



**MONITORAMENTO DA VARIABILIDADE GENÉTICA UTILIZANDO MÉTRICAS
BASEADAS EM PEDIGREE EM REBANHO DE BOVINOS NELORE
MONITORING GENETIC VARIABILITY USING PEDIGREE-BASED METRICS IN A
NELLORE CATTLE HERD**

Carolina Veiga Habel¹

Isabel Athayde Oliveira²

Maria Coeli Gomes Reis Lage³

Miguel Alonso de Gouvêa Valle⁴

Renilson Juvencio Freire Versiani⁵

Dayana Silva Araújo⁶

Rafael Monteiro dos Santos⁷

INTRODUÇÃO: A variabilidade genética é um dos pilares dos programas de melhoramento genético animal, por representar a base da resposta à seleção e da capacidade adaptativa dos rebanhos frente a desafios. Em teoria, uma população encontra-se em equilíbrio de Hardy–Weinberg na ausência de seleção, mutação, migração e deriva genética; porém, em rebanhos sob seleção, a seleção direcional, o uso recorrente de reprodutores e matrizes geneticamente relacionados e a redução do tamanho efetivo da população são fatores que tendem a elevar os coeficientes de parentesco (r_{xy}) e de endogamia (F) ao longo do tempo, intensificando a perda da variabilidade genética (Falconer; Mackay, 1996). Evidências indicam que os níveis de variabilidade genética são reflexos das decisões de seleção e acasalamento adotadas. Dos Santos et al. (2025a) relataram coeficiente de variação de 76,30% para F entre 128 rebanhos núcleo de seleção, evidenciando

¹Discente do Curso de Graduação em Medicina Veterinária da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Campus Lourdes.

²Discente do Curso de Graduação em Medicina Veterinária da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Campus Lourdes.

³Docente do Curso de Graduação em Medicina Veterinária da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais.

⁴Docente do Curso de Graduação em Medicina Veterinária da Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais; Proprietário da fazenda Norte Genes

⁵Proprietário da fazenda Norte Genes

⁶Discente do Curso de Pós-graduação em Ciência Animal no Departamento de Reprodução Animal da Universidade Federal de Minas Gerais.

⁷Discente do Curso de Pós-graduação em Zootecnia no Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Minas Gerais

heterogeneidade nos níveis de F . Assim, o monitoramento de indicadores de variabilidade genética baseados em pedigree, como r_{xy} e F , é fundamental em programas de melhoramento (Dos Santos et al., 2025b). Porém, a confiabilidade dessas estimativas depende da completude e da profundidade genealógica do pedigree, pois tais métricas se baseiam em probabilidades de identidade por descendência (Falconer; Mackay, 1996). A profundidade pode ser avaliada, entre outros indicadores, pelo coeficiente de geração (CG), que quantifica o número médio de gerações completas conhecidas na genealogia de cada indivíduo (Abreu et al., 2018). Portanto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética (r_{xy} , F) e a profundidade do pedigree (CG) de um rebanho e avaliar a dinâmica desses indicadores ao longo do tempo. **MATERIAL E MÉTODOS:** Os dados utilizados neste estudo foram disponibilizados pelos proprietários da fazenda mediante assinatura de Termo de Cessão de Dados. O banco de dados consistiu no pedigree de 3.048 bovinos da raça Nelore, nascidos entre 2006 e 2025 na Fazenda Norte Genes, localizada em Bocaiúva, Minas Gerais, Brasil (17.1470° S, 43.9745° W). A caracterização do pedigree encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1: Estrutura genealógica do pedigree dos animais do rebanho bovino Nelore, nascidos entre 2006 e 2025, pertencentes a Fazenda Norte Genes

Indicador	N
Total de animais	3.048
Pais distintos	593
Mães distintas	1.488
Avôs paternos distintos	277
Avós paternas distintas	432
Avôs maternos distintos	386
Avós maternas distintas	811
Animais sem pai conhecido	599
Animais sem mãe conhecida	598
Animais sem pai e mãe conhecidos	598
Média de progênies por pai	5,75
Média de progênies por mãe	2,29

Foram estimados os seguintes indicadores: r_{xy} , F e CG. A matriz de parentesco entre os indivíduos (matriz A) foi construída empregando o software R (R Core Team, 2025) utilizando o pacote AGHmatrix (Amadeu et al., 2023). Os coeficientes de parentesco foram avaliados considerando-se diferentes estratos populacionais: o conjunto total de animais do pedigree (r_{xy} PED), indivíduos utilizados como pais (r_{xy} TOURO) e indivíduos utilizados como mães (r_{xy} MATRIZ). Para o cálculo do

F do rebanho utilizou-se os elementos da diagonal da matriz A. O coeficiente de geração foi avaliado por meio de uma rotina computacional desenvolvida em ambiente R (R Core Team, 2025), seguindo a metodologia proposta por Abreu *et al.* (2018). Modelos de regressão linear simples foram ajustados para cada indicador, utilizando o ano de nascimento como variável independente, a fim de avaliar a tendência temporal dos indicadores ao longo dos anos usando o software R (R Core Team, 2025).

RESULTADOS e DISCUSSÃO: O pedigree apresentou 593 pais e 1.488 mães distintos. O número médio de progênes por pai (5,75) foi superior ao observado para cada mãe (2,29), refletindo maior produção de bezerros por touro. Quanto maior o número de descendentes por reprodutor, maior a probabilidade de identificar e utilizar progênes de maior mérito genético (Vierhout; Cassel; Pearson, 1988). Porém, essa estratégia quando não acompanhada por práticas de monitoramento da variabilidade genética, pode estar associada ao aumento do grau de parentesco médio (Falconer; Mackay, 1996). 19,6% dos animais apresentaram pai e mãe desconhecidos, o que reflete a presença de indivíduos fundadores no pedigree, ou seja, indivíduos da população base que possuem informações de parentesco desconhecidas. Wolak e Reid (2017) demonstraram que o pedigree incompleto pode subestimar r_{xy} e F, portanto, suas estimativas devem ser interpretadas com cautela. A análise temporal dos indicadores de variabilidade genética e da profundidade do pedigree encontra-se na Figura 1, enquanto os resultados das regressões lineares simples são apresentados na Tabela 2.

Figura 1: Evolução média anual dos indicadores de variabilidade e da profundidade do pedigree dos animais do rebanho da fazenda Norte Genes

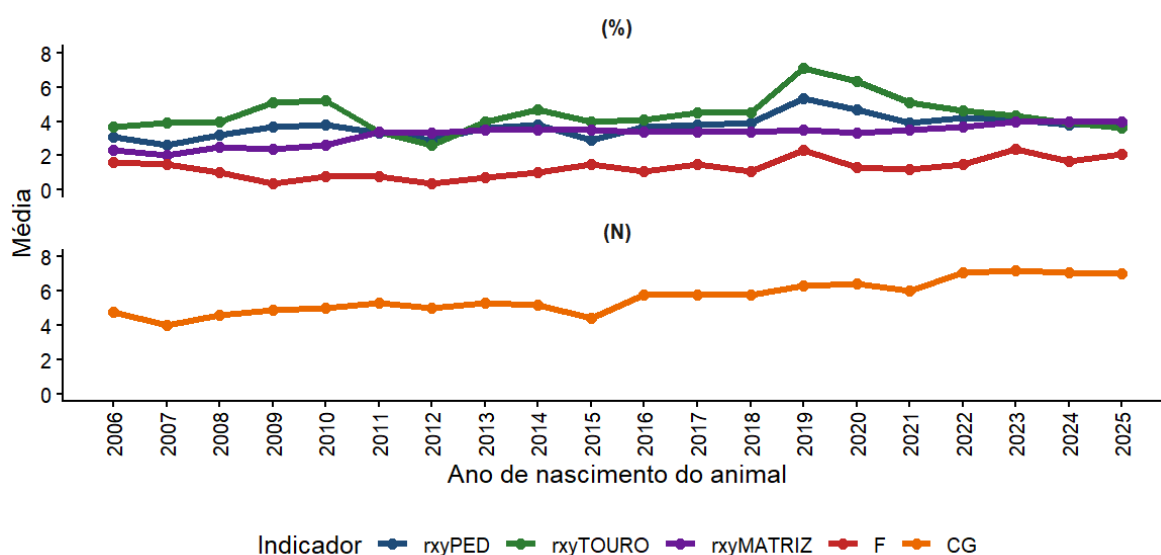


Tabela 2: Regressão linear simples dos indicadores de variabilidade e da profundidade do pedigree em função do ano de nascimento dos animais da fazenda Norte Genes

Indicadores	Intercepto (β_0)	Ano (β_1)	p-valor	R ²
r_{xy} PED	-117,80	$0,06 \pm 0,00$	<0,001	0,06
r_{xy} TOURO	-144,30	$0,07 \pm 0,00$	<0,001	0,09
r_{xy} MATRIZ	-73,27	$0,04 \pm 0,01$	<0,001	0,02
F	-105,60	$0,05 \pm 0,01$	<0,001	0,03
CG	-314,30	$0,16 \pm 0,01$	<0,001	0,25

Observaram-se mudanças nos indicadores de variabilidade e profundidade do pedigree ao longo do período analisado. O valor médio de r_{xy} PED foi de 3,74%, variando de 2,61% em 2006 a 5,33% em 2020. Para r_{xy} TOURO, observou-se média de 4,41%, com mínimo de 2,62% registrado em 2013 e máximo de 7,12% em 2020. Já r_{xy} MATRIZ apresentou média de 3,26%, sendo o menor valor observado em 2006 (2,03%) e o maior em 2025 (4,04%). Os valores médios de r_{xy} são inferiores ao coeficiente esperado para meios primos (6,25%), indicando que o compartilhamento ancestral na população ocorre predominantemente em graus mais distantes de parentesco. Ressalta-se que, para todos os r_{xy} estimados, β_1 foi estatisticamente significativo e positivo ($P < 0,001$), demonstrando o incremento de r_{xy} do rebanho, mesmo que de forma reduzida ($\beta_1 \leq 0,07$). Deve-se considerar que o valor de F de um indivíduo está associado ao grau de parentesco entre seus pais. Assim, o incremento do r_{xy} entre os pais constitui fator determinante para a elevação dos níveis de F em gerações subsequentes (Falconer; Mackay, 1996). Isso justifica o aumento de F no rebanho (0,05; $P < 0,001$), sendo observado valor médio de 1,29% no período avaliado, valor mínimo de 0,23% em 2013 e valor máximo de 2,18% em 2023. O incremento nos coeficientes de r_{xy} e F indica alterações na estrutura genética populacional ao longo do tempo, como observado por Santana Jr. *et al.* (2016). Segundo os autores, a seleção intensiva associada ao uso de poucas linhagens paternas e à ausência de estratégias de acasalamento podem favorecer gargalos no pedigree, subdivisão populacional e redução do tamanho efetivo populacional. Esses fatores contribuem para o aumento do F médio e para a perda gradual da diversidade genética, podendo ocasionar depressão endogâmica (Doekes *et al.*, 2021). Houve aumento do CG ao longo do período analisado (0,16; $P < 0,001$). O crescimento do CG indica maior número médio de gerações conhecidas e maior confiabilidade das estimativas baseadas em pedigree, ainda que possam estar associadas à incorporação ao banco de dados de animais fundadores ou à presença de registros incompletos (Pimentel *et al.*, 2024). Assim, aumentar o CG aprimora a conectividade do pedigree para avaliação da estrutura de uma população, pois condiciona maior precisão das estimativas de r_{xy} e F e, consequentemente, a efetividade do monitoramento e gestão da variabilidade. **CONSIDERAÇÕES FINAIS:** A estrutura genética do rebanho apresentou alterações ao longo do período analisado, refletidas no aumento dos coeficientes

de parentesco e endogamia. Isto indica que a variabilidade genética é influenciada por decisões de seleção e acasalamento. Assim, o monitoramento da variabilidade genética com base em informações de pedigree deve considerar a profundidade da genealogia, a fim de garantir estimativas mais confiáveis dos indicadores.

Palavras-chave: variabilidade genética; pedigree; endogamia; parentesco; geração

Keywords: genetic variability; pedigree; inbreeding; relationship; generation

REFERÊNCIAS

- ABREU, Luiza Rodrigues Alves *et al.* **Genetic trends and trade-offs between growth and reproductive traits in a Nellore herd.** PLOS ONE, v. 13, n. 8, 2018.
- AMADEU, Rodrigo R. *et al.* **AGHmatrix: genetic relationship matrices in R.** Bioinformatics, v. 39, n. 7, p. 1–4, 2023.
- DOEKES, Harmen P. *et al.* **How Depressing Is Inbreeding? A Meta-Analysis of 30 Years of Research on the Effects of Inbreeding in Livestock.** Genes, v. 12, n. 6, p. 926, 2021.
- DOS SANTOS, Rafael Monteiro *et al.* **Multivariate analysis of herd structure and genetic resource indicators in seedstock beef cattle herds.** Journal of Animal Breeding and Genetics, v. 142, n. 2, p. 131–144, mar. 2025a.
- DOS SANTOS, Rafael Monteiro *et al.* **Long-term assessment of genetic variability and selection efficiency in a Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) breeding program.** Aquaculture, v. 613, p. 743365, out./nov. 2025b.
- FALCONER, Douglas Scott; MACKAY, Trudy Frances Charlotte. **Introduction to quantitative genetics.** 4. ed. Harlow: Longman Group Ltd., 1996. p. 1–448.
- PIMENTEL, Emílio Carlos Gomes *et al.* **How pedigree errors affect genetic evaluations and validation statistics.** Journal of Dairy Science, v. 107, n. 6, p. 3716–3723, 2024.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing.** Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025.
- SANTANA JÚNIOR, Maurício Luiz *et al.* **Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis.** Livestock Science, v. 187, p. 6–15, 2016.
- VIERHOUT, Crystal.; CASSELL, Bennet; PEARSON, Ronald. **Influences of Progeny Test Programs on Genetic Evaluations of Young Sires.** Journal of Dairy Science, v. 81, n. 9, p. 2524–2532, 1988.
- WOLAK, Matthew Ernest; REID, Jane Margaret. **Accounting for genetic differences among unknown parents in microevolutionary studies: how to include genetic groups in quantitative genetic animal models.** Journal of Animal Ecology, v. 86, n. 1, p. 7–20, 2017.