

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE TOUROS DA RAÇA GIR

NOELY FRANCISCA MATOS MUNIZ¹, PAULO BAHIENSE FERRAZ FILHO², LUIZ OTÁVIO CAMPOS DA SILVA³, ALINE BARBOSA DA SILVEIRA BELLO¹, JÚLIO CÉSAR DE SOUZA^{2,4}

¹Mestre em Ciência Animal pela Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS – Brasil
noeylemuniz@hotmail.com

²Professores Doutores da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS - Brasil

³Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS – Brasil

⁴Curso de Medicina Veterinária, Campus de Paranaíba, UFMS-CPAR, Paranaíba-MS, Brasil.

RESUMO

Estudou-se a divergência genética entre 73 reprodutores da raça Gir, por meio de medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamento e análises gráficas por componentes principais, com base nas diferenças esperadas em suas progênes relativas a caracteres ponderais e reprodutivos. As distâncias Euclidianas médias padronizadas obtidas foram 4,3743 entre os mais dissimilares e 0,1135 para os mais similares. Quatro grupos de reprodutores com a mesma similaridade foram obtidos por métodos de agrupamento por otimização. Os três primeiros componentes principais explicaram 82,01%

da variância total, o primeiro explicou 37,09%, o segundo respondeu por 26,58% e o terceiro por 18,34% da variância. Os escores dos componentes principais possibilitaram a avaliação visual da divergência genética, por meio de gráficos de dispersão. Os resultados encontrados permitiram identificar entre os animais avaliados, os mais divergentes, recomendando que suas progênes possam ser utilizadas como genitores de acasalamentos em programas de melhoramento que visem obter bezerras com melhor desempenho que os pais.

PALAVRAS-CHAVE: bovinos, diferenças esperadas nas progênes, distância genética, similaridade

GENETIC DIVERGENCE AMONG GYR BULLS

ABSTRACT

We studied the genetic divergence among 73 Gyr bulls, through dissimilarity measures, grouping methods and graphic analysis by main components based on the differences expected in its progenies related to productive and reproductive characteristics. The mean Euclidian standardized distances obtained were 4.3743 among the most dissimilar ones and 0.1135 for the most similar ones. Four groups of reproducers with the same similarity were obtained through grouping methods by optimization. The three main components explained 82.01% of the total

variance; the first one explained 37.09%, the second one responded by 26.58% and the third one by 18.34% of variance. Scores of the main components enabled the visual evaluation of genetic divergence, through dispersion graphics. The results allowed the identification, among the evaluated animals, of the most divergent ones, recommending that their progenies can be used as mating genitors in improvement programs which aim at producing calves with better performance than their parents.

KEYWORDS: bovines, difference expected in progeny, genetic distance, similarity.

INTRODUÇÃO

A divergência genética tem se tornado uma técnica importante disponível aos melhoristas que

desejam promover aumento da eficiência de produção, pois seus estudos visam à identificação de genitores adequados para a formação de populações com variabilidade genética. Como a dissimilaridade entre progenitores pode ser útil para a predição de acasalamentos que otimizem a heterose¹, deve-se preferir aqueles que ocorrem entre indivíduos cujas progênes apresentem altas médias e ampla diversidade para as características de interesse, uma vez que a distância genética entre os genitores é indicativo de expressão heterótica nas progênes. Estudos que envolvem discordâncias genéticas permitem identificar reprodutores que induziriam altos índices de coeficiente de endogamia, tornando possível maior controle endogâmico do rebanho^{2, 3}.

A diversidade genética pode ser definida como a quantidade total de variações genéticas observadas tanto entre as populações de uma espécie, como entre os indivíduos de uma população, podendo ser inferida por métodos preditos de distância genética tomando por base numa série de características que podem ser morfológicas, agrônomicas, fisiológicas, bioquímicas, polimorfismo de DNA entre outras com as quais o pesquisador deseje trabalhar. Por outro lado, quase toda variação fenotípica é o reflexo de alguma variação genotípica, com exceção de casos em que características são influenciadas pelo ambiente. Portanto, quase todos os estudos feitos com diversidade morfológica são também genéticos, já que se assume que os caracteres são expressos a partir dos variantes genotípicos.

Nos programas de melhoramento genético animal, o estudo da distância genética entre progenitores tem se constituído em uma importante ferramenta^{4, 5}, pois, a partir desses estudos, podem ser identificados os indivíduos similares e os dissimilares¹, o que torna possível um controle endogâmico e o direcionamento de acasalamentos com combinações híbridas com maior efeito heterótico, aumentando a possibilidade de obter genótipos superiores nas gerações segregantes⁶.

Os procedimentos mais utilizados para se avaliar a divergência genética são as técnicas analíticas multivariadas, que se referem aos métodos estatísticos que analisam simultaneamente múltiplas medidas sobre cada indivíduo ou unidade experimental. Essas técnicas têm como objetivo agrupar indivíduos semelhantes segundo algumas características. Assim, cada

grupo de variáveis representa um único componente, que é responsável pelas correlações observadas. Entre as técnicas utilizadas merecem destaque: as análises por componentes principais e os métodos de agrupamento, cujas aplicações dependem da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada por distância Euclidiana.

As estimativas dessas distâncias quantificam e identificam o grau de semelhança ou de diferença entre dois genótipos quaisquer. Entretanto, segundo esses autores, o número elevado de estimativas pode tornar impraticável o reconhecimento de tais genótipos pelo exame visual, o que leva à recomendação do uso de métodos de otimização e ou de projeções de distâncias em gráficos de dispersão.

Dentre os métodos mais utilizados de otimização, tem-se o de agrupamento de Tocher, que envolve basicamente duas etapas: a primeira relaciona-se com a estimação de uma medida de dissimilaridade entre os indivíduos a serem agrupados e a segunda, a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação de grupos.

A análise de agrupamento pode ser complementada com análise de componentes principais cujo objetivo é condensar as informações contidas num conjunto de variáveis em outros com menos variáveis e com um mínimo de perda de informação. Essas novas variáveis, denominadas Componentes Principais, são caracterizadas pelos seus autovalores e seus respectivos autovetores da matriz de variância e covariância ou da matriz de correlação.

A técnica de componentes principais é um método que tem por finalidade básica a análise dos dados utilizados visando a sua redução, ou seja, a eliminação de sobreposições e a escolha das formas mais representativas de dados a partir de combinações lineares das variáveis originais⁷. Esse método consiste em transformar um conjunto original de variáveis em variáveis padronizadas e não correlacionadas, com base nas distâncias de similaridades, e leva em consideração a matriz de covariâncias fenotípicas das características avaliadas. Esse novo conjunto de variáveis, em ordem de estimação, retém o máximo de informação em termos de variação total. A estimativa dos componentes principais permite avaliar a importância relativa das características empregadas sobre a diversidade genética. As variáveis observadas são representadas por funções lineares de um número menor de variáveis

cuja forma matemática permite gerar as covariâncias ou correlações entre as respostas.

O propósito deste trabalho foi estimar medidas de dissimilaridade entre um grupo de reprodutores bovinos da raça Gir, baseadas nas diferenças esperadas em suas progênes para caracteres ponderais e reprodutivos, destinadas à análise de agrupamento para se estabelecerem grupos de reprodutores com o mesmo padrão de similaridade e estimar coeficientes de ponderação de componentes principais, a fim de se obterem gráficos de dispersão, que possibilitem a avaliação da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os animais estudados.

MATERIAL E MÉTODOS

Para o estudo da divergência genética foram utilizadas as informações referentes às diferenças esperadas nas progênes, para características produtivas e reprodutivas, dos 73 touros que constam no Sumário Nacional de Touros das Raças Zebuínas – Gir 2006, com sêmen disponível em centrais de inseminação do Brasil.

Doze caracteres referentes às diferenças esperadas nas progênes (DEPs) desses touros foram utilizados para verificar a divergência genética. As variáveis analisadas foram as DEPs estimadas para o 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), expresso em g/dia; 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, e o perímetro escrotal ao sobreano (efeito direto = PES), expresso em cm.

Como o desenvolvimento ponderal dos animais em diferentes idades e os caracteres reprodutivos tratam de características quantitativas, a distância euclidiana (d_{ii}) foi utilizada para expressar a diversidade genética.

Sendo X_{ij} a observação do i -ésimo reprodutor ($i = 1, 2, \dots, 73$), em referência ao j -ésimo caráter ($j = 1, 2, \dots, 12$) estudado, a

distância euclidiana entre dois reprodutores (i e i') foi obtida por meio da expressão:

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (X_{ij} - X_{i'j})^2}$$

O efeito da escala sobre as estimativas das Distâncias Euclidianas foi eliminado por meio da padronização, considerando-se os desvios-padrão dos valores obtidos para as variáveis em estudo, que foram padronizadas para x_{ij} , por meio de

$$x_{ij} = \frac{X_{ij}}{S(X_j)}$$

em que $S(X_j)$ é o desvio-padrão dos dados do j -ésimo caráter, então a distância euclidiana média baseada em dados padronizados com v caracteres analisados foi obtida por:

$$d_{ii'} = \sqrt{\frac{1}{v} \sum_j (x_{ij} - x_{i'j})^2}$$

onde v é o número de características estudadas.

Para a formação de grupos similares e dissimilares foi utilizado um método de otimização, como o Método de Tocher, no qual se adota o critério de que a média das medidas de dissimilaridade, obtidas a partir das distâncias Euclidianas médias, dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. A decisão de incluir um touro em um grupo foi tomada após as comparações entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o valor máximo da distância encontrada no conjunto de menores distâncias envolvendo cada touro.

Os coeficientes de ponderação dos componentes principais foram estimados, sendo elaborados gráficos de dispersão, que possibilitaram a avaliação da divergência genética e do padrão de dissimilaridades entre os animais estudados. Além disso, tais coeficientes orientaram a importância relativa dos caracteres avaliados na divergência dos reprodutores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas das distâncias Euclidianas médias possibilitam evidenciar o grau de similaridade e dissimilaridade entre os genitores avaliados. As distâncias Euclidianas médias padronizadas, referentes a este estudo, demonstram que a maior dissimilaridade ocorreu entre os touros 10 e 68 (distância Euclidiana média de 4,3743) e a maior similaridade entre os touros

11 e 12 (com valor estimado de 0,1135 de distância média). Na literatura, existem relatos sobre medidas de dissimilaridade encontradas em bovinos de corte como os de Belo et al.³ e Ferraz Filho et al.¹, mas extrapolações de estudos dessa natureza não são válidas, uma vez que valores das medidas de dissimilaridade são específicos para o estudo em questão e não podem ser comparados a amostras e populações que não foram envolvidas nas análises.

Embora as medidas de dissimilaridade sejam de grande importância em estudos de divergência genética em que se procura identificar progenitores a serem utilizados em programas de obtenção de bezerros mais vigorosos que os pais, a recomendação de acasalamentos entre as progênes dos touros mais divergentes só deverá ser feita após uma análise criteriosa de seus desempenhos

em relação a cada um dos caracteres avaliados¹.

O método de agrupamento de Tocher possibilitou a divisão dos 73 touros em quatro grupos homogêneos que facilitam a visualização de divergência entre os animais (Tabela 1). Esse método leva ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre os grupos. Além, disso, é uma técnica de otimização que agrupa os indivíduos mantendo o critério de que as distâncias intragrupos sejam sempre menores do que as intergrupos. Dessa forma, a formação desses grupos representa valiosa informação na escolha de genitores dentro dos programas de melhoramento, pois as novas populações a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas distâncias e no potencial por si só dos genitores.

Tabela 1. Grupos de touros da raça Gir, relacionados no Sumário Nacional de Touros 2006, estabelecidos pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância Euclidiana Média Padronizada

| Grupos | Touros |
|--------|---|
| I | 11, 12, 44, 8, 64, 15, 9, 66, 34, 30, 3, 6, 13, 20, 53, 18, 45, 71, 56, 32, 36, 49, 2, 7, 38, 61, 28, 26, 33, 51, 1, 59, 31, 48, 46, 14, 58, 21, 27, 62, 37, 16, 57, 67, 4, 35, 22, 54, 24, 52, 19, 25, 40, 55, 69, 39, 17, 73, 72, 5, 42, 65, 50, 29, 43, 63, 60, 68, 47, 70 |
| II | 23 |
| III | 41 |
| IV | 10 |

Limite intergrupo* = 2,1354

* Maior distância entre os mínimos, limite de acréscimo, na média da distância intragrupo, para a formação ou inclusão de um novo elemento no grupo.

A análise de agrupamento indicou uma forte homogeneidade dentro do grupo I que agrega aproximadamente 96% dos touros avaliados, apresentando uma distância de similaridade intragrupo média de 1,1878, evidenciando um grau estreito de relação entre eles. Recomenda-se que seja realizado acasalamento controlado entre as progênes de grupos distintos, para que ocorra uma produtividade maior dos bezerros em relação às médias dos pais. Nos casos de programas de melhoramento com o intuito de recuperar as características do genitor recorrente, recomenda-se empregar progênes ou grupos de progênes mais similares.

O auxílio do agrupamento de Tocher na discriminação dos touros mais divergentes fornece subsídios para a realização de inferências mais

seguras a respeito da distância entre os genótipos avaliados. Dessa forma, é possível inferir que os touros 23, 41 e 10 são os mais divergentes em relação aos demais.

Visando complementar o estudo de divergência genética, componentes principais também foram extraídos com o objetivo de se obter um pequeno número de combinações lineares (componentes principais) do conjunto de variáveis, que retenham o máximo possível da informação contida nas doze variáveis originais. Essa análise pode complementar a análise de agrupamento, pois explica a estrutura de variância e covariância das variáveis originais, construindo, mediante processo matemático, um conjunto menor de combinações lineares que preserva a maior parte da informação fornecida por aquelas variáveis.

Após o processamento das estimativas dos autovalores e autovetores, obtidos a partir da matriz de correlação entre os dados originais, verificou-se que os três primeiros componentes principais explicaram 82% da variância entre os touros (Tabela 2).

Dos componentes principais que explicaram a maior parte da variância total, o primeiro explicou 37,09%, o segundo respondeu por 26,58% e o terceiro por 18,34% 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 10 e 68 apresentam a máxima diversidade, por situarem-se graficamente mais distantes, e que os touros 23 e 41 continuam em grupos distintos. A alta proximidade entre os touros que formam o grupo I dificultou a visualização dos touros mais similares, confirmando a eficiência do método de componentes principais, em que os três primeiros componentes foram suficientes para representar a formação dos grupos.

Tabela 2. Estimativas das variâncias (autovalor λ_j), percentual das variâncias ($\lambda_j\%$) e variância acumulada dos componentes principais, obtidos da matriz de correlação entre as DEPs estimadas

| Componentes Principais | λ_j | $\lambda_j\%$ | $\lambda_j\%$ acumulada |
|------------------------|-------------|---------------|-------------------------|
| 1 ^a | 4,45 | 37,09 | 37,09 |
| 2 ^a | 3,19 | 26,58 | 63,67 |
| 3 ^a | 2,20 | 18,34 | 82,02 |
| 4 ^a | 0,67 | 5,58 | 87,60 |
| 5 ^a | 0,57 | 4,74 | 92,34 |
| 6 ^a | 0,41 | 3,45 | 95,79 |
| 7 ^a | 0,23 | 1,89 | 97,68 |
| 8 ^a | 0,14 | 1,13 | 98,81 |
| 9 ^a | 0,09 | 0,76 | 99,57 |
| 10 ^a | 0,04 | 0,33 | 99,90 |
| 11 ^a | 0,01 | 0,10 | 99,99 |
| 12 ^a | 0,00 | 0,00 | 100,0 |

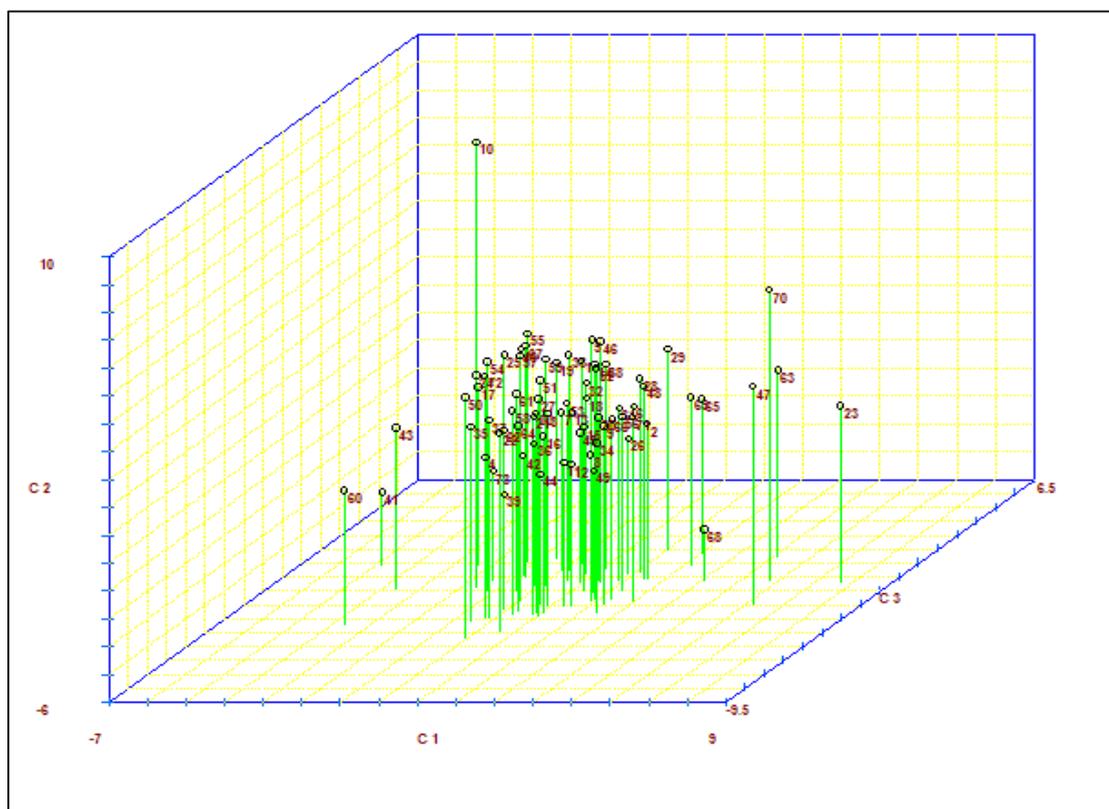


Figura 1 - Relações entre os três primeiros componentes principais para uma avaliação da diversidade

genética entre os touros.

A dispersão gráfica resultante dos componentes principais deve ser utilizada tanto na identificação de acasalamentos promissores quanto daqueles cuja variabilidade disponível em gerações segregantes deve ser restringida.

A Tabela 3 permite avaliar a importância relativa das 12 características sobre a diversidade dos touros. Após análise dos nove últimos autovetores, ou seja, do último até aquele em que o valor do

autovetor obtido da matriz de correlação é inferior a 0,7. Segundo recomendações de Jolliffe^{8, 9}, foram identificadas em ordem crescente as variáveis de maior coeficiente na última função linear como sendo as de menor importância no estudo realizado ou passíveis de descarte, sendo identificadas, na ordem sugerida, as variáveis PS, PES, GND, PM, IPP, GPD, TMG, IOP e, novamente, IOP.

Tabela 3. Estimativas de autovetores obtidas da matriz de correlação entre as variáveis, avaliados em reprodutores da raça Gir

| CP | Variável Original | | | | | | | | | | | |
|-----------------|-------------------|-------|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| | PM | TMM | PD | TMD | PS | GND | TMG | GGP | | | | |
| | | | | | | | | D | IPP | II2P | IOP | |
| 1 ^a | 0,26 | 0,32 | 0,28 | 0,42 | 0,43 | 0,30 | 0,33 | 0,42 | -0,09 | -0,12 | -0,09 | 0,04 |
| 2 ^a | 0,43 | -0,25 | 0,42 | -0,18 | 0,18 | 0,36 | -0,22 | -0,04 | -0,15 | -0,06 | -0,10 | 0,53 |
| 3 ^a | 0,06 | -0,10 | 0,12 | 0,04 | 0,11 | 0,13 | 0,16 | 0,04 | 0,59 | 0,58 | 0,47 | 0,08 |
| 4 ^a | 0,05 | -0,36 | 0,00 | 0,09 | 0,06 | 0,14 | 0,44 | -0,32 | -0,27 | -0,37 | 0,55 | -0,15 |
| 5 ^a | 0,25 | -0,51 | 0,09 | 0,19 | 0,05 | 0,06 | 0,38 | -0,01 | 0,10 | 0,19 | -0,61 | -0,26 |
| 6 ^a | 0,15 | -0,38 | 0,08 | 0,43 | 0,24 | -0,42 | -0,45 | 0,38 | -0,07 | -0,06 | 0,22 | -0,10 |
| 7 ^a | 0,05 | -0,24 | 0,30 | -0,19 | -0,32 | 0,41 | -0,04 | 0,58 | 0,27 | -0,36 | 0,07 | 0,00 |
| 8 ^a | 0,18 | 0,08 | 0,28 | 0,02 | -0,19 | 0,19 | 0,07 | 0,28 | -0,64 | 0,53 | 0,15 | 0,02 |
| 9 ^a | 0,78 | 0,44 | 0,07 | 0,03 | -0,02 | -0,16 | 0,21 | 0,12 | 0,17 | -0,23 | 0,07 | -0,11 |
| 10 ^a | 0,10 | -0,15 | 0,31 | -0,47 | -0,05 | -0,54 | 0,43 | 0,37 | -0,11 | 0,01 | 0,01 | 0,16 |
| 11 ^a | 0,05 | -0,03 | 0,42 | 0,36 | -0,11 | -0,21 | 0,22 | -0,09 | 0,08 | -0,08 | -0,04 | 0,75 |
| 12 ^a | 0,00 | 0,00 | 0,52 | -0,42 | 0,75 | -0,00 | -0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,02 |

CP = Componente Principal, PM = Peso aos 120 dias de idade; TMM = Peso aos 120 dias de idade (total materno) PD= Peso aos 240 dias de idade; TMD = Peso aos 240 dias de idade; PS= Peso aos 420 dias de idade; GND= Ganho de peso pré-desmama; TMG= Ganho de peso pré-desmama; GPD = Ganho de peso pós-desmama; IPP = Idade ao primeiro parto; I2P = Intervalo entre primeiro e segundo partos; IOP = Intervalo entre os demais partos; PES = Perímetro escrotal ao sobreano.

Na técnica dos componentes principais, em que se utilizam funções lineares das variáveis originais para estudos de divergência, interpreta-se 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,

nesse caso, a variável sugerida para descarte o PS, mas prosseguindo, se for o caso, com a função de importância relativa imediatamente superior e sua variável de maior coeficiente. Características menos importantes são aquelas correlacionadas com outras consideradas no estudo, sendo assim, o descarte de PS é minimizado pelas presenças de PD, TMD, e GND, cujas correlações com PS são elevadas e com os respectivos valores: 0,84; 0,76; e 0,74, como apresentado na matriz de correlação entre as variáveis (Figura 2).

$$R = \begin{bmatrix} PM & TMM & PD & TMD & PS & GND & TMGD & GPD & IPP & I2P & IOP & PES \\ 1,00 & 0,79 & -0,26 & 0,66 & 0,20 & -0,17 & 0,61 & 0,50 & 0,03 & -0,14 & 0,01 & -0,65 \\ & 1,00 & 0,07 & 0,60 & 0,39 & 0,09 & 0,47 & 0,60 & -0,10 & -0,19 & -0,15 & -0,27 \\ & & 1,00 & 0,28 & 0,84 & 0,85 & 0,13 & 0,44 & -0,15 & -0,08 & -0,09 & 0,80 \\ & & & 1,00 & 0,76 & 0,28 & 0,73 & 0,81 & -0,05 & -0,12 & -0,06 & -0,30 \\ & & & & 1,00 & 0,74 & 0,51 & 0,76 & -0,13 & -0,13 & -0,10 & 0,38 \\ & & & & & 1,00 & 0,34 & 0,48 & -0,12 & -0,10 & -0,09 & 0,68 \\ & & & & & & 1,00 & 0,47 & 0,13 & 0,03 & 0,10 & -0,38 \\ & & & & & & & 1,00 & -0,03 & -0,11 & -0,18 & 0,04 \\ & & & & & & & & 1,00 & 0,84 & 0,54 & -0,15 \\ & & & & & & & & & 1,00 & 0,47 & -0,01 \\ & & & & & & & & & & 1,00 & -0,07 \\ & & & & & & & & & & & 1,00 \\ & & & & & & & & & & & & PES \end{bmatrix}$$

Figura 2 - Matriz de correlação (R), obtidos em relação à variação entre a combinação das DEPs para as seguintes características: PM = Peso aos 120 dias de idade (efeito materno); TMM = Peso aos 120 dias de idade (total materno) PD= Peso aos 240 dias de idade (e feito direto = PD); TMD = Peso aos 240 dias de idade (total materno); PS= Peso aos 420 dias de idade (efeito direto); GND= Ganho de peso pré-desmama (efeito direto); TMGD= Ganho de peso pré-desmama (total materno); GPD = Ganho de peso pós-desmama (efeito direto); IPP = Idade ao primeiro parto (efeito direto); I2P = Intervalo entre primeiro e segundo partos (efeito direto); IOP = Intervalo entre os demais partos (efeito direto); PES = Perímetro escrotal ao sobreano (efeito direto).

CONCLUSÕES

Os resultados permitem apenas afirmar que há heterogeneidade e que o uso de acasalamentos entre progênies dos touros do grupo I tende a aumentar a homozigose e que o acasalamento entre descendentes de touros desse grupo com descendentes de touros dos demais grupos tende a aumentar a heterozigose.

REFERÊNCIAS

- Ferraz Filho, P.B.; Silva, L.O.C.; Souza, J.C.; Malhado, C.H.M. Divergência genética de touros Nelore com sêmen disponível em centrais de inseminação no Brasil. *Archivos Latinoamericanos de Produção Animal*, v.16, n.1: 25-31, 2008.
- Silva, M.V.G.B.; Ferreira, W.J.; Cobuci, J.A.; Guaragna, G.P.; Oliveira, P.R.P. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.
- Bello, A.B.S.; Ferraz Filho, P.B.; Silva, L.O.C.; Souza, J.C.; Muniz, N.M. Distâncias genéticas entre touros Nelore de Mato Grosso do Sul, utilizando análise multivariada. *Archives of Veterinary Science*, v.13, n.1, p.64-72, 2008.
- Viana, C.F.A.; Silva, M.A.; Pires, A.V. Estudo da divergência genética entre quatro linhagens de matrizes de frangos de corte utilizando técnicas de análise multivariada. *Rev. Bras. Zootec.*, v.29, p.1074-1081, 2000.
- Fonseca, R.; Torres Filho, R.A.; Torres, R.A.; Pires, A.V.; Carneiro, P.L.S.; Euclides, R.F.; Barbosa, L. Avaliação de frango de corte utilizando técnicas de análise multivariada: I Características de carcaça. *Arq. Brasileiro Med. Vet. Zootec.*, v.54, p.525-529, 2002.
- Ghaderi, A.; Adams, M.W.; Nassib, A.M. Relationship between genetic distances and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. *Crop Science*, v.24, p.37-42, 1984.
- Vasconcelos, E.S. de; Cruz, C.D.; Bhering, L.L. Ferreira, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.42, p.507-514, 2007.
- Jolliffe, I.T. Discarding variables in a principal component analysis: II. Artificial data. *Appl. Stat., Série C, London*, v.21, p.160-173, 1972.
- Jolliffe, I.T. Discarding variables in a principal component analysis: II. Real data. *Appl. Stat., Série C, London*, v.22, p.21-31, 1973.

Protocolado em: 28 abr. 2009. Aceito em: 17 mar. 2014