

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS – FCAT
CAMPUS DE DRACENA

ESTRUTURA POPULACIONAL E ANÁLISE DE VARIABILIDADE
GENÉTICA EM REBANHOS OVINOS BRASILEIROS

Camila Renata de Souza Tino

Bióloga

2016

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
“JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E TECNOLÓGICAS – FCAT
CAMPUS DE DRACENA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E ANÁLISE DE VARIABILIDADE
GENÉTICA EM REBANHOS OVINOS BRASILEIROS**

Camila Renata de Souza Tino

Orientador: Prof. Adjunto Ricardo da Fonseca

Dissertação apresentada ao Campus de
Dracena – Unesp, como parte das exigências
para a obtenção do título de Mestre em
Ciência e Tecnologia Animal

2016

FICHA CATALOGRÁFICA
Desenvolvida pela Seção Técnica de Biblioteca e Documentação
Campus de Dracena

T591e

Tino, Camila Renata de Souza.

Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros / Camila Renata de Souza Tino. -- Dracena: [s.n.], 2016.
82 f. : il.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Dracena. Área do conhecimento: Produção Animal, 2016.

Orientador: Ricardo da Fonseca
Inclui bibliografia.

1. Endogamia. 2. Depressão endogâmica. 3. Variabilidade genética. 4. Ovinos. 5. Genética animal. 6. Consanguinidade. I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros

AUTOR: CAMILA RENATA DE SOUZA

ORIENTADOR: RICARDO DA FONSECA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em CIÊNCIA E TECNOLOGIA ANIMAL, área: PRODUÇÃO ANIMAL, pela Comissão Examinadora:



Prof. Dr. RICARDO DA FONSECA
Curso de Zootecnia / Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Dracena



Prof. Dr. RAFAEL SIMÕES TOMAZ
Curso de Engenharia Agrônômica / Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Dracena



Profa. Dra. PAULO BAHIENSE FERRAZ FILHO
Universidade Federal do Mato Grosso do Sul

Ilha Solteira: 05 de abril de 2016.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Camila Renata de Souza Tino – nascida em 5 de novembro de 1991, na cidade de Guaraçai/SP – Brasil, filha de Márcia Regina de Souza Tino e Silvio Renato Tino. Em julho de 2013, concluiu a graduação em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, UFMS – Brasil. Em Agosto de 2014, iniciou no Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia Animal, em nível de mestrado, na área de concentração Produção Animal na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Programa Inter-unidades do Campus de Dracena e Campus de Ilha Solteira, realizando estudos na área de “Melhoramento genético animal”.

EPÍGRAFE

“Não sabendo que era impossível, ele foi lá e fez.”

Jean Cocteau

“Se amanhã sentires saudades, lembra-te da fantasia e sonha com tua próxima vitória... é certo que irás encontrar situações tempestuosas novamente, mas haverá de ver sempre o lado bom da chuva que cai e não a faceta do raio que destrói ”

Charles Chaplin

AGRADECIMENTOS

Á Deus pela dádiva da vida e a perfeição da capacidade de aprender concedida ao ser humano. A Ele agradeço por me proteger de todas as formas, e por mostrar-me que os obstáculos do caminho foram minha lição pessoal de crescimento.

Aos meus pais por todo o amor e dedicação que me cobriram, por sem medir esforços terem me proporcionado um conhecimento muito além do seu.

A minha irmã mais nova que tanto teve de se privar para que eu chegasse até aqui, assim como minhas avós/avô amados que me aninharam e ajudaram desde sempre.

Ao meu melhor amigo, namorado e noivo pela paciência, amor, caronas e apoio constante nessa caminhada que fiz questão de trilhar. Sem você não teria conseguido.

Ao meu orientador Dr. Ricardo da Fonseca; obrigada pela amizade, estímulos, paciência e ensinamentos valiosos. Sou imensamente grata pela oportunidade de desenvolver meu mestrado sob sua orientação. Obrigada pela confiança depositada em mim!

Ao Dr. Paulo Bahiense Ferraz Filho por ser essa pessoa maravilhosa que mudou a minha vida ao me ensinar a amar a genética, sua simplicidade e bom humor foram minha inspiração de vida. Obrigada por ser meu eterno desorientador!

Ao Prof. Dr. Rafael Simões Tomaz por sua atenção e colaboração com suas considerações durante o exame de qualificação, que serviram para enriquecer este trabalho.

Aos meus companheiros de mestrados maravilhosos que Deus colocou em meu caminho: Bruna (meu encéfalo), Gabriele minha companheira e bondosa amiga, Natália pelas conversas, Priscila por me acolher, Frei e Gabi pelas risadas e todos os outros amigos incríveis que esse programa me proporcionou.

A toda a equipe de trabalho do laboratório Lucca-Z, é realmente maravilhoso trabalhar com pessoas tão dispostas a ajudar! Vocês são incríveis!

As meninas da republica Vaca-H por terem me acolhido nesses quase dois anos, rimos muito juntas e com certeza vocês tornaram minha jornada mais leve.

A memória da minha amiga e irmã Rafaela Dias do Amaral, por ter sido esse anjo no meu caminho! Nunca vou me esquecer do seu incentivo e amizade, em meu coração e memória você vive!

A Associação Sergipana de Criadores de Caprinos e Ovinos (ASCCO) e ao Prof Dr. José Bento Sterman Ferraz por ceder o banco de dados utilizado.

À Embrapa Caprinos e Ovinos, em especial a Kleibe de Moraes Silva e ao Programa de Melhoramento de Caprinos e Ovinos de Corte, GENECOC, sem o qual não seria possível esse trabalho.

A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, Fapesp, pela concessão de bolsa de estudo.

Ao Programa de Pós Graduação em Ciência e Tecnologia Animal pela oportunidade de crescimento científico que me proporcionaram.

ESTRUTURA POPULACIONAL E ANÁLISE DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM REBANHOS OVINOS BRASILEIROS

RESUMO

As raças ovinas deslançadas são parte do patrimônio genético do Brasil, formado por animais adaptados ao semiárido nordestino e com potencial de produção de carne e pele. No entanto tratam-se de raças de recente formação, ainda com poucos programas de melhoramento genético, e conseqüentemente, carente de estudos da estrutura populacional, variabilidade genética, endogamia e grau de conservação. Diante disso este trabalho teve dois objetivos: 1) analisar a variabilidade genética da raça Santa Inês no Brasil com base em informações de pedigree utilizando registros de animais da raça Santa Inês, provenientes da Associação Sergipana de Criadores de Caprinos e Ovinos (ASCCO) criados na Região Nordeste do Brasil e 2) avaliar a estrutura genética e variabilidade genética do núcleo de conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos, localizada na cidade de Sobral, região do norte do estado do Ceará, controlado pelo Sistema de Gerenciamento de rebanho (SGR) dentro do dentro do programa de melhoramento genético de caprinos e ovinos de corte – GENECOC[®]. O arquivo de pedigree da raça Santa Inês (ASCCO) continha 29080 animais e os arquivos de dados genealógicos pertencentes ao GENECOC 904 indivíduos da raça Santa Inês, 972 indivíduos da raça Somalis e 1372 indivíduos da raça Morada Nova. Para a primeira análise dos animais Santa Inês a média da integridade do pedigree nas últimas quatro gerações foi maior que 50% e o número de gerações completas equivalente foi igual a 4,89. O valor do coeficiente endogâmico (F) foi de 0,32% e o coeficiente de parentesco obtido foi de 3,1%. O intervalo de geração foi de 5,75 anos. Os resultados dos parâmetros com base na probabilidade de origem do gene: número de fundadores (N_f), número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a) e número efetivo de genomas remanescentes (f_g) foram: $(N_f) > (f_e) > (f_a) > (f_g)$. A razão $(f_e)/(f_a)$ foi próxima de 1, indicando que não houve gargalo genético, já a razão $(f_g)/(f_e)$ foi de 0,30 e mais distante de 1, indica um processo rápido de deriva genética, pois quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações. Enquanto que para os indivíduos Santa Inês, Somalis e Morada Nova o coeficiente de parentesco médio (AR) foram de 5,17%, 4,98% e 4,98 e consanguinidade (F) foram de 1,81%, 0,78% e 0,78 respectivamente. O intervalo de gerações (IEG) foi de 3,54, 3,40 e 4,08 anos e o tamanho efetivo médio (N_e) por geração foi de 30, 15 e 35 animais, sendo que o número efetivo de animais fundadores (f_e) de 29,54, 38,60 e 29,43 e de ancestrais (f_a) foi igual a (17, 13 e 19 respectivamente). Dentre os ancestrais, apenas 7 Santa Inês, 5 Somalis e 10 Morada Nova foram responsáveis por 50% da variabilidade genética das populações, o que indica perda de genes de origem. Concluindo-se que na população de ovinos da raça Santa Inês (ASCCO) a variabilidade genética permitirá a obtenção de ganhos genéticos adequados nas características de importância econômica. Enquanto que nas populações de conservação do GENECOC observa-se baixa contribuição dos animais fundadores ao longo das gerações. Os valores do coeficiente de endogamia de Wright indicam subdivisão da população em linhagens. Em geral, a consanguinidade e os valores médios do coeficiente de parentesco foram baixos e a variabilidade genética foi considerada alta.

Palavras Chave: Ancestrais. Consanguinidade. Conservação. Depressão endogâmica. Diversidade. Endogamia. Genética de Populações.

ABSTRACT

The woolless sheep breeds are part of the genetic heritage of Brazil, formed by animals highly adapted to semi-arid Northeast and high capacity of production of meat and skin. However it is of recent formation breeds, still few breeding programs, and consequently lacking in studies of population structure, genetic variability, inbreeding and degree of conservation. Therefore this study had two objectives: 1) to analyze the genetic variability of Santa Ines in Brazil based on pedigree information using animal records Santa Ines, from the Goat Breeders of Sergipana Association and Sheep (ASCCO) created in Northeast of Brazil and 2) evaluate the genetic structure and genetic variability conservation nucleus of Embrapa goats and sheep, located in Sobral, northern region of the state of Ceará, compiled by Management System for Livestock, part of the within the Breeding Program of Goats and sheep - GENECOC[®]. Santa Inês breed pedigree file (ASCCO) contained 29080 animals and genealogical data files belonging to GENECOC 904 individuals Santa Ines, 972 individuals of Somalis breed and 1372 individuals of Morada Nova breed. For the first analysis of animal Santa Inês the average pedigree integrity in the last four generations was greater than 50% and the number of full generations equivalent was equal to 4.89. The value of endogamic coefficient (F) was 0.32% and the obtained relationship coefficient was 3.1%. The generation interval was 5.75 years. For the results of the parameters based on the probability of gene origin: number of founders (N_f), effective number of founders (f_e), effective number of ancestors (f_a) and effective number of remaining genomes (f_g): (N_f) > (f_e) > (f_a) > (f_g). The ratio (f_g) / (f_a) was close to 1, indicating no genetic bottleneck, as the ratio (f_g) / (f_e) was 0.30 and more distant from 1, indicating a rapid process of genetic drift, it quantifies the loss of founder alleles between generations. While for individuals Santa Inês, Morada Nova Somalis and the average relatedness coefficient (AR) were 5.17%, 4.98% and 4.98% and inbreeding (F) were 1.81%, 0.78 and 0.78% respectively. The generation interval (IEG) was 3.54, 3.40 and 4.08 years and the mean effective size (N_e) per generation was 30, 15 and 35 animals, with the effective number of founder animals (f_e) of 29.54, 38.60 and 29.43 and ancestors (f_a) is equal to (17, 13 and 19 respectively). Among the ancestors, only 7 Santa Ines, 5 Somalis and 10 Morada Nova accounted for 50% of the genetic variability of populations, indicating loss of original genes. Concluding that the population of sheep Santa Inês (ASCCO) genetic variability will allow obtaining appropriate genetic gains in traits of economic importance. While in GENECOC conservation populations observed low contribution of animal founders over the generations. The values of Wright's inbreeding coefficient indicates subdivision of the population lineages. In general, inbreeding and the mean values of inbreeding coefficient were low and the genetic variability considered high.

Keywords: Ancestors. Consanguinity. Conservation. Inbreeding depression. Diversity. Inbreeding. Population genetics.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1:** Gerações equivalentes conhecidas de acordo com o ano de nascimentos de animais Santa Inês..... 41
- Figura 2:** Variação dos coeficientes médios de endogamia (F) da população em % entre os anos 2003 e 2011.. 44
- Figura 3:** Estrutura do pedigree da raça Santa Inês com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos..... 63
- Figura 4:** Estrutura do pedigree da raça Somalis com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos..... 64
- Figura 5:** Estrutura do pedigree da raça Morada Nova com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos..... 65
- Figura 6:** Variação do tamanho efetivo por intervalo de geração das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova..... 75

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1:** Frequência de animais endogâmicos de acordo com níveis de F da população endogâmica. 43
- Tabela 2:** Número de animais endogâmicos, coeficiente de endogamia (F) médio dos animais endogâmicos por geração do pedigree de ovinos da raça Santa Inês. 44
- Tabela 3:** Intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas e intervalo de geração médio em anos, considerando a população total de ovinos. 45
- Tabela 4:** Intervalo de geração médio em anos considerando a população total de ovinos..... 46
- Tabela 5:** Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene..... 47
- Tabela 6:** Intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas e intervalo de geração médio em anos, considerando as populações de ovinos. 66
- Tabela 7:** Parâmetros populacionais dos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova..... 68
- Tabela 8:** Relação dos 10 ancestrais de maior contribuição nos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova. 69
- Tabela 9:** Média do Índice de conservação genética nas raças Santa Inês, Somalis, Morada Nova. 71
- Tabela 10:** Valores de consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco médio (AR) dos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova por número de gerações conhecidas..... 72
- Tabela 11:** Número médio de gerações traçadas, incremento da consanguinidade (F) e número efetivo (N_e), para cada tipo de geração considerada. 73
- Tabela 12:** As estatísticas F de Wright para as populações Santa Inês, Somalis e Morada Nova. 75

LISTA DE ABREVIATURAS

AR: Coeficiente de parentesco

ECG: Gerações equivalentes completas

F: Coeficiente de endogamia

ΔF : Consanguinidade

f_e : Número efetivo de fundadores

f_a : Número efetivo de ancestrais

f_g : Número de genomas remanescentes

ICG: Índice de conservação genética

IEG: Intervalo entre gerações

N_f : Número de fundadores

N_e : Tamanho efetivo

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	12
1 INTRODUÇÃO.....	12
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1 RAÇAS OVINAS DESLANADAS	14
2.2 ESTRUTURA POPULACIONAL	15
2.3 PARÂMENTROS PARA AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA E NÍVEIS DE ENDOGAMIA	16
2.4 INTEGRIDADE O PEDIGREE	19
2.5 INTERVALO DE GERAÇÕES.....	20
2.6 COEFICIENTE DE ENDOGAMIA	21
2.7 ÍNDICE DE FIXAÇÃO OU ESTATÍSTICA F	23
2.8 ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)	24
2.9 COEFICIENTE DE PARENTESCO	25
2.10 TAMANHO EFETIVO	26
REFERÊNCIAS	28
CAPÍTULO 2 - ANÁLISE DE PEDIGREE PARA DETERMINAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM OVINOS SANTA INÊS	34
RESUMO	34
ABSTRACT.....	35
1 INTRODUÇÃO.....	36
2 MATERIAIS E MÉTODOS	37
2.1 PARÂMETROS BASEADOS NA PROBABILIDADE DA ORIGEM DO GENE.	38
3 RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	41
3.1 INTEGRIDADE DO PEDIGREE.....	41
3.2 NÚMERO EQUIVALENTE DE GERAÇÕES CONHECIDAS	41
3.3 PARÂMETROS POPULACIONAIS RELACIONADOS COM COEFICIENTE DE ENDOGAMIA	42
3.4 INTERVALO DE GERAÇÕES.....	45
3.5 NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES	46
3.6 NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS E RAZÃO ENTRE O NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES E O NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS	47
4 CONCLUSÕES.....	49
REFERÊNCIAS	50
CAPÍTULO 3 - ANÁLISE DE PEDIGREE E VARIABILIDADE GENÉTICA DO NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS OVINAS NO NORDESTE DO BRASIL	52
RESUMO	52
ABSTRACT.....	53
1 INTRODUÇÃO.....	54
2 MATERIAL E METÓDOS	56

2.1	NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES (f_e) E NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS (f_a)	56
2.2	ESTRUTURA DO PEDIGREE	57
2.3	CONSANGUINIDADE (ΔF)	57
2.4	ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)	58
2.5	COEFICIENTE DE PARENTESCO MÉDIO (AR)	58
2.6	TAMANHO EFETIVO (N_e)	59
2.7	ÍNDICE DE FIXAÇÃO OU ESTATÍSTICA F	60
2.8	INTERVALO ENTRE GERAÇÕES	60
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	62
3.1	ESTRUTURA DO PEDIGREE	62
3.2	INTERVALO DE GERAÇÕES.....	66
3.3	ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)	70
3.4	COEFICIENTE CONSANGUINIDADE (F) E DE PARENTESCO MÉDIO (AR)	71
4	CONCLUSÕES.....	77
	REFERÊNCIAS	78

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1 INTRODUÇÃO

O Brasil segundo os dados divulgados pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE, 2014) possui um efetivo de 17,291 milhões de cabeças de ovinos em seu rebanho, colocando o país na 18ª posição no cenário mundial. O consumo individual de carne ovina no Brasil gira entre 0,7 e 1,5 kg por habitante por ano sendo atualmente, um mercado demandante. Essa produção de carne é uma atividade que vem se desenvolvendo gradativamente no país, sendo que no ano 2012 sofreu com uma variação negativa causada principalmente por fatores relacionados ao clima, passando por uma grande seca nesse período (AGÊNCIA BRASIL, 2013). O crescimento foi retomado em 2013, principalmente nas regiões Norte e Nordeste, estimuladas por diversos segmentos da cadeia produtiva. (IBGE, 2014).

A criação de ovinos tem alto potencial de oferecer proteína animal de qualidade para as regiões semiáridas do Brasil, onde a bovinocultura pode enfrentar dificuldades pelas condições climáticas e as exigências de tal espécie. Assim, as raças ovinas deslanadas se destacam das demais devido a sua adaptação ao clima e ao tipo de manejo oferecido naquelas localidades.

As raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova apresentam grande potencial de criação no Brasil, sendo o rebanho da raça Santa Inês o maior do Brasil, enquanto a raça Somalis apresenta baixa mortalidade e a raça Morada Nova apresenta qualidade de boa habilidade materna e prolificidade. Todas essas características evidenciam que programas de melhoramento genético para estas raças são importantes profissionalizar a atividade e atender o mercado.

Programas de melhoramento de ovinos no Brasil ainda são inexistentes ou pouco expressivos. A Embrapa Caprinos e Ovinos lançou em 2013 o programa de Melhoramento de Ovinos e Caprinos de Corte (GENECOC®). Por conta de sua curta existência, informações essenciais para a execução e manutenção dos processos de seleção e planejamento de acasalamentos como estimativas de variabilidade genética e níveis de endogamia são pouco conhecidos.

Os programas de melhoramento têm por objetivo maximizar o ganho genético para as características de importância econômica de forma que indivíduos de maior valor genético estejam rapidamente disponíveis para o mercado. Entretanto, a busca pela maximização do ganho, pode levar a rápidos incrementos no coeficiente de endogamia da população com conseqüente diminuição de variabilidade genética e dos ganhos genéticos com o passar das gerações. Além disso, o crescimento da endogamia sem controle pode levar ao aparecimento do efeito de depressão endogâmica, diminuindo o vigor dos indivíduos e tornando-os menos aptos ao sistema de produção de carne ovina.

A perda de variabilidade genética também é um importante parâmetro sob o ponto de vista de conservação de raças/populações, uma vez que se a raça não mantém níveis mínimos de variabilidade genética ela tende a desaparecer, sendo inapropriado sob o ponto de vista da manutenção de bancos de germoplasma e a utilização futura desse material genético em cruzamentos com outras raças para exploração de complementariedade e heterose nas unidades produtoras.

Portanto, estudos das populações de melhoramento da raça Santa Inês no Nordeste do Brasil por meio de seus pedigrees têm potencial de serem úteis, uma vez que podem fornecer informações sobre a variabilidade genética e níveis de endogamia das populações, fornecendo subsídios para a definição de estratégias de seleção e a utilização racional de reprodutores, a fim de manter a variabilidade genética em níveis altos o suficiente para a produção de ganhos genéticos adequados para características produtivas e reprodutivas de importância econômica dessa raça.

Neste sentido, este trabalho teve como objetivos:

1. Analisar a variabilidade genética de uma população de animais de comerciais da raça Santa Inês com base em informações de pedigree.
2. Analisar a variabilidade genética de três rebanhos de conservação das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova com base em informações de pedigree.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 RAÇAS OVINAS DESLANADAS

Ao contrário do que vem acontecendo na maioria dos países, a criação de ovinos no Brasil, tem atraído investidores e expandiu, tanto em quantidade quanto, em qualidade, desde o início da década de 2000 (RAINERI et al., 2015). O mercado impulsionado pelo aumento do poder aquisitivo da população permitiu uma expansão no rebanho em quase 24%, no período entre 2002 e 2011, atingindo 17,29 milhões de cabeças no ano de 2013, e mantendo ainda perspectivas de crescimento (IBGE, 2014).

A criação de ovinos tem ampla distribuição geográfica no território brasileiro, porém concentradas em grande número no estado do Rio Grande do Sul e na região Nordeste. É na região nordeste, em áreas semiáridas tropicais, que a produção de pequenos ruminantes vem se destacando apesar da baixa capacidade de investimento e alta exploração de raças adaptadas ao clima tropical, que apresentam alta rusticidade e produzem carne e peles (JUCÁ et al., 2014).

Neste contexto a raça Santa Inês é apontada como uma alternativa promissora para programas de melhoramento genético visando o aumento da produção de cordeiros para abate. Segundo (Madruga et al., 2005), essa raça possui boa capacidade adaptativa, rusticidade e eficiência reprodutiva, assim como, baixa susceptibilidade a endo e a ectoparasitos, exercendo importante papel na produção de proteína em áreas de clima seco, como o semiárido do nordeste do Brasil. Em 1990 a Embrapa Caprinos e Ovinos, localizada em Sobral/CE deu início ao primeiro trabalho efetivo de melhoramento da raça Santa Inês, entretanto o projeto foi encerrado em 1995, por falta de criadores e associações organizadas (MORAIS 2000).

A raça Somalis Brasileira segundo Silva et al. (1986) possui pelagem branca, sem lã, com cabeça e pescoço pretos e aptidão para produção de carne e pele. Atualmente, os rebanhos desta raça encontram-se distribuídos nos Estados nordestinos, em núcleos fechados, pertencentes a instituições de pesquisa ou a

criadores de elite, e disponibilizados para venda em feiras e em exposições agropecuárias (SILVA; LÔBO, 2006).

É bastante adaptada ao cenário nordestino, e caracterizada por acumular reserva de gordura na garupa durante a época de alimentação abundante, para ser utilizado como estratégia energética na época de escassez de forragem. Esses animais, além de adaptados, apresentam menor exigência nutricional quando comparados com os animais exóticos, permitindo menor custo de produção (ALVES et al., 2009). Porém, o conhecimento sobre a estrutura populacional dessa raça é escasso na literatura.

A raça Morada Nova teve a sua origem no Nordeste do Brasil, sendo uma das principais raças nativas de ovinos deslanados (CUNHA et al, 2008), e explorada para produção de carne e pele com excelente aceitação no mercado, além de apresentar elevadas taxas de prolificidade mesmo sob condições menos favoráveis (FACÓ et al., 2008). Apesar da grande importância econômica social e cultural para região Nordeste, a raça Morada Nova ainda não tem sua estrutura populacional totalmente conhecida o que pode contribuir para perda da variabilidade genética e modificações na estrutura da população.

2.2 ESTRUTURA POPULACIONAL

A estrutura de uma população pode ser definida pela frequência dos alelos que compõem os diferentes genótipos dos diferentes indivíduos que a integram (CRUZ, 2005). O conhecimento dessa estrutura é indispensável, pois fornece as bases para a compreensão de como se processa a evolução dessa população.

A estrutura de uma população é determinada pela frequência dos genes que a compõem que por sua vez é afetada por forças sistemáticas (migração, mutação e seleção) e dispersivas (deriva genética e amostragem) (CRUZ, 2005). A forma e intensidade como essas forças atuam dependem basicamente da quantidade de animais fundadores, sua diversidade genética e forma como esses animais são usados para reprodução ao longo das gerações.

Alguns fatores podem promover a fragmentação de uma população, como o isolamento geográfico ou o uso de determinados animais de maneira mais intensa e,

tais fatores atuam na fixação ou até mesmo na perda de certos alelos. Em pequenas populações mesmo havendo acasalamentos ao acaso ocorrerá o favorecimento de determinados genótipos (LAAT, 2001).

Nos últimos anos, devido a pouca valorização das raças nativas, vem ocorrendo uma mudança rápida na composição racial da população caprinas e ovinas brasileiras, consequência da expressiva introdução de raças exóticas utilizadas intensivamente em cruzamentos (FIGUEIREDO, 1988).

O conhecimento da variabilidade genética entre e dentro de populações tem recebido crescente atenção nos últimos anos. Portanto, é imprescindível conhecer os diferentes fatores que interferem potencialmente na estrutura das populações, principalmente quando esta faz parte do patrimônio genético de uma dada região.

2.3 PARÂMETROS PARA AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA E NÍVEIS DE ENDOGAMIA

Para determinar estratégias adequadas ao melhoramento é fundamental estabelecimento de parâmetros para características de crescimento nas diferentes idades, como as herdabilidades e as correlações genéticas entre elas (BEHZADI et al., 2007). Nesse contexto, o melhoramento genético deve se valer de um conjunto de processos de seleção e direcionamento de acasalamento com o intuito de aumentar a frequência de alelos específico ou de combinações genéticas desejáveis em uma população, e assim aperfeiçoar a capacidade produtiva dos animais. Utiliza-se para tal objetivo, duas ferramentas básicas: seleção de progenitores e os métodos de acasalamento (FACÓ; VILELLA, 2005).

O conhecimento gerado por essas informações é de vital importância para os programas de melhoramento, pois permite a predição do progresso genético, além de ser necessário para estimação de valores genéticos, para combinação de características em índices de seleção e para a otimização de esquema de seleção. (FIGUEIREDO, 2008).

Contudo o aumento dos níveis de endogamia pode comprometer a variabilidade genética e conseqüentemente os ganhos genéticos dos programas. O aumento desses níveis produz um fenômeno chamado depressão endogâmica que

se manifesta pela diminuição geral do desempenho médio dos indivíduos consanguíneos, devido ao estado de homozigose de muitos genes que tem um pequeno efeito negativo sobre os caracteres quantitativos (SWALVE, 2000; DARIO e BUFANO, 2003).

Segundo Boichard et al. (1997), um dos caminhos para descrever a variabilidade genética e sua evolução no tempo é a análise de informações contidas nos pedigrees dos animais. Sendo assim, a análise genealógica das populações ovinas se faz necessária para que não perca a variabilidade destas com a seleção ao longo das gerações. De acordo com Malhado et al (2009) as análises genealógicas são consideradas fundamentais para os estudos populacionais, uma vez que proporcionam vantagem econômica quando comparadas com os custos dos estudos com marcadores moleculares.

A manutenção da diversidade genética é fundamental para a sobrevivência das populações, quanto maior a diversidade maior também será a chance de se obter indivíduos adaptados aos diferentes sistemas de produção e ambientes em um curto espaço de tempo (DELGADO et al., 2001; DOSSA et al., 2007).

De acordo com a literatura, um alelo de um gene de qualquer loco autossômico de um animal escolhido aleatoriamente corresponde a uma probabilidade de 50% de ser de origem paterna ou materna e uma probabilidade de 25% de ter sido originado de qualquer um dos quatro possíveis avós (BOICHARD et al., 1997). Esta regra aplicada ao pedigree completo fornece a probabilidade de que o gene seja oriundo de qualquer um de seus fundadores sendo eles ancestrais com pais desconhecidos.

O número de animais fundadores está diretamente ligado com a variabilidade genética de uma população e a preservação da diversidade genética entre os fundadores pode ser medida pelo balanço das contribuições desse fundador (LACY, 1989). Esta estimativa pode ser realizada através do número efetivo de fundadores (f_e), ou seja, o número de fundadores que contribui para produzir a mesma variabilidade genética esperada na população em estudo.

Quando cada um dos fundadores apresenta a mesma contribuição esperada, o f_e passa a ser igual ao número real de fundadores. Em qualquer outra situação, o f_e é menor que o número real de fundadores. Teoricamente, quanto maior o f_e , maior

será a variabilidade genética da população (BARROS, 2009). A grande diferença entre o número total de fundadores e o número efetivo fundadores é um indicador de perda de variabilidade genética (GOYACHE et al., 2003).

A instalação de uma população por um número pequeno de fundadores tem como principal resultado a redução do tamanho efetivo, da variação genética dentro da população, elevação da homozigose e, conseqüentemente, perdas de alelos pela oscilação genética, evento conhecido como gargalo genético (CARNEIRO et al., 2007).

Denomina-se gargalo genético a redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra, mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja restabelecido. Devido à ocorrência do efeito gargalo, alelos presentes em baixa frequência podem ser perdidos (BARROS, 2009). Dos níveis de endogamia depende o sucesso do programa de melhoramento, que, com o passar dos anos, pode causar alterações na estrutura populacional inicial e gerar mudanças nas frequência gênica e genotípicas. Pois essas alterações estruturais podem proporcionar reduções da diversidade genética e do número de linhagens e de genomas fundadores (FARIA et al., 2002). Assim, informações sobre endogamia e tamanho efetivo populacional são úteis no monitoramento da variabilidade genética a longo prazo (BOICHARD et al., 1997).

O conhecimento dos parâmetros genéticos populacionais deve servir como elemento norteador de ações futuras nos programas de melhoramento genético (MALHADO et al., 2008). No entanto, para que o cálculo dos parâmetros populacionais seja o mais acurado possível, maior deve ser o número de ancestrais considerados, ou seja, maior deve ser a integridade do pedigree (GOYACHE et al., 2003).

A implementação de programas de melhoramento genético, associada ao emprego de modernas tecnologias reprodutivas, tem favorecido a utilização intensa de poucos reprodutores e, conseqüentemente, o desequilíbrio entre as contribuições genéticas dos ancestrais ao longo das gerações (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005; FARIA et al., 2010).

Segundo Vozzi et al. (2006) o uso de parâmetros com base na probabilidade de origem do gene para verificar a variabilidade genética de uma população é

eficiente no sentido de controlar a variabilidade genética afim de evitar a perdas futuras de alelos que controlam características economicamente importantes.

O número efetivo de ancestrais (f_a) também é outro indicador que representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessário para explicar a diversidade genética total da população estudada. Esse parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores, uma vez que considera as perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desbalanceado de indivíduos para reprodução, causadas pelo “gargalo genético” (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Quanto maior a distância entre f_a e f_e , menor é a participação dos animais fundadores na população ao longo das gerações. O ideal é que o número efetivo de animais fundadores seja igual ao número efetivo de animais ancestrais, ou que a diferença entre eles seja sempre a menor possível (ALBUQUERQUE, 2010).

Em estudo sobre a estrutura populacional de ovinos da raça Merino, Azor et al. (2008) verificaram que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram apenas 35,0% e 73,4% do número total de fundadores e de ancestrais, respectivamente. Em trabalho semelhante com ovinos da raça Morada Nova, Rodrigues et al. (2009) observaram que o número efetivo de fundadores (20) foi bem abaixo do número total de animais pertencentes à população fundadora.

Nas situações em que o número efetivo de fundadores for muito baixo em relação à população fundadora, maior a necessidade de monitoramento e controle da endogamia do rebanho (MARCONDES et al., 2010).

2.4 INTEGRIDADE O PEDIGREE

A integridade das informações dos livros genealógicos depende da quantidade de descendentes presentes no pedigree, sendo de grande importância, uma vez que fornece as porcentagens de pais, avós, bisavós e demais ancestrais, dos antepassados conhecidos ao longo das gerações, por meio das vias paternas e maternas (NAVARRO, 2008).

Numa dada população fechada, as perdas da variabilidade genética se acumulam por geração. A existência de sucessivas gerações e o conhecimento

genealógico desigual pelas vias paterna e materna dificulta a designação de indivíduos às suas respectivas gerações. Isso afeta os parâmetros genealógicos medidos já que os mesmos estão intimamente ligados à qualidade das informações contidas nos pedigrees (BOICHARD et al., 1997).

O conhecimento de um maior número de gerações é importante porque todos os parâmetros estimados são consequência da integridade do pedigree, sendo que, quanto mais completo for o pedigree, mais precisas e confiáveis serão as estimativas. O número de gerações pode ser estimado através de três parâmetros, o número máximo de gerações, o número de gerações completas e o número de gerações equivalentes para cada animal. O número de gerações completas pode ser definido como o número de gerações que separam o indivíduo da ascendência mais distante em que os dois progenitores são conhecidos (BARROS et al., 2011).

O número máximo de gerações é o número de gerações que separam o indivíduo do seu ancestral mais distante (MALHADO et al, 2010). O número máximo de gerações não fornece qualquer informação viável sobre lacunas no pedigree. Uma boa maneira de descrever a qualidade de um pedigree é o número equivalente de gerações (BAUMUNG e SOLKNER, 2003).

O número de gerações equivalentes mede a profundidade do pedigree, considerando uma situação na qual não ocorreria sobreposição de gerações (GOYACHE et al., 2010), obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (BARROS et al., 2011).

2.5 INTERVALO DE GERAÇÕES (IEG)

Além dos parâmetros referentes ao número de gerações, também é possível calcular o intervalo entre as gerações. O intervalo de geração expressa a média de idade dos pais, quando nascem os descendentes destinados a se tornarem pais na próxima geração. O intervalo de geração pode ser obtido considerando as quatro passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha (CARNEIRO et al., 2010).

A otimização do intervalo de geração é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual quanto às características selecionadas, o que leva ao menor retorno econômico do programa (FARIA et al., 2001). Entretanto, para aumento nos ganhos genéticos, são necessários, além da redução do intervalo de geração, o uso de reprodutores avaliados e o controle dos acasalamentos de animais aparentados (MALHADO et al., 2008).

A utilização de machos jovens avaliados em programas de melhoramento é uma ferramenta para a redução do intervalo de geração, principalmente, dos intervalos pai-filho e pai-filha (MALHADO et al., 2008).

Já em programas de conservação genética, como o número de animais disponíveis é baixo, procura-se estender pelo maior tempo possível a permanência e uso de animais na reprodução, visando com isso à máxima exploração do seu potencial genético. Nesse tipo de situação, intervalos de gerações mais longos são esperados já que quanto maior tempo de permanência de um determinado reprodutor no rebanho, maior será a sua contribuição genética para a população, sendo essa, portanto, uma das principais metas em programas de conservação.

Estudando três núcleos de criação da raça caprina Murciana-Granadina LEÓN et al. (2005) observaram que animais pertencentes ao núcleo Almería apresentavam IEG de 4,04 anos, valor bem elevado quando comparado os núcleos de Granada e Córdoba, que foram de 2,55 e 2,50, respectivamente. Tal valor foi atribuído a permanência ativa de alguns animais por mais de 10 anos no núcleo.

2.6 COEFICIENTE DE ENDOGAMIA (ΔF)

A endogamia é dada pelo acasalamento de indivíduos cujo parentesco entre eles é maior do que o grau médio de relacionamento existente na população (LUSH, 1945). Sendo capaz de modificar as frequências dos genótipos de uma população sem provocar alterações nas frequências dos genes.

O grau de endogamia de um indivíduo é descrito pelo coeficiente de endogamia (F) que foi definido por Falconer (1987) como a probabilidade de dois alelos em qualquer loco de um indivíduo serem idênticos por descendência. A

consequência genética do aumento da endogamia é o aumento da homozigose (FALCONER e MACKAY, 1996). É fundamental o conhecimento da taxa de endogamia dos indivíduos no decorrer das gerações, pois possibilita o desenvolvimento de estratégias para o manejo adequado dos reprodutores, visando minimizar os efeitos da depressão endogâmica no desempenho do animal.

Em pequenas populações fechadas, mesmo com acasalamento aleatório, a consanguinidade aumenta a cada geração uma vez que os reprodutores possuem ascendentes comuns (GAMA, 2002). Como forma de minimizar as perdas de variabilidade, cada reprodutor e cada matriz deverá ser substituída por seu filho e sua filha, respectivamente, o que garante que o número de descendentes seja ao menos igual ao número de fundadores (BODÓ, 1990).

O cálculo do coeficiente de endogamia (também conhecido com coeficiente de consanguinidade) é importante em estudos de estrutura populacional, porque sua estimativa permite avaliar o grau de variabilidade genética na população considerada. Este parâmetro, associado ao número efetivo (N_e) e intervalo de gerações permite avaliar a situação de risco ou grau de ameaça de uma raça (FALCONER, 1987). Essa associação se faz necessária já que, segundo Goyache et al. (2003), nenhuma ferramenta é útil, por si só, para caracterizar o status da variabilidade genética de uma população.

A falta de programas de acasalamento eficientes constitui-se em importante fator no incremento das taxas de endogamia em rebanhos de produção (SILVA et al., 2001). Por outro lado, a intensificação do uso de métodos de avaliação genética que identificam os animais geneticamente superiores de forma mais precisa, e de técnicas reprodutivas que difundem o material genético superior mais rapidamente, têm contribuído para que os programas de melhoramento não apenas acelerem o progresso genético, mas também promovam o aumento da endogamia (CARVALHEIRO e PIMENTEL, 2004). Isso ocorre porque os métodos atuais de avaliação, ao utilizarem informações de pedigree, induzem a seleção mais frequente de parentes, uma vez que animais aparentados têm valores genéticos similares (QUEIROZ et al., 2000).

Como principais efeitos genéticos negativos estão a perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado,

principalmente, pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, sobrevivência e vigor dos animais, fenômeno conhecido por depressão endogâmica (BREDA et al., 2004).

2.7 ÍNDICE DE FIXAÇÃO OU ESTATÍSTICA F

Outros parâmetros também podem servir como indicativo da endogamia. As estatísticas de F de Wright são calculadas mediante três parâmetros, Fit, Fis e Fst, que avaliam a estrutura genética assumindo a subdivisão da população estudada em diversas subpopulações, que podem ser distinguidas de acordo com os aspectos geográficos ou de rebanho (NAVARRO, 2008).

O Fit é o coeficiente médio de endogamia da população e mede o desvio das frequências genotípicas da população em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg. Esses desvios resultam de cruzamentos não ao acaso dentro da população (CRUZ et al 2011).

O Fis expressa o desvio da casualidade obtida nos acasalamentos atuais. Se $Fis > 0$, então a endogamia real ultrapassa o nível esperado sob acasalamentos ao acaso, implicando que os acasalamentos estão acontecendo entre animais mais aparentados que a média, conseqüentemente, a população estará dividida em subpopulações. Quando $Fis < 0$, evita-se a endogamia ou predomina o acasalamento entre subpopulações (CARNEIRO et al., 2009).

O Fst designa o coeficiente médio de endogamia esperado se os reprodutores de cada período fossem acasalados aleatoriamente, ou seja, o Fst quantifica o grau de divergência entre populações. Quanto mais próximo de zero, os valores de Fst indicam que as subpopulações apresentam frequências alélicas iguais (OLIVEIRA, 2007). Valores de Fst entre 0,05 - 0,15; 0,15 - 0,25 e acima de 0,25 indicam, respectivamente, moderada, alta e muito alta diferenciação entre as subpopulações (CARNEIRO et al., 2010).

Em populações de ovinos sob seleção, são comuns valores negativos de Fis e baixos de Fst, indicando fluxo gênico entre os rebanhos e, conseqüentemente, pouca estruturação. Azor et al. (2008), estudando a raça Merino, verificaram valores para Fit, Fst e Fis de 0,02736; 0,03548 e - 0,00842, respectivamente.

Nas raças sob conservação, o fluxo de genes, geralmente, é limitado, visto que muitas subpopulações (rebanhos ou fazendas) são fechadas; a inseminação é pouco utilizada e o incremento de reprodutores reduzido (CARNEIRO et al., 2010). Em estudo com ovinos da raça Morada Nova, Rodrigues et al. (2009) observaram valor para F_{st} de 0,20031. A falta de programa de acasalamento eficiente constituiu-se em importante fator no incremento das taxas de endogamia em rebanhos de produção (SILVA et al., 2001).

2.8 ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)

O índice de conservação genética (ICG) é um índice que estima o número efetivo médio de fundadores presente no pedigree de um determinado animal. Para uso do ICG, são considerados fundadores os animais existentes a partir do ponto em que se tem conhecimento da genealogia do rebanho ou população em estudo. Portanto, o ICG leva em conta a contribuição dos animais fundadores ao longo de gerações.

Segundo Alderson (1992) como o objetivo de um programa de conservação é reter todos os alelos oriundos da população base, o ideal seria que o indivíduo recebesse igualmente as contribuições de todos os ancestrais fundadores da população. Nesse caso, na seleção dos reprodutores, o índice indicará que animal melhor manterá a variabilidade genética da raça.

Quando não se tem o conhecimento da maioria dos progenitores ocorrerá uma equivalência de conceitos entre ICG e F , o que, segundo Almeida (2007), nos leva a considerar somente F como único parâmetro para descrever populações de tamanho pequeno, principalmente as não genealógicas.

O ICG quando usado isoladamente, é um parâmetro pouco informativo, uma vez que seu valor representa apenas o número de animais fundadores presentes no pedigree do animal. No cálculo do ICG o grau de parentesco entre esses animais não é abordado, portanto os níveis de consanguinidade existente entre os indivíduos não são considerados.

Este tipo de informação é de grande importância nos trabalhos que envolvem gestão de populações, uma vez que o objetivo principal é evitar ao máximo a

elevação dos níveis de consanguinidade, garantindo com isso a manutenção da variabilidade genética dentro da população.

2.9 COEFICIENTE DE PARENTESCO (AR)

Outra medida importante é o coeficiente de parentesco médio, definido como a probabilidade de que, dado um loco escolhido ao acaso, os alelos de dois indivíduos sejam idênticos por origem, sendo esta medida relacionada com o coeficiente de endogamia. Esse deve ser considerado na implantação de um programa de melhoramento genético para o controle do nível de endogamia geral da população. As populações que possuem altos índices de endogamia apresentam os efeitos de depressão endogâmica para uma característica (ANALLA et al., 1999); (RZEWUSKA et al., 2005), enquanto que outras populações podem não demonstrar este efeito (NEGUSSIE et al., 2002); (BARCZAK et al., 2009).

O coeficiente de parentesco constitui-se de uma das informações mais importantes para medir a variabilidade genética e conhecer as consequências das estratégias de acasalamentos utilizadas em uma população (NAVARRO, 2008). O direcionamento dos acasalamentos pode promover redução nos níveis de endogamia e elevação do tamanho efetivo da população (VALERA et al., 2005).

Por conta da abrangência desse parâmetro e das limitações apresentadas pelo índice de conservação genética e pela consanguinidade, Gutierrez e Goyache (2005) propuseram o seu uso na gestão de populações ameaçadas quando se dispõe de dados de pedigree, além dos parâmetros comumente utilizados. Pode ser útil em programas de conservação para prevenir aumentos da consanguinidade dentro da população (GOYACHE et al., 2003). A partir do conhecimento dos valores de AR dos reprodutores dentro e entre rebanhos, é possível determinar a proximidade genética entre esses animais, o que é essencial na hora de determinar o intercâmbio de reprodutores dentro dos rebanhos. Portanto, o AR pode ser usado como medida da distância genética entre rebanhos, pela comparação entre os coeficientes de parentesco médio de seus reprodutores.

Assim como o coeficiente de endogamia, o coeficiente de parentesco apresenta relação direta com o aumento do número de gerações conhecidas. O

melhor conhecimento e controle da genealogia com o passar das gerações possibilita o cálculo mais acurado do coeficiente de endogamia e o coeficiente de parentesco. De modo que os resultados dos mesmos tornam-se mais precisos e aumenta a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree (QUEIROZ et al., 2000).

2.10 TAMANHO EFETIVO

O tamanho efetivo (N_e) é definido como sendo o número de indivíduos de ambos os sexos que estão contribuindo geneticamente numa dada população, isto é, o número efetivo representa a relação entre o número de machos e fêmeas que estão sendo usados na reprodução numa dada população. Esse conceito é importante porque o número de animais em idade reprodutiva em uma população, geralmente, é maior que o número de animais que realmente contribuem geneticamente para a próxima geração (CARNEIRO et al., 2010).

O N_e é um importante parâmetro que serve como indicativo da variabilidade genética presente em uma população com número equivalente de animais não aparentados (CARVALHEIRO e PIMENTEL, 2004), constituindo-se em um parâmetro chave na conservação genética de populações devido à sua relação inversa com o aumento da endogamia, as perdas de variabilidade genética, à deriva genética e suas possibilidades de adaptação às mudanças ambientais (BARROS, 2009; CARNEIRO et al., 2010).

Os resultados da seleção praticada em populações com pequenos N_e podem ser influenciados pela oscilação genética, resultando em grandes variações nos ganhos genéticos (CARNEIRO et al., 2007). A intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo e, conseqüentemente, a diversidade genética (CARVALHEIRO e PIMENTEL, 2004; MALHADO et al., 2008).

A intensidade de seleção restringe o número de animais a ser utilizado como reprodutores, podendo fazer uso de animais aparentados, fator esse que deve ser rigorosamente controlado devido ao possível aumento na endogamia e conseqüente redução na variabilidade genética (PEREIRA, 2012).

Valores de N_e encontrados para ovelha Xalda por Gutierréz et al. (2009), considerando as variâncias familiares, foram de 7,3 animais em um pedigree contendo 229 animais.

REFERÊNCIAS

AGÊNCIA BRASIL. **Aumento de preços de ração e seca reduzem rebanho nacional em 2012**. Brasília: Correio Braziliense, 2013. Disponível em: <http://www.correiobraziliense.com.br/app/noticia/economia/2013/10/10/internas_economia,392649/aumento-de-precos-de-racao-e-seca-reduzem-rebanho-nacional-em-2012.shtml>. Acesso em: 25 abr. 2016.

ALBUQUERQUE, A. L. S. **Estrutura populacional de um rebanho releiteiro da raça Pardo-suíça no estado do Ceará**. 2010. 48 f Dissertação de Mestrado - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2010.

ALDERSON, L. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small population. In: Genetics conservation of domestic livestock. V.2. Wallingford: C.A.B International 1992. p.18-29.

ANALLA, M.; MONTILLA, J. M.; SERRADILLA, J. M. Study of the variability of the response to inbreeding for meat production in Merino sheep. **J. Anim. Breed. Genet.**, v. 6, p. 481–488, 1999.

ALMEIDA, M. J. O. **Caracterização de caprinos da raça Marota no Brasil**. 2007. 150 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Centro de Ciências Agrárias/Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2007.

ALVES, L. de R. N.; SILVA, V. B.; BORGES I.; LANA, A. M. Q. Biometria de Cordeiros Somalis x Santa Inês terminados com dietas completas com diferentes fontes de fibra. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL SOBRE CAPRINOS E OVINOS DE CORTE, 4., 2009. **Anais...** João Pessoa: [s.n.], 2009.

AZOR, P.J.; CERVANTES, I.; VALERA, M.; ARRANZ, J.J.; MEDINA, C.; GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; MUÑOZ, A.; MOLINA, A. Análisis preliminar de La estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular. **ITEA**, v.104, n.2, p.295-302, 2008.

BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O.; ARAÚJO, A.M. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.543-552, 2011.

BARROS, E. A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí**. Recife: UFRP, 2009. 63 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.

BARCZAK, E.; WOLC, A.; WÓJTOWSKI, J.; ŚLÓSZARZ, P.; SZWACZKOWSKI, T. Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep. **J. Anim. Feed Sci.**, v. 18, p. 42–50, 2009.

BAUMUNG, R.; SOLKNER, J. *Pedigree* and marker information requirements to monitor genetic variability. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p. 369-383, 2003.

BEHZADI, M. R. B.; E.F SHAHROUDI; L. D VAN VLECK. Estimates of genetic parameters for growth traits in Kermani sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.124, n.5, p.296-301, 2007

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v.29, p.5-23. 1997.

BODÓ, I. Methods and experiences with in situ preservation of farm animals. **FAO Animal Production and Health Paper**, Roma, v.80, p. 85-102, 1990.

BREDA, F. C.; EUCLIDES, R. F.; PEREIRA, C. S.; TORRES, R. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SARMENTO, J. L. R.; TORRES FILHO, R. A.; MOITA, A. K. F. Endogamia e Limite de Seleção em Populações Seleccionadas Obtidas por Simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2017-2025, 2004 (Suplemento 2).

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; EUCLIDES, R. F.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, A. P. S.; CUNHA, E. E. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 84-91, 2007.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A. P. S.; SILVA, F. F.; TORRES, R. A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura Populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2327-2334, 2009.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: SIMPÓSIO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, 6., Mossoró, 2010. **Anais...** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2010.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E. C. G. Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: GEMPEC – WORKSHOP EM GENÉTICA E MELHORAMENTO NA PECUÁRIA DE CORTE, 2., 2004. Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: [s.n.], 2004.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p.

CUNHA, R. B.; CASTRO, M. S.; FONTES, W. Espectrometria de massa de proteínas. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, v.36, p.40-46, 2008.

DARIO, C.; BUFANO, G. Efeito da endogamia sobre a produção de leite na raça ovina. **Altamurana. Arquivos de Zootecnia**, v. 52, p.401-404, 2003.

DELGADO, J. V.; BARBA, C.; CAMACHO, M. E.; SERENO, F. T. P. S.; MARTÍNEZ, A.; VEGAPLA, J. L. Caracterización de los animales domésticos em España. **Animal Genetic Resources Information**, v.29, p.718, 2001. DOI: 10.1017/S1014233900005162.

DOSSA, L. H.; WOLLN Y, C.; GAUL Y, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v.73, p.150159, 2007. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2007.01.003.

FACÓ, O. VILLELLA, L.C.V. Conceitos fundamentais do melhoramento genético animal. In Campos ACN (Org) **Dos campos para o campo: tecnologias para produção de ovinos e Caprinos**. Fortaleza: UFC, 2005. p.197–204.

FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; ALVES, L. R. N.; LOBO, R. N. B.; VILLELLA, L. C. V., **Raça Morada Nova**: origem, características e perspectivas. Sobral: EMBRAPA-CNPC, 2008. 43 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4. ed. Harlow: Longman, 1996.

FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Parâmetros Populacionais do Rebanho Gir Mocho Registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p.1984-1988, 2001 (suplemento).

FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIANm, L. A.. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.501-509, 2002.

FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A.; LÔBO, R. B.; MAGNABOSCO, C. U.; OLIVEIRA, J. A. Variabilidade genética da raça Brahman no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.10, p.1133-1140, 2010.

FIGUEIREDO, E. H. P. de. Recursos genéticos e programas de melhoramento na espécie caprina no Brasil. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE REPRODUÇÃO ANIMAL, 7., 1987, Belo Horizonte. **Anais...** São Paulo: Fundação Cargill, 1988.

FIGUEIREDO, C. L. **Estimativas de componentes de (co)variância e parâmetros genéticos para características reprodutivas em ovinos da raça Santa Inês utilizando modelos linear e de limiar**. 2008. 66 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassunnga, 2008.

GAMA, L. T. **Melhoramento Genético Animal**. Lisboa: Escolar, 2002. 306 p.

GOYACHE, F. GUTIÉRREZ, J. P.; FERNANDEZ. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of

Asturias as an example. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.120, p. 95-103, 2003.

GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ALVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, n.1, p.3-14, 2010.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005.

GUTIÉRREZ, J. P.; FERNANDEZ, I.; ÁLVAREZ, I.; ROYO, L. J.; PÉREZ-PARDAL, L.; GOYACHE, F. **Cálculo del tamaño efectivo a partir de varianzas familiares: ejemplos en la oveja Xalda y poni Asturcón**. [S.l.: s.n.], 2009.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. 2014. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/>>. Acesso em: 25 abr. 2016.

JUCÁ, A. C. Performance of the Santa Ines breed raised on pasture in semiarid tropical regions and factors that explain trait variation. **Trop. Anim. Health. Prod.**, v. 46, n. 7, p.1249-1256, 17 jul. 2014. DOI: 10.1007/s11250-014-0635-0.

LAAT, D. M. **Contribuição genética dos fundadores e ancestrais na raça Campolina**. 2001. Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal de Minas Gerais, 2001.

LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, n. 8, p. 111–123, 1989.

LEÓN, J. M.; LOZANO, J. M.; MARTÍNEZ, E.; MARTÍNEZ, A.; CABELLO, A. Análisis demográfico de la cabra granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. **Archivos de Zootecnia**, n.54, p. 311-315. 2005.

LUSH, J. L. Planos de melhoramento animal. [S.l.]: Iowa State College, 1945. p.443.

MADRUGA, M. C. Qualidade da carne de cordeiros Santa Inês terminados com diferentes dietas. **R. Bras. Zootec**, v. 34, n. 1, p.309-315, 2005.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PEREIRA, D. G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n. 9, p. 1163-1169, 2008.

MALHADO, C. H. M. Melhoramento e estrutura populacional de bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p. 215-220, fev. 2009.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, A. C. M.; MARTINS FILHO, R.; BOZZI, R.; LADLE, R. J. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n. 10, p. 1109-1116, 2010.

MARCONDES, C. R.; VOZZI, P. A.; CUNHA, B. R. N.; LÔBO, R. B.; ARAÚJO, C. V.; MARQUES, J. R. F. Variabilidade genética de búfalos em rebanho-núcleo com base na análise de pedigree. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 62, n. 3, p.706-711, 2010.

MORAIS, O. R. Melhoramento Genético dos Ovinos no Brasil: situação e perspectivas. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: FEPMVZ, 2000. p. 266-272.

NAVARRO, C.I. **Estructura genética del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia em razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías em El cálculo Del tamaño efectivo**. 2008. Tese (Doutorado) - Universidad Complutense de Madrid, Madrid, 2008.

NEGUSSIE, E.; ABEGAZ, S.; REGE, J.E.O. Genetic trend and effects of inbreeding on growth performance of tropical fat-tailed sheep. **Proceedings of 7th World Congr. Gen. Appl. Livest. Prod.**, Montpellier, 2002. p. 25–35.

OLIVEIRA, J. C. V. **Diversidade genética em caprinos**. 2007. 103 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2007.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2012. p.140-157.

QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1014-1019, 2000.

RAINERI, C., NUNES, B. C. P.; GAMEIRO, A. H. Caracterização tecnológica dos sistemas de produção de ovinos no Brasil. **Ciência Animal Journal**, v.86, p.476-485, 2015. Doi: 10,1111 / asj.12313

RODRIGUES, D. S.; RIBEIRO, M. N.; OLIVEIRA, S. M. P.; LIMA, F. A. M.; VILLARROEL, A. B. S.; PACHECO, A. C. L.; SANTOS, L. H. Estrutura populacional de um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciência Animal**, v.19, n.1, p.103-110, 2009.

RZEWUSKA, K.; KLEWIEC, J.; MARTYNIUK, E. Effect of inbred on reproduction and body weight of sheep in a closed Booroola flock. **Anim. Sci. Pap. Rep.**, v. 4. p. 237–247, 2005.

SILVA, R. L. R.; LÔBO, R. N. B. **Raça Somalis Brasileira**. Sobral: Embrapa Caprinos, 2006. 1 folder. FD – FOL 02569.

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.

SILVA, F. L. R. Desempenho produtivo e reprodutivo da raça Somalis. In: REUNIÃO TÉCNICO-CIENTÍFICA DO PROGRAMA DE APOIO A PESQUISA COLABORATIVA DE PEQUENOS RUMINANTES, 1986, Sobral. **Anais...** Sobral: Reunião Técnico-Científica do programa de apoio a pesquisa colaborativa de pequenos ruminantes, 1986. p.347-353.

SWALVE, H. H. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. **Journal of Dairy Science**, v.83, n.5, p.1115-1124, 2000.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRES, J. P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v.95, p.57-66, 2005.

VOZZI, P. A.; MARCONDES, C. R.; MAGNABOSCO, C. U. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, p. 482-485, 2006.

CAPÍTULO 2 - ANÁLISE DE PEDIGREE PARA DETERMINAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM OVINOS SANTA INÊS

RESUMO

A raça Santa Inês apresenta grande potencial de criação no país e cada vez mais o aumento da eficiência e da produtividade vem se tornando uma necessidade para a ovinocultura. Entretanto o conhecimento sobre a estrutura populacional da raça Santa Inês ainda é bastante limitado, assim como o conhecimento da variabilidade genética populacional da raça. Portanto, é preciso monitorar o grau de endogamia na população, cujas consequências são a perda em variabilidade genética e queda do desempenho fenotípico. Este trabalho teve como objetivo estudar a estrutura populacional da raça Santa Inês como forma de determinar a variabilidade genética por meio de análise de pedigree. Foram utilizados registros genealógicos de 29080 animais provenientes da Associação Sergipana de Criadores de Caprinos e Ovinos (ASCCO) criados na Região Nordeste do Brasil (Sergipe) e conta com a colaboração do Grupo de Melhoramento Animal da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. A média da integridade do pedigree nas últimas quatro gerações foi maior que 50% e o número de gerações completas equivalente foi igual a 4,89. O valor do coeficiente endogâmico (F) foi de 0,32% e o coeficiente de parentesco obtido foi de 3,1%. O intervalo de geração foi de 5,75 anos. Para os resultados dos parâmetros com base na probabilidade de origem do gene: o número de fundadores (NF) foi 2175, já número efetivo de fundadores (f_e) foi 124,6, o número efetivo de ancestrais (f_a) foi de 86 e por fim o número efetivo de genomas remanescentes (f_g) foi de 37,42, de forma que a relação foi de $(NF) > (f_e) > (f_a) > (f_g)$. A razão $(f_e)/(f_a)$ foi próxima de 1, indicando que não houve gargalo genético, já a razão $(f_g)/(f_e)$ foi de 0,30 e mais distante de 1, indicando um processo rápido de deriva genética. Conclui-se que nessa população de ovinos da raça Santa Inês a variabilidade genética permitirá a obtenção de ganhos genéticos adequados nas características de importância econômica.

Palavras Chaves: Ancestrais. Diversidade. Endogamia. Genealogia. Genomas remanescentes.

ABSTRACT

The Santa Ines breed has great potential for creating in the country and increasingly increasing efficiency and productivity is becoming a necessity for the industry. However knowledge about the population structure of breed Santa Ines is still quite limited, as well as knowledge of population genetic variability of the breed. Therefore need to monitor the degree of inbreeding in the population, the consequences are the loss of genetic variability and fall of phenotypic performance. This work aimed to study the population structure of Santa Ines as a way to determine the genetic variability through pedigree analysis. Genealogical records were used 29080 animals from Sergipana of Goat and Sheep Breeders Association (ASCCO) created in the Northeast of Brazil (Sergipe) and has the support of Animal Breeding Group of the Faculty of Animal Science and Food Engineering, University of Sao Paulo. The average pedigree integrity of the last four generations was greater than 50% and the number of full generations equivalent was equal to 4.89. The value of endogamic coefficient (F) was 0.32% and the obtained relationship coefficient was 3.1%. The generation interval was 5.75 years. For the results of parameters based on the probability of gene origin: The number of founders (NF) 2175 was already effective number of founders (fe) was 124.6, the effective number of ancestors (fa) was 86 and order the actual number of remaining genomes (fg) was 37,42, so that the ratio was $(NF) > (f) > (fa) > (fg)$. The ratio $(f) / (fa)$ was close to 1, indicating no genetic bottleneck, as the ratio $(fg) / (Fe)$ was 0.30 and more distant from 1, indicating a rapid process of genetic drift. It concludes that this population of sheep of Santa Inês breed genetic variability will allow obtaining appropriate genetic gain in traits of economic importance.

Keywords: ancestors. Inbreeding depression. Inbreeding. Genealogy remaining genomes.

1 INTRODUÇÃO

A ovinocultura oferece proteína animal de qualidade para as regiões semiáridas do Brasil, onde a bovinocultura é dificultada pelas condições climáticas e as exigências das espécies. Assim, as raças ovinas deslanadas se sobressaem as demais por sua adaptação ao clima e ao tipo de manejo oferecido em tais regiões. A raça Santa Inês apresenta grande potencial de criação no país, pois possui o rebanho mais numeroso registrado (IBGE, 2014).

No Brasil cada vez mais o aumento da eficiência e da produtividade vem se tornando uma necessidade para o setor produtor de carne ovina, uma vez que a procura por produtos dessa origem vem crescendo no decorrer dos anos. Entretanto, o conhecimento sobre a estrutura populacional da raça Santa Inês ainda é bastante limitado.

A análise genealógica pode fornecer importantes informações a respeito da história e estrutura genética das raças, e ainda sobre a evolução da variabilidade demográfica e genética da população (GOYACHE et al., 2010). Já que todo programa de melhoramento genético é dependente da manutenção da variabilidade genética populacional esse conhecimento pode ser utilizado como um elemento norteador em ações futuras (MALHADO et al., 2008).

No que se refere à descrição da estrutura populacional, os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene como o número efetivo de fundadores (f_e), ancestrais (f_a) e genomas remanescentes, apesar de simples, descrevem precisamente a variabilidade genética a partir de um pequeno número de gerações (VOZZI et al. 2006). Por outro lado, as informações sobre endogamia e tamanho efetivo populacional são úteis no monitoramento da variabilidade genética a longo prazo (BOICHARD et al., 1997).

Assim, diante do fato da raça Santa Inês constituir o grupo genético ovino mais difundido, com o maior número de animais registrados (ARCO, 2008) e, o conhecimento sobre sua estrutura populacional ser bastante limitado, , foi proposto (SOUSA e MORAIS, 2000; LÔBO, 2003) têm proposto o estabelecimento de um programa de melhoramento genético específico para a raça Santa Inês.

O conhecimento a respeito dos seus parâmetros populacionais contribuirá para a definição das metas e estratégias a serem propostas para a raça. Desta forma esse trabalho teve como objetivo estudar a estrutura populacional da raça Santa Inês como forma de determinar a variabilidade genética por meio de análise de pedigree.

2 MATERIAIS E MÉTODOS

Foram utilizados dados pertencentes à Associação Sergipana dos Criadores de Caprinos e Ovinos (ASCCO) da raça Santa Inês. Os registros continham 4792 matrizes e 11575 nascimentos, identificados de forma a garantir as informações de genealogia, pesos, sexo, tipo de parto (simples e gemelar), época (seca e chuva) e ano de nascimento (2003 a 2011), além de fazenda de origem (45 propriedades).

As informações genealógicas referentes a cada animal foram: raça, identificação do animal, pai, mãe, data de nascimento, sexo e rebanho. E as análises para consistência de dados foram realizadas utilizando o software R e a variabilidade genética de cada população e sua evolução ao longo do tempo foram avaliadas através de indicadores derivados dos dados de pedigree, usando o software PEDIG para estimar os coeficientes de endogamia, intervalo de geração, número equivalente de gerações conhecidas e os resultados dos parâmetros com base na teoria da origem do gene e nos métodos e equações descritos por Boichard et al. (1997).

O coeficiente de endogamia (F) de um indivíduo foi calculado utilizando o método de Meuwissen e Luo (1992). Este algoritmo calcula o coeficiente de endogamia de cada animal baseado nas relações de parentescos conhecidas, não havendo ajustamento para informações de pedigree incompletas.

O intervalo de gerações é definido pela idade média dos pais ao nascimento de suas progênes selecionados para compor a próxima geração. Quando o intervalo de geração é reduzido pela metade, os possíveis ganhos genéticos por ano são duplicados (MALHADO et al., 2008). Em contrapartida, quando se tem grandes intervalos, o ganho genético é diminuído (FARIA et al., 2001). O intervalo médio de

gerações foi estimado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, de acordo com a fórmula:

$$\bar{L} = 1/4 (L_{PM} + L_{PF} + L_{MM} + L_{MF})$$

em que: L_{PM} é o intervalo médio entre pais e filhos; L_{PF} é o intervalo médio entre pais e filhas; L_{MM} é o intervalo médio entre mães e filhos; e L_{MF} é o intervalo médio entre mães e filhas

A integralidade do pedigree foi calculada somente para indivíduos com pelo menos um progenitor conhecido (BOICHARD, 2002), de acordo com o sexo e ano do nascimento do animal, pelo método proposto por MacCluer et al. (1983) por:

$$I_d = \frac{2I_{d \text{ } pat} I_{d \text{ } mat}}{I_{d \text{ } pat} + I_{d \text{ } mat}} e I_{dk} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$$

em que: d é o número de gerações consideradas no cálculo do pedigree; k representa a linha paterna (*pat*) ou materna (*mat*) de um indivíduo; e a_i é a proporção de ancestrais conhecidos na geração i .

2.1 PARÂMETROS BASEADOS NA PROBABILIDADE DA ORIGEM DO GENE

O coeficiente de parentesco foi obtido de acordo com a definição de Wright (1921). O número médio de gerações, que quantifica a contribuição dos principais reprodutores, será definido pela soma, entre todas as gerações, da proporção de ancestrais identificados em cada geração.

O tamanho efetivo da população (N_e) foi estimado por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia, entre os períodos estudados, que conforme Falconer; Mackay (1996), é dada por:

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

em que: F_t é o coeficiente médio de endogamia, estimado no segundo período; F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia, estimado no primeiro período, que resultou em:

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

O número efetivo de fundadores (N_{fun}), que representa o número de animais com igual contribuição e que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada, será obtido como:

$$N_{fun} = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

em que: p_i é a proporção de alelos da população de referência contribuída pelo i -ésimo fundador (LACY, 1989).

A determinação do número efetivo de ancestrais (N_{anc}), que representa o mínimo de ancestrais, fundadores ou não, necessários para se explicar a diversidade genética total da população estudada, foi obtida por:

$$N_{anc} = \frac{1}{\sum p_k^2}$$

em que: p_k é a contribuição marginal do k -ésimo ancestral na população (BOICHARD *et al.*, 1997).

O número efetivo de genomas remanescentes (N_{gen}), ou seja, o número de fundadores com igual contribuição que não ocasionaria perda de alelos fundadores e que produziria a mesma diversidade genética encontrada na população, foram estimados como:

$$N_{gen} = \frac{1}{\sum (p_i^2) / (r_i)}$$

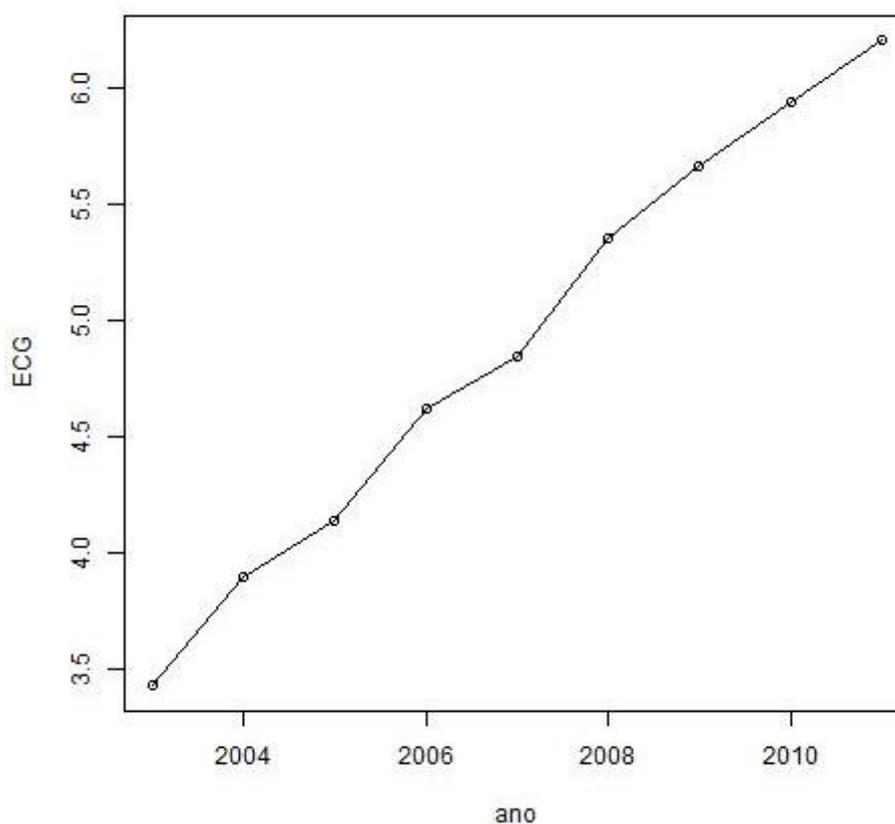
em que: r_i é a proporção esperada de alelos do i -ésimo fundador que permaneceria na população referência; e p_i é a proporção esperada de alelos do i -ésimo fundador que contribuiu para a população referência (LACY, 1989).

3 RESULTADOS E DISCUSSÕES

3.1 INTEGRIDADE DO PEDIGREE

A informação genealógica da população de ovinos da raça Santa Inês tem permanecido próximo da totalidade, como mostrado na Figura 1. Com base no número de gerações equivalentes completas (ECG), o número médio de gerações conhecidas tem aumentado.

Figura 1: Gerações equivalentes conhecidas de acordo com o ano de nascimentos de animais Santa Inês.



ECG: gerações equivalentes completas.
Fonte: Dados da pesquisa do autor

3.2 NÚMERO EQUIVALENTE DE GERAÇÕES CONHECIDAS

Do total de 29080 animais do pedigree 20,9% possuem os dois pais conhecidos, enquanto 18,89% possuem apenas um dos pais conhecidos e 60,2% sem nenhum dos pais conhecidos. O número equivalente médio de gerações conhecidas foi de 4,89, apontando falhas no pedigree que originalmente contém 8 gerações conhecidas. Porém o número médio de ancestrais conhecidos em todas as gerações foi de 157 animais, os maiores valores começaram a aparecer em gerações mais recentes, indicando que no início dos estudos o número de ancestrais conhecidos era menor, pois a porcentagem de indivíduos com pais conhecidos também era menor. Fato este que pode ser justificado pelo melhor conhecimento e controle da genealogia ao longo do tempo.

Lacunas no pedigree podem diminuir a precisão das estimativas do coeficiente de endogamia, Boichard et al. (1997) estimaram que cerca de 10% dos dados incompletos são suficientes para subestimar o coeficiente médio de endogamia, porém segundo os mesmos, a teoria de probabilidade de origem do gene é menos sensível a pedigrees incompletos.

3.3 PARÂMETROS POPULACIONAIS RELACIONADOS COM COEFICIENTE DE ENDOGAMIA

Do total de 29080 animais do arquivo de genealogia, 12039 (41,39%) tiveram algum nível de consanguinidade sendo o coeficiente de endogamia (F) médio de toda a população igual a 0,32 % e da população endogâmica de 7,91% e sua variação de acordo com a data de nascimento dos animais está representada na Figura 2. O maior valor de F encontrado para um indivíduo foi de 58, 87%.

Sendo que 71,25% dos animais apresentaram o valor de F inferior a magnitude de 10% (Tabela 1) e, se considerarmos que o valor de F superior a 10% representa risco elevado para a ocorrência de depressão endogâmica (Paiva et al. 2011), apesar dos resultados não demonstrarem risco de depressão endogâmica nesta população, a grande maioria dos animais não possui informação de ascendentes (60,2%). Pode ocorrer que grande parte dos pais desconhecidos tenha algum parentesco. Os animais endogâmicos aparecem em minoria, além de possuírem níveis de endogamia baixos, resultados esses que demonstram que o

baixo coeficiente de endogamia em sistema de produção de ovinos pode estar associado à dificuldade de escrituração zootécnica, especialmente de genealogia, impedindo o reconhecimento de bons reprodutores, e a utilização e disseminação em excesso como ocorre muito em bovinos com a inseminação artificial em que, a predição genética dos animais é mais acurada e difundida.

Texeira Neto et al. (2013) trabalhando com ovinos da raça Santa Inês encontraram maior coeficiente médio da população endogâmica (12,57%) porém o pedigree era composto por animais nascidos no período de 1976 a 2010. O que foi justificado pelos pesquisadores devido ao uso marcante de dois reprodutores no ano de 1991, o que explicaria a elevação dos níveis endogâmicos.

Tabela 1: Frequência de animais endogâmicos de acordo com níveis de F da população endogâmica.

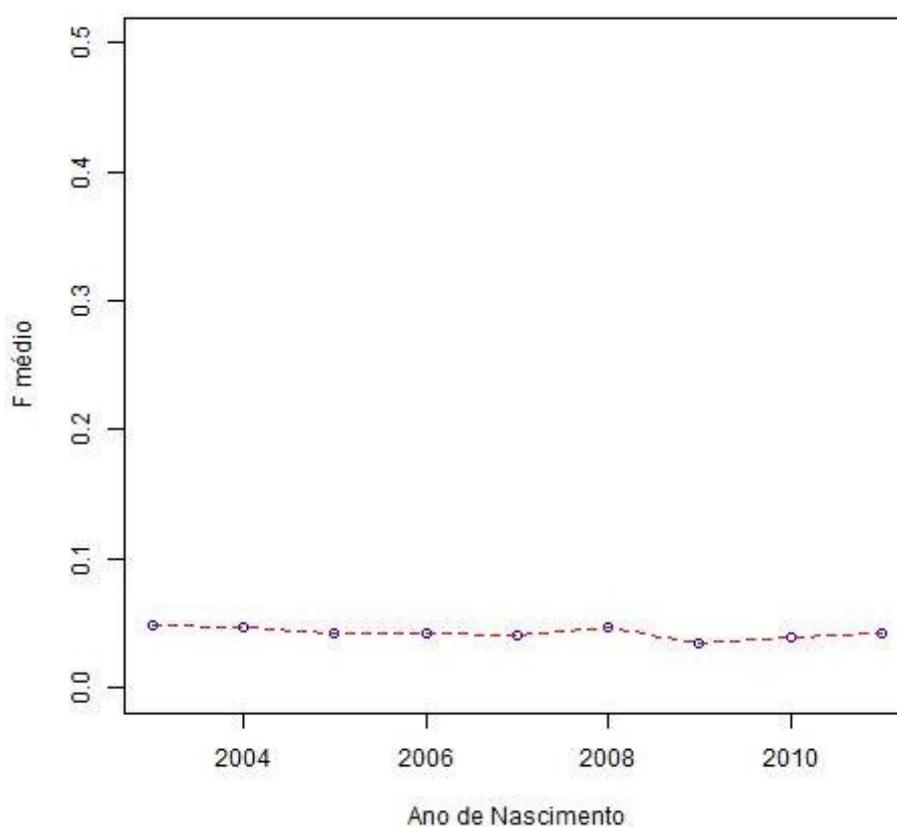
Nível endogâmico (%)	Número de animais	% de animais
0 - 5	6079	50,49
5 - 10	2380	19,76
10 - 15	1526	12,67
15 - 20	803	6,66
20 - 25	416	3,45
25 - 30	593	4,92
30 - 35	164	1,36
35 - 40	44	0,37
40 - 45	21	0,17
45 - 50	3	0,02
50 - 55	6	0,04
55 - 60	4	0,03

Fonte: Dados da pesquisa do autor

Também foi constatado na análise de pedigree (Tabela 2) que os valores de F da população endogâmica, por geração, apresentaram-se maiores até a quarta geração, indicando que inicialmente o número reduzido de ancestrais conhecidos, pode ter influenciado nesse parâmetro.

O coeficiente de parentesco médio obtido foi de 3,1% representando uma porcentagem baixa concordando com o coeficiente de endogamia, o que pode ser explicado pelo fato do sêmen de ovinos não ser propagados por outros rebanhos como acontece em bovinos, normalmente em ovinos acontece a troca de reprodutores depois de certo tempo, mas o mercado de sêmen não é difundido e abrangente.

Figura 2: Variação dos coeficientes médios de endogamia (F) da população em % entre os anos 2003 e 2011.



Fonte: Dados da pesquisa do autor

Tabela 2: Número de animais endogâmicos, coeficiente de endogamia (F) médio dos animais endogâmicos por geração do pedigree de ovinos da raça Santa Inês.

Número de indivíduos		
Número de gerações	endogâmicos	F%
8	11996	7,944

7	11887	8,004
6	11580	8,114
5	10469	8,927
4	8531	8,927
3	5240	11,036
2	1949	16,130

Fonte: Dados da pesquisa do autor

3.4 INTERVALO DE GERAÇÕES

O intervalo de gerações é uma medida importante, pois mede o tempo de permanência dos mesmos reprodutores na população. Quanto, menor o intervalo maior o ganho genético esperado. Os intervalos de gerações para as quatro passagens gaméticas foram similares para todas as vias. Isso pode ter ocorrido em consequência de reposição simultânea de reprodutores e matrizes nos rebanhos. O intervalo de 5,75 anos (Tabela 3) foi maior quando comparado ao resultado obtido por Texeira Neto et al. (2013) que foi de 3,22 anos e os descritos por Pedrosa et al. (2010) que foi de 3,70 anos para a raça Santa Inês. Contudo, o intervalo de gerações também pode ser influenciado por tempo de permanência dos animais no rebanho, idade de início de atividade reprodutiva e intervalo de partos fatores esses que podem explicar os resultados obtidos por esses autores.

Tabela 3: Intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas e intervalo de geração médio em anos, considerando a população total de ovinos.

População	Passagem gamética				Média
	Pai - filho	Pai - filha	Mãe - filho	Mãe - filha	
Total	5,69	5,71	5,8	5,8	5,75

Fonte: Dados da pesquisa do autor

A Tabela 4 mostra que à medida que os animais vão sendo reconhecidos como bons reprodutores o intervalo de tempo que permanecem no rebanho aumenta, e sendo os que mais deixam descendentes que provavelmente farão parte

da próxima geração. A idade de início da atividade reprodutiva e intervalo entre partos também influenciam diretamente no tempo de permanência desses animais. Isso uma baixa taxa de reposição de reprodutores nos rebanhos. Ressalta-se que quanto menor o intervalo de geração maior é o ganho genético anual esperado para as características selecionadas (CARNEIRO et al., 2010). Esse aumento no intervalo de tempo de permanência desses animais prejudica diretamente o futuro do ganho genético anual.

Tabela 4: Intervalo de geração médio em anos considerando a população total de ovinos.

Ano	Descendentes	
	Macho	Fêmea
2003	3,00	3,00
2004	3,92	3,96
2005	4,70	4,66
2006	4,99	5,28
2007	5,56	5,79
2008	6,46	6,11
2009	6,72	7,47
2010	7,44	6,96
2011	8,43	8,20

Fonte: Dados da pesquisa do autor

3.5 NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES

A população estudada apresentou no total 2175 reprodutores com pai e mãe desconhecidos (fundadores). O número efetivo de fundadores (f_e) 124 foi menor ao ser comparado aos 2175 animais da população fundadora (N_f), demonstrando que menos de um terço do número efetivo de fundadores continuam contribuindo na população estudada.

A grande diferença entre o número efetivo de fundadores (f_e) e população fundadora (N_f), também é um indicativo da perda da diversidade genética,

apontando que as contribuições dos fundadores para as populações de referências são de intensidade distinta, causando perda da diversidade genética provavelmente por conta do uso de poucas linhagens paternas.

Tabela 5: Parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene.

Variável	População
Número de fundadores (Nf)	2175
Número efetivo de fundadores (f_e)	124,6
Número efetivo de ancestrais (f_a)	86
Número de genomas remanescentes (f_g)	37.42
(f_e / f_a)	1,4
(f_g / f_e)	0,30

Fonte: Dados da pesquisa do autor

3.6 NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS E RAZÃO ENTRE O NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES E O NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS

Já a relação entre o número efetivo de fundadores (f_e) e número efetivo de ancestrais (f_a) também é um indicativo da perda da diversidade genética, quanto mais distante de 1 esse valor maior é o indício de deriva genética. O valor encontrado de 1,4 demonstra que não houve desaparecimento de grande números de ancestrais. Em que ovinos quando comparado aos bovinos, o uso do sêmen de reprodutores é menos intenso.

Segundo Boichard et al. (1997) o número efetivo de fundadores pode ser superestimado quando o pedigree contém informações incompletas. Esta superestimativa é menos intensa na estimativa do número efetivo de ancestrais, porque considera número de ancestrais fundadores ou não necessários para explicar a diversidade genética total da população em estudo. Porém, o valor mais acurado para explicar a diversidade genética de uma população é o número de genomas remanescentes, pois considera os alelos que se mantiveram na população, descontando perda de alelos por segregação.

A razão entre número de genomas remanescentes (f_g) e o número efetivo de fundadores (f_e) igual a 0.30 (Tabela 5) indica a dimensão da deriva genética, pois quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações, quanto mais distante de 1, maior esse processo. Ou seja, o número efetivo de fundadores é maior do que genomas remanescentes e, portanto, os reprodutores não estão sendo utilizados na mesma intensidade e apenas aqueles com maior número de filhos conseguem preservar seus genomas durante as gerações.

Os resultados mostram que os níveis de endogamia na população são baixos, mas a baixa taxa de escrituração zootécnica pode ter influenciado diretamente na endogamia. O uso dos mesmos reprodutores por muito tempo nos rebanhos requerer monitoramento. Isso pode acontecer, pois, quando programas de melhoramento identificam animais com alto valor genético aditivo os produtores tendem a usar mais esses indivíduos e por mais tempo, o que pode proporcionar queda da diversidade genética. Portanto, se faz necessário o planejamento do uso racional de reprodutores, evitando assim futuros problemas para ganhos genéticos em programas de melhoramento.

4 CONCLUSÕES

Na população de ovinos da raça Santa Inês estudada a variabilidade genética permitirá a obtenção de ganhos genéticos adequados nas características de importância econômica.

REFERÊNCIAS

- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v.29, p.5-23. 1997.
- BOICHARD, D. Pedig: afortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 7., 2002, Montpellier. Proceedings. Montpellier: **Institut National de la Recherche Agronomique**, p.13-28, 2002.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: Simpósio Nordeste de Produção Animal, Mossoró, 6, 2010. Mossoró. **Anais...** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2010.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**, 4 ed. Longman, Harlow, UK. 1996.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros Populacionais do Rebanho Gir Mocho Registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p.1984-1988, 2001
- GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ALVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, n.1, p.3-14, 2010.
- IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**, 2014.
- LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, n. 8, p. 111–123, 1989.
- LÔBO, R.N.B. **Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte**. GENECOC. 2003. Embrapa Caprinos: Sobral, CE. <http://srvgen.cnpc.embrapa.br/pagina/principal.php>
- MACCLUER, J.W.; BOYCE, A.J.; DYKE, B.; WEITKAMP, L.R.; PFENNIG, D.W.; PARSONS, C.J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred. **Journal of Heredity**, v.74, p.394-399, 1983.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, J.C. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.2, p.215-220, 2008.

MEUWISSEN , T.I.; LUO , Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.305-313,1992. DOI: 10.1186/12979686244305.

PAIVA , S.R.; Facó , O.; FARIA , D.A. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, p.1449- 1457, 2011. DOI: 10.1007/s112500118736.

PEDROSA, V.B; SANTANA JUNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; Eler, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v.93, p.135-139, 2010.

SOUSA, W.H.; MORAIS, O.R. Programa de melhoramento genético para ovinos deslanados do Brasil: ovinos da raça Santa Inês. In: SINCORTE, 1., 2000. João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, p.223-229, 2000.

TEIXEIRA NETO ; CRUZ, J.F. da; RAMOS, A.A.; CARNEIRO; MALHADO, C.H.M; H H N, FARIA Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. **Pesq. Agropec. Bras.** v.48, n.12,p.1589-1595, dez. 2013

VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C.U. et al. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v.29,p.482-485, 2006.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationships. **American Naturalist**, v.56, p.330-338, 1921.

CAPÍTULO 3 - ANÁLISE DE PEDIGREE E VARIABILIDADE GENÉTICA DO NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS OVINAS NO NORDESTE DO BRASIL

RESUMO

As raças ovinas deslanadas são parte do patrimônio genético do Brasil, formado por animais adaptados ao semiáridas nordestino e com potencial de produção de carne e pele. Esse estudo avaliou a estrutura genética e variabilidade genética do núcleo de conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos, localizada na cidade de Sobral, região norte do estado do Ceará. Os dados estão armazenados no Sistema de Gerenciamento de Rebanhos (SGR) do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de corte – GENECOC[®]. Foram estimados os parâmetros populacionais com dados genealógicos de 904 indivíduos da raça Santa Inês, 972 indivíduos da raça Somalis e 1372 indivíduos da raça Morada Nova de animais nascidos entre os anos de 1992 a 2015. Os coeficientes de parentesco médio (AR) foram de 5,17%, 4,98% e 4,98% e os coeficientes de consanguinidade (F) foram de 1,81%, 0,78% e 0,78% respectivamente. O intervalo de gerações (IEG) foi de 3,54, 3,40 e 4,08 anos e o tamanho efetivo médio (N_e) por geração foi de 30, 15 e 35 animais, sendo que o número efetivo de animais fundadores (f_e) de 29,54, 38,60 e 29,43 e o número efetivo de ancestrais (f_a) foi igual (17, 13 e 19). Dentre os ancestrais, apenas 7 indivíduos Santa Inês, 5 Somalis e 10 Morada Nova foram responsáveis por 50% da variabilidade genética das populações, o que indica perda de alelos de origem. Observa-se baixa contribuição dos animais fundadores ao longo das gerações. Os valores do coeficiente de endogamia de Wright indicam subdivisão da população em linhagens. Em geral, a consanguinidade e os valores médios do coeficiente de parentesco foram baixos e a variabilidade genética considera alta.

Palavras Chaves: Ancestrais. Depressão endogâmica. Genealogia. Ovinocultura. Tamanho efetivo.

ABSTRACT

The woolless sheep breeds are part of the genetic heritage of Brazil, formed by animals highly adapted to semi-arid Northeast and high capacity of production of meat and skin. This study evaluated the genetic structure and genetic variability conservation nucleus of Embrapa Goats and Sheep, located in Sobral, northern region of the state of Ceará, in the controlled breeding program of goats and sheep cutting - GENECOC. The population parameters were estimated genealogical data of 904 individuals Santa Ines, 972 individuals of Somalis breed and 1372 individuals of the Morada Nova breed animals born between the years 1992-2015. Average parentage coefficients (AR) were 5.17%, 4.98% and 4.98% and inbreeding coefficient (F) were 1.81%, 0.78% and 0.78% respectively. The generation interval (IEG) was 3.54, 3.40 and 4.08 years and the mean effective size (N_e) per generation was 30, 15 and 35 animals, with the effective number of founder animals (f_e) of 29.54, 38.60 and 29.43 and the effective number of ancestors (f_a) was equal (17, 13 and 19). Among the ancestors, only 7 individuals Santa Ines, 5 Somalis and 10 Morada Nova accounted for 50% of the genetic variability of populations, indicating loss of original genes. It is observed low contribution of animal founders over the generations. The values of Wright's inbreeding coefficient indicates subdivision of the population lineages. In general, inbreeding and the mean values of inbreeding coefficient were low and the genetic variability considered high.

Keywords: Ancestors. Inbreeding depression. Genealogy. Sheep industry. Effective size.

1 INTRODUÇÃO

O conhecimento da variabilidade genética entre e dentro de populações tem recebido crescente atenção nos últimos anos. Sendo imprescindível conhecer os diferentes fatores que interferem potencialmente na estrutura das populações, principalmente quando essas raças fazem parte do patrimônio genético de uma dada região. Identificar os valores diferenciais e promover o crescimento das raças nacionais através da seleção intra-rebanho é um dos maiores desafios para o Brasil

A região Nordeste possui diversas raças de ovinos que se desenvolveram a partir de animais trazidos pelos colonizadores. Estas raças foram submetidas à seleção natural ao longo das gerações, desenvolvendo características específicas de adaptação a diferentes ambientes. A partir do início do séc. 19 houve a introdução de diversas raças comerciais. Devido aos cruzamentos indiscriminados ou substituição por raças importadas de alta produção, se tem observado a diminuição da população desses animais localmente adaptados.

Nas pequenas populações, como é o caso das raças nativas, a consanguinidade, necessariamente, aumenta a cada geração uma vez que os reprodutores possuem ascendentes comuns. Taxas de consanguinidade superiores a 10% são consideradas perigosas, levando a população à situação de risco (CARDELINO e ROVIRA, 1987).

A variabilidade entre raças pode ser mantida por isolamento geográfico o qual, em populações razoavelmente numerosas não afeta a variação individual dentro da população (CARVALHO, 2000). Por outro lado, a redução do tamanho da população conduz, por efeito de deriva genética e aumento da endogamia, a uma redução dessa variação.

O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificadas as circunstâncias que afetam o histórico genético das populações, bem como possibilita descrever a evolução do nível de endogamia, o relacionamento genético entre os indivíduos e monitoramento da diversidade genética. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, de relevante contribuição genética na população. Todos esses pontos são

fundamentais para traçar objetivos e metas de melhoramento e conservação da diversidade genética de uma população.

Na literatura estão disponíveis vários estudos referentes à estrutura populacional e de variabilidade genética com base na genealogia são realizados (FERNÁNDEZ et al., 2007; REIS FILHO, 2006; CERVANTES, 2008; POGIAN 2008), porém a escassez desse tipo de informação, para as raças nativas,, representa forte entrave para análise de tais populações.

Diante disto, este trabalho teve por objetivo analisar a estrutura populacional de ovinos das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova do Núcleo de Conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos, visando com isso, fornecer informações para futuras melhorias nas práticas de gestão dessa população.

2 MATERIAL E METÓDOS

Os dados utilizados no presente trabalho referem-se à genealogia de animais do núcleo de conservação das raças Santa Inês (906 indivíduos), Somalis (1372 indivíduos) e Morada Nova (972 indivíduos), localizada na cidade de Sobral, região do norte do estado do Ceará, controlados no sistema de Gerenciamento de Rebanhos (SGR), dentro do programa de melhoramento genético de caprinos e ovinos de corte – GENECOC[®], no período de 2001 a 2014.

As informações genealógicas referentes a cada animal consistiram de: raça, identificação do animal, pai, mãe, data de nascimento, sexo e rebanho. As análises para consistência dos dados foram realizadas utilizando o software R e a variabilidade genética de cada população e sua evolução ao longo do tempo foram avaliadas através de indicadores derivados dos dados de pedigree, usando o software ENDOG v 4.5 (GUTIERRÉZ e GOYACHE, 2005). Os parâmetros calculados são apresentados a seguir.

2.1 NÚMERO EFETIVO DE FUNDADORES (f_e) E NÚMERO EFETIVO DE ANCESTRAIS (f_a)

A estimação do número efetivo de fundadores (f_e) foi feita de acordo com Boichard et al. (1997), adotando:

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

em que f_e = número de fundadores e $\sum_{k=1}^f q_k^2$ = somatório da contribuição esperada do número de progênes (q) do fundador (k) na população. O q_k é o coeficiente de parentesco médio do fundador k .

O número efetivo de ancestrais (f_a) foi obtido computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por:

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

onde, q_j é a contribuição marginal do ancestral j, que é a contribuição genética dada por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente.

2.2 ESTRUTURA DO PEDIGREE

A estrutura do pedigree foi avaliada levando-se em consideração as informações contidas no mesmo. O índice de profundidade do pedigree foi identificado de acordo com MACCLUER et al. (1983).

Foram identificados também, o número de gerações completas traçadas (geração mais distante em que todos os pais são conhecidos), o número máximo de gerações traçadas (número de gerações que separa o indivíduo do seu ancestral mais remoto) e o número equivalente de gerações (soma de $(1/2)^n$ onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido) (MAGNEL et al.,1996).

2.3 CONSANGUINIDADE (ΔF)

Para o cálculo do coeficiente de endogamia (ΔF) utilizou-se o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992). Já o aumento da endogamia (ΔF) foi calculado para cada geração através da clássica fórmula:

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

onde, F_t é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração e F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia estimado para a geração anterior.

2.4 ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)

O Índice de Contribuição Genética (ICG) foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores identificados, de acordo com a fórmula proposta por ALDERSON (1992):

$$ICG = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

onde, $p_i = \left[\frac{1}{2}\right]^n$ sendo n= o número de gerações entre o fundador e o animal que está sendo analisado.

Se não houver informações suficientes sobre os progenitores até chegar aos fundadores, o ICG ocorre idêntico para todos os descendentes e se iguala à metade do número efetivo da população.

2.5 COEFICIENTE DE PARENTESCO MÉDIO (AR)

O coeficiente de Parentesco Médio (AR) calcula simultaneamente a consanguinidade e coancestralidade individual (GOYACHE et al., 2003; GUTIERRÉZ et al., 2003). Esse parâmetro foi calculado utilizando-se um algoritmo para obter um vetor \mathbf{c}' definido como:

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

onde: A é o numerador da matriz de parentesco de tamanho n x n. Por outro lado, o numerador da matriz de parentesco pode ser obtido da matriz P onde P_{ij} é igual a 1 se j é pai de i e 0 caso não seja, o que define os pais dos animais (QUAAS, 1976), por meio de:

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

onde I é a matriz identidade e D é uma matriz diagonal com elementos não zero obtidos por:

$$d_{ii} = 1 - \frac{1}{4} a_{jj} - \frac{1}{4} a_{kk}$$

$d_{ii} = 1$, se nenhum dos pais é conhecido;

$d_{ii} = \frac{3}{4}$, se um dos pais é conhecido;

$d_{ii} = \frac{1}{2}$, se ambos os pais são conhecidos.

j e k são os pais do indivíduo i

A partir de [2],
$$\mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} \quad [3]$$

Pré-multiplicando ambos os lados de [3] por $(1/n) \mathbf{1}'$ obtém-se:

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

e usando [1]:

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

Multiplicando \mathbf{c}' entre parênteses e isolando \mathbf{c}' :

$$\mathbf{c}' = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} + \frac{1}{2} \mathbf{c}' \mathbf{P}' \quad [4]$$

O coeficiente de parentesco médio também pode ser usado como medida de endogamia da população, uma vez que leva em conta ambos os coeficientes, a endogamia e o parentesco.

2.6 TAMANHO EFETIVO (N_e)

O tamanho efetivo da população (N_e) foi estimado por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia, entre os períodos estudados, que conforme Falconer e Mackay (1996), é dada por:

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

em que: F_t é o coeficiente médio de endogamia, estimado no segundo período; F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia, estimado no primeiro período, que resultou em:

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

2.7 ÍNDICE DE FIXAÇÃO OU ESTATÍSTICA F

Os índices de fixação de Wrigth (1978) foram calculados de acordo com o proposto por CABALLERO E TORO (2000):

$$F_{IS} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}, F_{ST} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \text{ e } F_{IT} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$$

onde: \tilde{f} e \tilde{F} são, respectivamente, parentesco e o coeficiente de consanguinidade das subpopulações, e \bar{f} , a parentesco média para a metapopulação, de maneira que $(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$.

2.8 INTERVALO ENTRE GERAÇÕES (IEG)

O intervalo de gerações (IEG) é definido pela idade média dos pais ao nascimento de suas progênes. Quando o intervalo de geração é reduzido pela metade, os possíveis ganhos genéticos por ano são duplicados (MALHADO et al., 2008). Em contrapartida, quando se tem grandes intervalos, o ganho genético é diminuído (FARIA et al., 2001). O intervalo médio de gerações foi estimado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, de acordo com a fórmula:

$$\bar{L} = 1/4 (L_{PM} + L_{PF} + L_{MM} + L_{MF})$$

em que:

L_{PM} = o intervalo médio entre pais e filhos;

L_{PF} = o intervalo médio entre pais e filhas;

L_{MM} = o intervalo médio entre mães e filhos;

L_{MF} = o intervalo médio entre mães e filhas

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 ESTRUTURA DO PEDIGREE

Nas Figuras 3, 4 e 5 encontram-se o pedigree dos rebanhos estudados. As informações de pedigree foram semelhantes para as linhas paternas e maternas em todas as raças como pode se observar.

Houve perda de informações de paternidade nas gerações passadas em todas as raças. Dessa forma, foi possível identificar ancestrais até a quinta geração. Da primeira para a segunda geração na raça Santa Inês ocorreu perda de informação, uma vez que 27,67% dos 904 animais não tem informação de pai e 21,79% não tem informação de mãe e 44,55% de avós no pedigree.

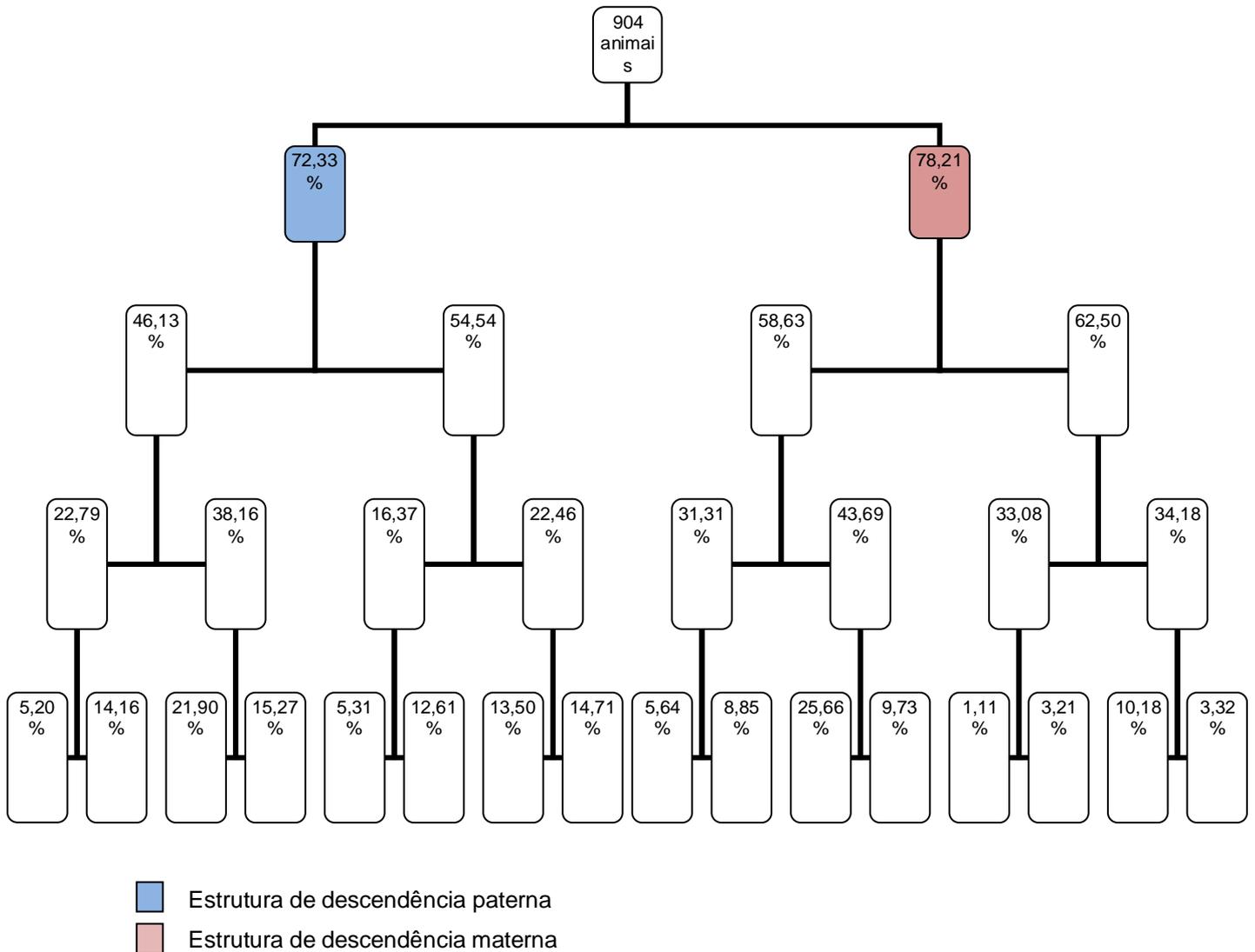
Enquanto a raça Somalis apresentou uma perda de 13,78% para segunda geração e 36,78% para a terceira geração e por fim a raça Morada Nova obteve o decréscimo de 13,48% para a segunda geração e 48,28% para a terceira geração, como pode ser observado nos organogramas.

Texeira Neto et al. (2013) obtiveram na estrutura de pedigree da raça Santa Inês mantida pela Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) perda de 19,14% dos animais que não possuíam informações de pai e mãe e 26,22% de avós, já Facó et al. (2010) também com os animais do Núcleo de Conservação de Ovinos da raça Morada Nova pertencente à Embrapa Caprinos e Ovinos observou de todos os animais apenas 25,2% não tinham informações de pais e 51,8% de avós paternos e maternos, esses números maiores que os encontrados nesse estudo pode estar relacionado ao fato do estudo de Facó possuir um número maior de dados, iniciando suas análises com maior número de gerações.

Essa informação se faz importante porque todos os parâmetros estimados são consequência dessa estrutura, sendo que quanto mais completo for o pedigree, mais precisas serão as estimativas.

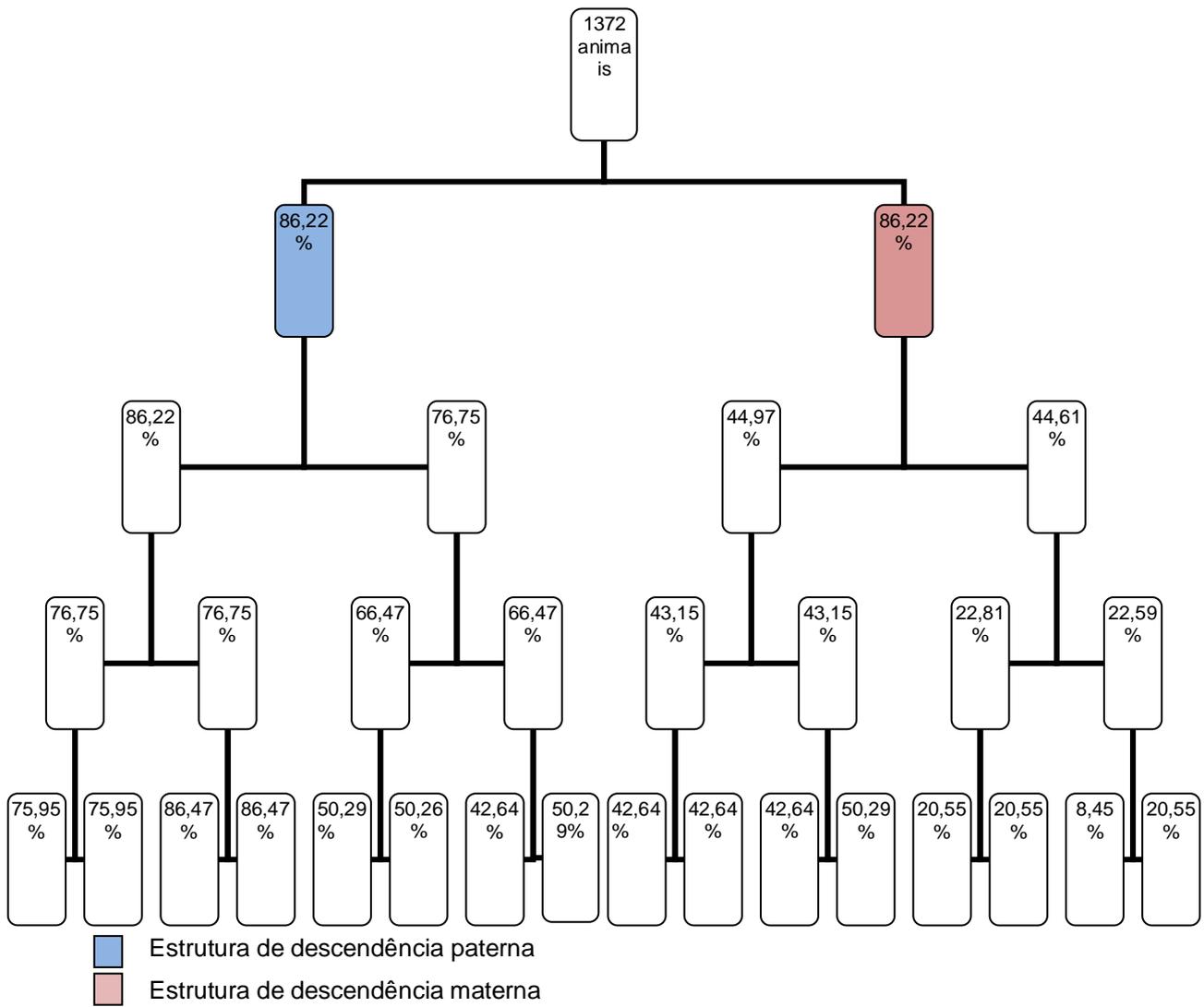
- Santa Inês

Figura 3: Estrutura do pedigree da raça Santa Inês com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.



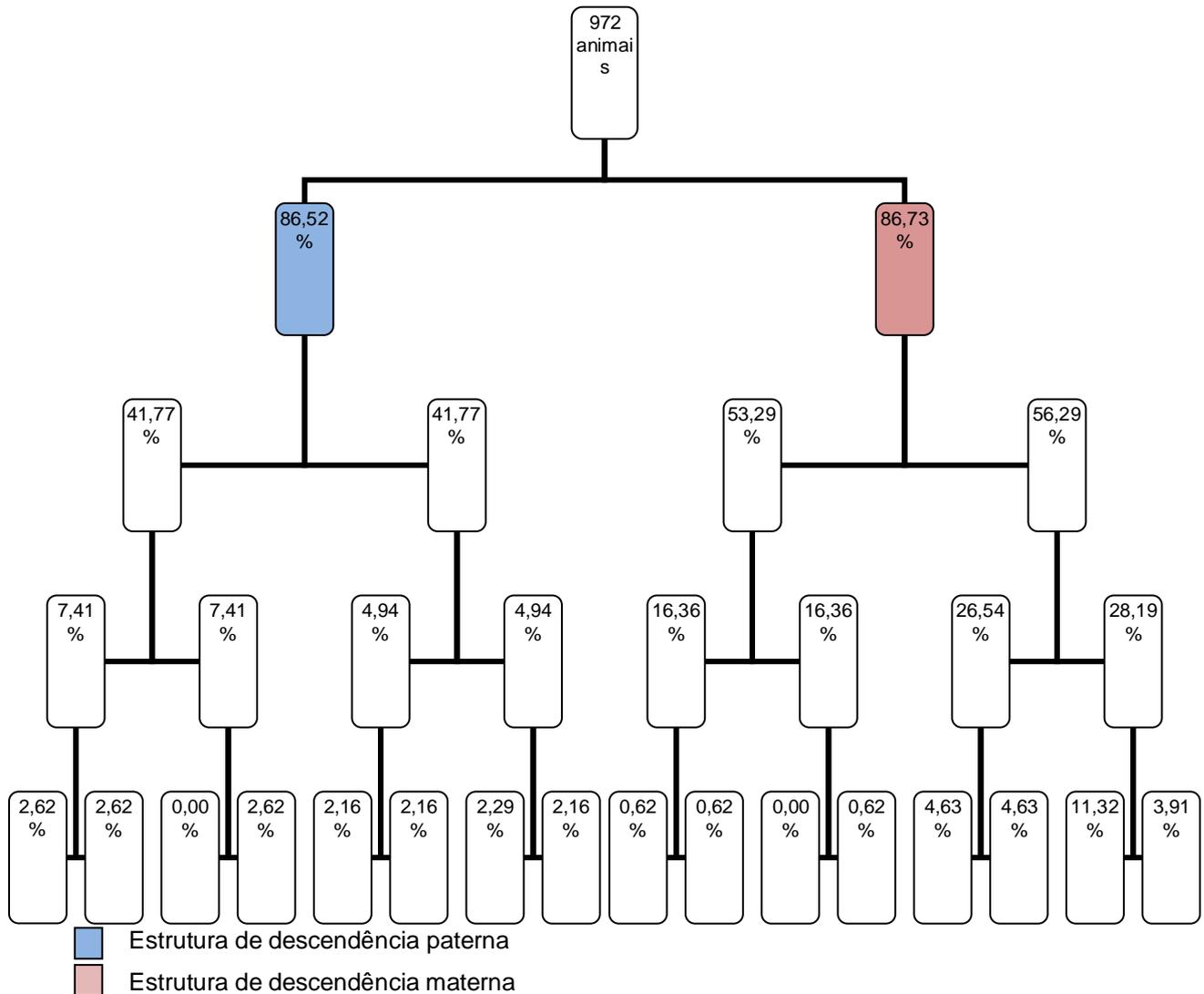
- Somalis

Figura 4: Estrutura do pedigree da raça Somalis com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.



- **Morada Nova**

Figura 5: Estrutura do pedigree da raça Morada Nova com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.



As informações de registros genealógicos da raça Santa Inês, indicaram um máximo de 4,28 gerações, no entanto, a média de número de gerações equivalentes foi de 1,82. Já o rebanho de Morada Nova obteve um máximo de 3,65 gerações equivalentes e média de 1,52. Por fim o rebanho Somalis apresentou um máximo de gerações equivalentes de 5,9 anos e média de 2,78 gerações, possuindo a maior integridade de pedigree em relação aos outros rebanhos o que já poderia ser

esperado, pois a raça possui maior número efetivo de fundadores (38,60) e ancestrais (164) contribuindo população fundadora.

Porém os resultados observados nas figuras demonstraram que o conhecimento do pedigree dos animais elevou-se a cada geração, sendo a porcentagem de pais e mães conhecidos maior em relação às baixas porcentagens conhecidas dos tetravós paternos e maternos.

Fato esse que demonstra o aumento do controle das informações de pedigree ao longo dos anos, sendo importante para a geração de parâmetros mais precisos e confiáveis. Um dos fatores que pode ter contribuído para isto é o aperfeiçoamento do controle dos dados pertencentes ao programa de conservação da Embrapa de Sobral, através informatização e uso de programas de avaliação genética.

3.2 INTERVALO DE GERAÇÕES

As estimativas dos intervalos de gerações (IEG) para as quatro passagens gaméticas são apresentadas na Tabela 6. Observa-se que em todas as passagens os valores foram muito próximos, não havendo diferenciação entre o IEG de machos e fêmeas, indicando que a reposição de reprodutores e matrizes está sendo feita ao mesmo tempo no rebanho. Em rebanhos alvo de programas de conservação essa medida é adequada, pois permite o uso igualitário entre os dois sexos e quanto maior melhor, contanto que haja controle da consanguinidade.

Tabela 6: Intervalo de geração para as quatro passagens gaméticas e intervalo de geração médio em anos, considerando as populações de ovinos.

Passagem gamética	Populações		
	Santa Inês	Somalís	Morada Nova
Pai-filho	2,82	3,01	3,22
Pai - filha	3,02	3,60	3,90
Mãe - filho	3,70	3,27	3,44

Mãe – filha	4,12	3,74	4,44
Média total	3,54	3,40	4,08

Fonte: Dados da pesquisa do autor

3.3 ESTRUTURA POPULACIONAL

A idade média dos progenitores Santa Inês quando os filhos nascem foi de 3,54 anos, sendo maior para as matrizes (4,30 anos) do que para os reprodutores (2,95 anos), assim como no rebanho de Morada Nova com média de 4,13 anos, e as matrizes (4,71 anos) e os progenitores (3,55 anos). Já a raça Somalis apresentou média de 3,47 anos, sendo as matrizes com média de idade menores de 4,01 anos e progenitores 3,23 anos.

Este resultado demonstra que esses progenitores de regime de conservação permanecem em reprodução em média por períodos maiores, o que realmente costuma acontecer em programas de conservação, já que os mesmos visam aumentar o intervalo de gerações, pois segundo (Leon et al., 2005) maiores intervalos de geração aumentam as chances dos indivíduos fundadores contribuírem com seus genes, colaborando assim para o aumento da contribuição genética de diferentes genes nas populações.

Na Tabela 7, é apresentado o resumo da estrutura populacional do rebanhos estudados. Foram determinados a partir da população base, aqueles responsáveis pela variabilidade genética encontrada no rebanho, ou seja, o número de animais fundadores e ancestrais.

O número efetivo de fundadores (f_e) apontou um valor baixo quando comparado ao número total de animais pertencentes à população fundadora de ($N_f = 210 / f_e = 29,54$) em Santa Inês, ($N_f = 189 / f_e = 38,60$) em Somalis e ($N_f = 130 / f_e = 29,43$) para Morada Nova. Esses resultados mostram que em torno de 23% do número fundadores continuam contribuindo nas populações estudadas. O mesmo foi constatado por Texeira Neto et al. (2013) com a raça Santa Inês onde os valores de f_e e f_a também foram menores quando comparados com a população referência, porém a população estudada nesse caso não eram de conservação e sim alvo de programa de melhoramento genético.

A grande diferença entre o número efetivo de fundadores (f_e) e população fundadora (N_f), é um indicativo da perda da diversidade genética, apontando que as contribuições dos fundadores para as populações de referências são de intensidade distinta, causando perda da diversidade genética provavelmente por conta do uso de poucas linhagens paternas (TEXEIRA NETO et al. 2013).

Todos os tamanhos efetivos das populações foram menores que o mínimo recomendado de 50 animais pela FAO (FAO, 1998), para a manutenção da variabilidade genética em médio e longo prazo. O ideal para que não haja perda por depressão endogâmica, seria a introdução de novos reprodutores nessas populações aumentando assim a fluxo de genes. Já Goyache et al., (2003), avaliando a raça ovina Xalda, atribuíram a porcentagem de variabilidade a 13 animais. Ficando claro também nesses estudos as contribuições desequilibradas entre os fundadores que lhes deram origem.

Tabela 7: Parâmetros populacionais dos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova.

Parâmetros	Populações		
	Santa Inês	Somalis	Morada Nova
Número total de animais	904	1372	972
População base	225	194	153
Número de animais da população referência	679	1178	819
Número de ancestrais que deram origem à população referência	91	164	99
Número efetivo de animais fundadores (f_e)	29,54	38,60	29,43
Número efetivo de ancestrais (f_a)	17	13	19
Número de ancestrais que explicam 50% da diversidade genética da população	7	5	10
Coefficiente de Endogamia F (%)	1,81	0,78	0,78
Coefficiente de Parentesco AR (%)	5,17	4,98	4,98

Fonte: Dados da pesquisa do autor

A Tabela 8 demonstra uma contribuição desbalanceada de ancestrais para a diversidade genética das raças. Portanto, acasalamentos devem ser direcionados de forma cuidadosa para evitar problemas relacionados com endogamia. A média do ano de nascimento de todos os ancestrais que contribuíram para a população referência foi de 1999,8 para Santa Inês, 1997,1 para Somalis e 2004 para Morada Nova. Indicando que os primeiros reprodutores nascidos na população foram mais utilizados nas raças Santa Inês e Morada Nova em relação aos reprodutores mais recentes, já a raça Morada Nova apresentou média maior, pois aos ancestrais com maiores contribuições nasceram em maioria no ano de 2008, provavelmente esses reprodutores foram reconhecidos por seu bom desempenho e utilizados mais intensamente a partir desse ano.

Tabela 8: Relação dos 10 ancestrais de maior contribuição nos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova.

	Animal	Ano	Sexo	Contribuição Marginal(%)	Contribuição Acumulada(%)
Santa Inês	101	1997	M	1,39	13,90
	182	1997	M	2,65	26,56
	257	1997	M	3,49	34,96
	267	2006	M	4,01	40,11
	258	1997	M	4,45	44,51
	266	2005	M	4,88	48,84
	256	2005	F	5,23	52,38
	131	2000	M	5,59	55,91
	104	1997	F	5,92	59,29
	99	1997	M	6,26	62,67
Somalis	189	1997	M	2,32	23,21
	193	2002	M	3,32	33,25
	194	1996	M	4,14	41,47
	186	1994	M	4,74	47,40
	197	1998	F	5,11	51,12
	192	1994	F	5,37	53,71

	4	1992	F	5,55	55,58
	26	1999	M	5,71	57,19
	49	2000	F	5,86	58,67
	24	1999	M	6,01	60,10
	108	2002	M	1,88	18,88
	3	1995	M	2,41	24,13
	101	2009	M	2,91	29,18
	18	1998	M	3,34	33,43
Morada Nova	94	2008	M	3,72	37,24
	95	2008	M	4,03	40,39
	119	2009	M	4,34	43,41
	97	2008	M	4,63	46,34
	1	1995	M	4,92	49,25
	96	2008	M	5,19	51,92

Fonte: Dados da pesquisa do autor

A maioria desses animais nasceram nos anos em que se iniciaram os registros e, onde, a relação macho: fêmea encontrava-se em desequilíbrio. Poucos machos foram usados na reprodução de maneira mais intensa, fato que justifica a presença marcante de machos como os principais contribuintes de genes na população da raça Morada Nova, e até mesmo nas raças Santa Inês com 2 fêmeas contribuintes e Somalis com 4 fêmeas ancestrais contribuintes, com a presença de fêmeas, a relação macho: fêmea também se encontra em desequilíbrio.

3.3 ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA (ICG)

O baixo número dos animais fundadores no pedigree dos rebanhos estudados também pode ser constatado ao se avaliar o índice de conservação genética (ICG) (Tabela 9). A população Santa Inês apresentou em média um índice de 3,32, já a média em Somalis foi de 5,38, e por fim a população Morada Nova apresentou o índice de 2,87. O valor ICG representa apenas o número de animais fundadores presentes no pedigree do animal, levantando se em consideração que o número

efetivo de fundadores nas raças Santa Inês (29,54) e Morada Nova (29,43) são menores que o número efetivo de fundadores na raça Somalis (38,60), é realmente muito provável que o número maior de fundadores que ainda estão contribuindo na população seja da raça Somalis.

Tabela 9: Média do Índice de conservação genética nas raças Santa Inês, Somalis, Morada Nova.

Parâmetros	Populações		
	Santa Inês	Somalis	Morada Nova
Índice de conservação genética (ICG)	3,32	5,38	2,87

Fonte: Dados da pesquisa do autor

Os resultados encontrados indicam que grande parte da genética original do rebanho já foi perdida, corroborando com os baixos números efetivos de fundadores e ancestrais. Evidenciando o uso desequilibrado dos animais usados para reprodução no período inicial da conservação. Para que esse problema não aumente os níveis de endogamia e provoquem a perda de variabilidade genética, é aconselhável o uso mais intenso dos animais que apresentam maiores valores de ICG. Essa medida é segundo Almeida (2007), a melhor maneira de manter o maior número de genes dos animais fundadores na composição genética da população no futuro.

3.4 COEFICIENTE CONSANGUINIDADE (F) E DE PARENTESCO MÉDIO (AR)

Mesmo com o uso intenso de determinados reprodutores, os valores médios de consanguinidade (F) e de parentesco médio (AR) (Tabela 10) encontrados nos rebanhos ao longo dos anos foram baixos, não atingindo o valor de F superior a 10%. Segundo Paiva et al. (2011), valores acima deste patamar que representa risco elevado para ocorrência de depressão por endogamia. Vale ressaltar que a quase inexistência de consanguinidade individual não se deve apenas ao fato de não haver animais consanguíneos dentro do rebanho, mas também, pela impossibilidade de

estimar este parâmetro, uma vez que, durante os primeiros anos o volume de informação das relações de parentesco existentes dentro do rebanho foi escasso.

O coeficiente de parentesco médio (AR) entre os indivíduos da população apresentou alterações expressivas ao longo dos anos, com valores mais baixos nas primeiras gerações. Apresentando incrementos graduais, alcançando valores maiores. Em todo o período estudado, o maior AR médio foi de 5,17% na população Santa Inês, o que pode estar relacionado com o menor tamanho da população quando comparado as outras.

Na Tabela 10, encontram-se os valores médios de consanguinidade (F) e do coeficiente médio de parentesco (AR) de acordo com as gerações estudadas. Observa-se aumento de F e AR ao longo das gerações.

Os baixos valores de AR verificados nos primeiros anos de formação da raça Santa Inês foram, provavelmente, consequência do reduzido número de gerações conhecidas 1,21 como pode ser visto na (Tabela 11), fato este que pode explicar também o aumento do AR já na primeira geração devido a ausência de ancestrais conhecidos. O coeficiente de relação pode mostrar diferentes tendências e evolução ao longo das gerações em função da quantidade de informações do pedigree (ORAVCOVÁ, MARGETÍN, 2011).

Tabela 10: Valores de consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco médio (AR) dos rebanhos Santa Inês, Somalis e Morada Nova por número de gerações conhecidas.

	Geração	N	F(%)	AR (%)
Santa Inês	0	195	0	0,45
	1	88	0	4,04
	2	103	1,9	4,94
Somalis	0	184	0	0,54
	1	134	0	1,17
	2	10	2,5	6,03
Morada Nova	0	107	0	0,89
	1	185	0	2,01
	2	288	1,21	7,16

N= número de animais

F= coeficiente de endogamia
 AR= coeficiente de parentesco
 Fonte: Dados da pesquisa do autor

O pequeno número de animais ao decorrer das gerações, pode provocar incrementos de F e de AR, principalmente em rebanhos pequenos como estes de conservação. Porém, com o decorrer das gerações torna-se possível ter controle dos pedigrees aumentados a acurácia das estimativas de consanguinidade. O que pode contribuir para o direcionamento dos acasalamentos de indivíduos com menores AR.

O incremento da consanguinidade e o número efetivo calculados para os diferentes tipos de gerações traçadas estão na Tabela 11. Os valores de F encontram-se baixos para as diferentes gerações. Isto é consequência do alto número efetivo, já que este parâmetro é inversamente proporcional a taxa de variação da endogamia.

Tabela 11: Número médio de gerações traçadas, incremento da consanguinidade (F) e número efetivo (N_e), para cada tipo de geração considerada.

	Tipos de Gerações	Número médio	F(%)	N_e
Santa Inês	Completas ¹	1,21	1,64	30,49
	Máximas ²	3,13	0,63	79,41
	Equivalentes ³	1,81	1,29	38,63
Somalis	Completas ¹	1,51	3,26	15,34
	Máximas ²	4,20	1	49,79
	Equivalentes ³	2,79	1,90	26,31
Morada Nova	Completas ¹	1,12	1,42	35,16
	Máximas ²	2,21	0,19	258,08
	Equivalentes ³	1,52	0,80	62,75

¹ Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

² Número de gerações que separa o indivíduo do seu ancestral mais remoto.

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

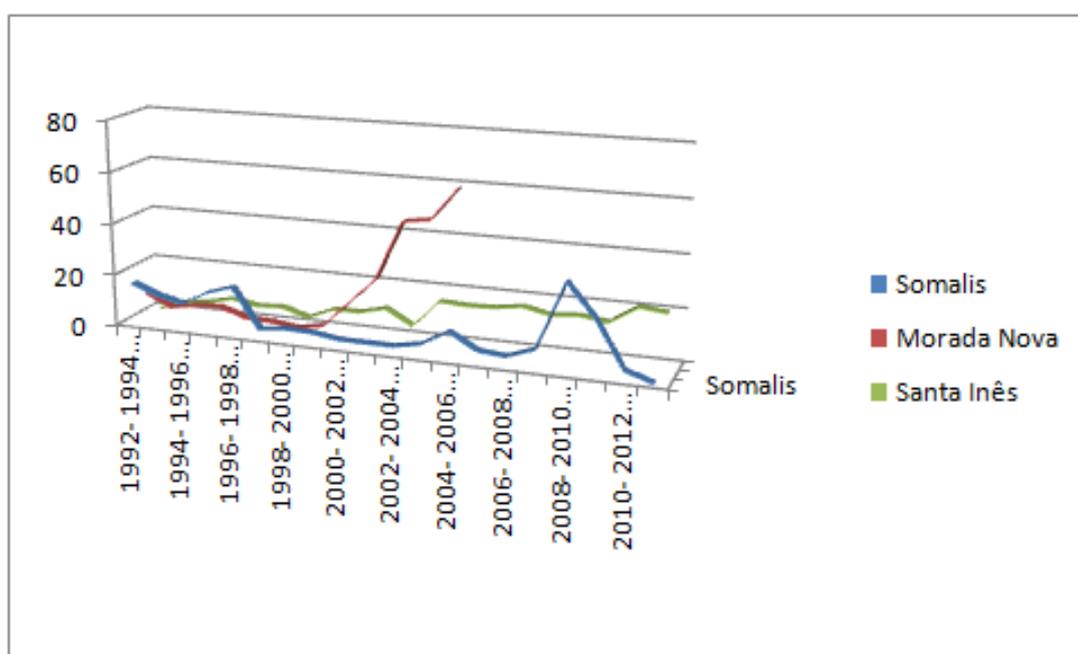
Fonte: Dados da pesquisa do autor

Quanto maior o número de ancestrais conhecidos através das gerações, maior a probabilidade de ser detectado aumento de consanguinidade. Exatamente pelo conhecimento relativamente bom das informações de parentesco, os maiores valores de F encontrados foram nas gerações completas. Por outro lado, o número baixo de gerações máximas foram encontrados provocaram valores menores de F . Para as gerações equivalentes, os valores encontrados foram intermediários, uma vez que seu cálculo considera todos os ancestrais conhecidos e não somente os conhecidos ou mais remotos.

Os valores de N_e oscilaram concomitantemente com as oscilações ocorridas nas taxas de consanguinidade, já que este parâmetro é calculado em função de F e, ambos são inversamente proporcionais.

O tamanho efetivo (N_e) apresentou valor zero nos primeiros anos de formação dos rebanhos Santa Inês e Morada Nova, mas no decorrer das gerações houve incremento gradual, alcançando valores máximos nas últimas gerações (Figura 6). Esse incremento pode ser atribuído à baixa ocorrência de acasalamento endogâmicos. Já a população Somalis apresentou valores de N_e baixos logo nos primeiros anos de formação, porém ao percorrer das gerações houve oscilação desse valor, demonstrando o uso mais intenso dos primeiros indivíduos dessa população.

Figura 6: Variação do tamanho efetivo por intervalo de geração das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova



As estatísticas F de Wright (Tabela 12), para toda a população de Santa Inês, dadas pelos parâmetros Fis, Fst e Fit. Os valores de Fis, que medem o desvio da casualidade nos acasalamentos, foram negativos e próximos a zero, e indicam que os níveis de variabilidade genética dos rebanhos são altos, já que tais valores indicam um excesso de animais heterozigotos. Revelou também um pequeno predomínio de acasalamentos entre subpopulações (linhagens paternas) que contribuiu para minimizar a endogamia

Tabela 12: As estatísticas F de Wright para as populações Santa Inês, Somalis e Morada Nova.

	Santa Inês	Somalis	Morada Nova
Fis	-1,000000,	-1,000000	1,0000000
Fst	0,496043	0,489801	0,4912117
Fit	- 0,007914	-0,020397	- 0,017567

Fonte: Dados da pesquisa do autor

Esse resultado está em desacordo com a estreita base genética encontrada no rebanho, que deveria levar a altos níveis de consanguinidade. Uma explicação para isso pode ser dada pela possível introdução de animais de fora no rebanho.

Os índices F_{st} calculados demonstram que há diferenciação entre as linhagens paternas com formação de subpopulações, o que era esperado já que parte 50% a diversidade genética dos rebanhos foi determinada pela contribuição de poucos animais nas três raças.

4 CONCLUSÕES

Os baixos coeficientes de relação e endogamia presentes nas populações estudadas podem ser atribuídos à ausência de estruturação e da tendência de elevação do tamanho efetivo das populações. A taxa de endogamia média vem diminuindo de um ano para outro, resultado este, que pode ser explicado pelo manejo eficiente dos rebanhos Morada Nova e Santa Inês. Valores, que podem ser úteis para o estabelecimento de um plano de gestão genética para os rebanhos.

REFERÊNCIAS

- ALDERSON, L. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small population. In: **Genetics conservation of domestic livestock**. Wallingford: C.A.B International, v.2, p.18-29. 1992
- ALMEIDA, M; J; O. **Caracterização de caprinos da raça Marota no Brasil**. Areia: UFPB, 2007, 150p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Centro de Ciências Agrárias/Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2007.
- BOICHARD D, MAIGNEL L, AND VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic Selection Evolution**, n.29, p. 5-23, 1997.
- CABALLERO, A.; TORO, M. A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics Research**, v. 75, p. 331 – 343, 2000.
- CARDELINO, R; ROVIRA. **Mejoramiento Genético Animal**. Montevideo, p.253, 1987.
- CARVALHO, J. H. de. Conservação de recursos genéticos de animais domésticos do Nordeste. In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, 2. Teresina. **Anais...** Teresina: Sociedade Nordestina de Produção Animal; Embrapa Meio Norte, 2000, v. 1, p.65-70.
- CERVANTES, I.; MOLINA A.; GOYACHE F.; GUTIÉRREZ J.P.; VALERA, M. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. **Livestock Science**, v.113, p. 24-33. 2008.
- FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; LÔBO, R. N. B.; VILLELA, L. C. V.; IANELLA, P.; CAETANO, A. R. Ciência e tecnologia na pecuária de caprinos e ovinos. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 311-337, 2010.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4ed. New York: Longman Group Ltd. 1996, p. 464.
- FAO. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. **FAO**, Rome, Italy, 1998.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros Populacionais do Rebanho Gir Mocho Registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.6, p.1984-1988, 2001 (suplemento).

FERNÁNDEZ, M.; JUSTO, J.R.; RIVERO, C.J.; ADÁN, S.; ROIS, D.; LAMA, J. Análisis de la información genealógica en las razas bovinas morenas gallegas. **Archivos de Zootecnia**, n. 56, p. 607-615, 2007.

GOYACHE, F; GUTIÉRREZ, J.P; FERNÁNDEZ, I; GÓMEZ, E; ALVAREZ, I; DÍEZ, J; ROYO, L. J. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal Animal Breeding Genetics**, n.120, p. 95-103, 2003.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetic Selection Evolution**, n.35, p. 43–64, 2003.

GUTIERREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005.

LEÓN, J.M.; LOZANO, J. M.; MARTÍNEZ, E.; MARTÍNEZ, A.; CABELLO, A.; et al. Análisis demográfico de la cabra granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. **Archivos de Zootecnia**, n.54, p. 311-315. 2005.

MACCLUER, J., BOYCE, B., DYKE, L., WEITZKAMP, D., PFENNING, A., PARSONS, C. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal Heredity**, n.74, p. 394-399, 1983.

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

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n. 2, p. 215- 220, 2008.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetic Selection Evolution**, v.24, p. 305-313. 1992.

ORAVCOVÁ, M.; MARGETÍN, M. Preliminary assessment of trends in inbreeding and average relatedness of the former valachian sheep. **Slovak Journal of Animal Science**, v.44, n.3, p.90-96, 2011.

PAIVA, S.R.; FACÓ, O.; FARIA, D.A. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, p.1449–1457, 2011.

POGGIAN, C. F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para a produção de leite**. Juiz de Fora: ICB/UFJF, 2008, 58p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas)- Instituto de Ciências Biológicas/Universidade Federal de Juiz de Fora, 2008.

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

REIS FILHO, J. C. **Endogamia na raça Gir**. Viçosa: UFV, 2006, 49p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento)- Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2006.

TEIXEIRA NETO ; CRUZ, J.F. da; RAMOS, A.A.; CARNEIRO; MALHADO, C.H.M; H H N, FARIA Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. **Pesq. Agropec. Bras.** v.48, n.12,p.1589-1595, dez. 2013.

WRIGHT S. **Evolution and the genetics of populations**: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: Chicago. USA, 1978.