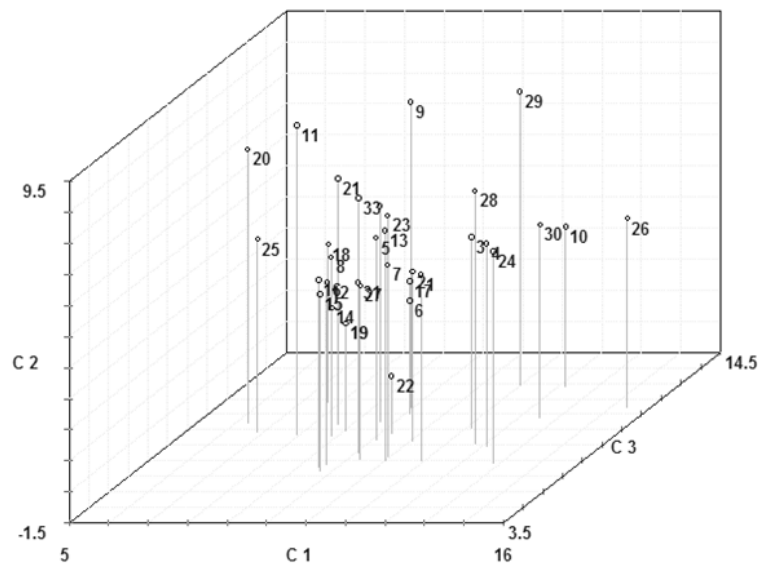


Figura 1. Dispersão gráfica de 33 touros da raça Nelore, em relação aos três primeiros componentes principais, estabelecidos pela combinação linear de catorze características incluídas na avaliação da dissimilaridade.

Quadro 4. Estimativas de autovalores ( $\lambda_j$ ) obtidos da matriz de correlação entre as DEFs estimadas para as seguintes características: Peso aos 120 dias de idade (efeito materno = PM e total materno = TMM); Peso aos 240 dias de idade (efeito direto = PD e total materno = TMD); Peso aos 420 dias de idade (efeito direto = PS); Ganho de peso pré-desmama (efeito direto = GND, e total materno = TMGND); Ganho de peso pós-desmama (efeito direto = GPD); Perímetro escrotal à desmama (efeito direto = PED); Perímetro escrotal ao sobreano (efeito direto = PES); Idade ao primeiro parto (efeito direto = IPP); Intervalo entre primeiro e segundo partos (efeito direto = I2P); Intervalo entre os demais partos (efeito direto = IOP) e o índice de qualificação genética (IQG), avaliados em 33 reprodutores da raça Nelore.

	%	PM	TMM	PD	TMD	PS	GND	TMGND	GPD	PED	PES	IPP	I2P	IOP	IQG
4,25	30,33	0,14	0,41	0,19	0,26	-0,05	0,26	0,42	-0,27	0,34	0,30	-0,24	-0,17	-0,01	0,32
3,37	54,42	0,39	0,14	-0,20	0,42	0,23	-0,24	0,13	0,36	0,15	-0,16	0,31	0,38	0,15	0,21
2,34	71,17	-0,12	-0,05	0,50	-0,11	0,54	0,39	-0,18	0,17	-0,13	0,19	0,25	0,13	-0,05	0,29
1,58	82,48	0,33	-0,02	-0,10	0,03	0,17	-0,10	-0,09	0,19	-0,30	-0,18	-0,33	-0,37	-0,58	0,31
0,93	89,13	-0,15	-0,37	-0,26	0,08	0,24	-0,31	-0,22	0,10	0,30	0,54	-0,21	-0,21	0,21	0,20
0,60	93,40	0,28	0,04	0,02	-0,11	0,06	0,12	-0,04	0,00	-0,34	-0,20	-0,17	-0,31	0,77	0,15
0,30	95,52	0,62	-0,08	0,20	-0,21	-0,19	-0,26	-0,21	-0,36	-0,13	0,39	0,21	0,16	-0,06	0,02
0,20	96,98	0,22	0,21	0,18	-0,46	-0,04	-0,01	-0,24	0,34	0,64	-0,19	-0,01	-0,19	0,01	-0,10
0,19	98,32	0,00	-0,51	0,38	0,24	0,03	-0,15	0,00	-0,37	0,29	-0,49	0,07	-0,12	0,01	0,18
0,11	99,09	0,28	-0,59	0,01	-0,06	-0,29	0,40	0,38	0,38	0,04	0,12	-0,10	0,10	-0,02	-0,07
0,06	99,53	0,02	-0,02	0,01	-0,23	0,20	-0,04	-0,02	-0,15	0,06	-0,14	-0,66	0,64	0,04	0,06
0,04	99,82	0,21	-0,09	-0,58	-0,11	0,31	0,48	-0,12	-0,40	0,19	-0,10	0,19	-0,03	-0,08	-0,05
0,03	100,00	0,02	0,05	0,02	0,48	-0,38	0,34	-0,67	0,08	0,03	-0,01	-0,17	0,13	0,01	0,05
0,00	100,00	-0,24	0,00	-0,23	-0,34	-0,40	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,09	0,20	0,13	0,00	0,74

## Conclusões

Os genótipos estudados apresentaram divergência genética, assim a utilização de cruzamentos envolvendo suas progênes podem produzir ganhos significativos em função da heterose e o

direcionamento de tais cruzamentos pode ser importante para preservar a variabilidade genética da população.

## Agradecimentos

Ao Prof. Dr. Cosme Damiano Cruz, da Universidade Federal de Viçosa, pelo Aplicativo Computacional

em Genética e Estatística, um presente de imenso valor.

## Literatura Citada

**Brasil. Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento. 2004. Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas: Nelore, edição 2004/MAPA. Embrapa Gado de Corte/ABCZ, cd room - (Documentos/Embrapa Gado de Corte, ISSN 85-297-0176-3). [http://www.cnpqg.embrapa.br/~locs/sumario/sumzebu/nel\\_index.htm](http://www.cnpqg.embrapa.br/~locs/sumario/sumzebu/nel_index.htm)**

Cruz, C. D., e A. J. Regazzi. 1994. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, Impr. Univ., 390 p.

Cruz, C. D. 2001. Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 648p.

Cruz, C. D. e P. C. S. Carneiro. 2003. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Vol. 2. Viçosa: UFV, 585 p.

Cruz, C. D. 2005. Princípios de Genética Quantitativa. Viçosa: UFV, 394p.

Singh, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding, 41:237-245.