



**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO ANIMAL**  
**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO**  
**ANIMAL – UFERSA/UFRN**

**ENDOGAMIA EM REBANHOS DE CAPRINOS DA RAÇA**  
**SAANEN**

**RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA**

**MOSSORÓ/RN – BRASIL**  
**FEVEREIRO/2016**

RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA

ENDOGAMIA EM REBANHOS DE CAPRINOS DA RAÇA  
SAANEN

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural do Semiárido – UFERSA, Campus de Mossoró, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Produção Animal.

Orientador: Prof. Dr. Olivardo Facó  
Co-Orientador: Prof. Dr. José Ernandes R. de Sousa

MOSSORÓ–RN – BRASIL  
FEVEREIRO – 2016

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do(a) autor(a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996, e Direitos Autorais Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tomar-se-á de domínio público após a data da defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu(a) respectivo(a) autor(a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
BIBLIOTECA CENTRAL ORLANDO TEIXEIRA - CAMPUS MOSSORÓ  
Setor de Informação e Referência

P142e Paiva, Renato Diógenes Macedo.

Endogamia em rebanhos caprinos da raça Saanen / Renato Diógenes Macedo Paiva. - Mossoró, 2016.  
47f. il.

Orientador: Dr. Olivardo Facó  
Co-Orientador: Prof. Dr. José Emandes Rufino de Sousa

Dissertação (MESTRADO EM PRODUÇÃO ANIMAL) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido. Pró-Reitoria de Pesquisa e Pós-Graduação

1. Caprinos. 2. Consanguinidade. 3. Depressão endogâmica. 4. Produção de leite. 5. Raça Saanen. I. Título

RN/UFERSA/BOT/007

CDD 636.39


RENATO DIÓGENES MACEDO PAIVA

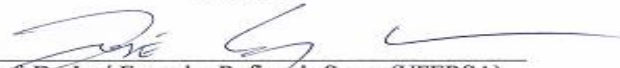
ENDOGAMIA EM REBANHOS DE CAPRINOS DA RAÇA  
SAANEN

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural do Semiárido – UFERSA, Campus de Mossoró, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Produção Animal.

APROVADA EM 25/02/2016

BANCA EXAMINADORA:

  
Prof. Dr. Olivardo Facó (Embrapa Caprinos e Ovinos)  
Orientador

  
Prof. Dr. José Ernandes Rufino de Sousa (UFERSA)  
Co-Orientador

  
Prof. Dra. Elizângela Emídio Cunha (UFRN)  
Examinadora

Aos meus pais, Maria Goretti e Paulo Cezar, por todo carinho, incentivo e apoio em minhas escolhas.

Dedico.

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por me amparar nos momentos difíceis e me fortalecer para que eu conseguisse superar as dificuldades e terminar este trabalho, o que considero mais uma etapa na construção do conhecimento.

A CAPES, pelo concedimento de bolsa de estudo.

Ao Prof. Dr. Olivardo Facó, pela humildade, paciência e atenção em me orientar.

Ao Prof. Dr. José Ernandes Rufino de Sousa, pela orientação, sempre disponível para ajudar.

Ao Prof. Dr. Vítor de Oliveira Lunardi, pelos seus ensinamentos e contribuição a este trabalho.

A Prof<sup>a</sup>. Dra. Elizângela Emídio Cunha, pela contribuição a este trabalho, pelos ensinamentos lá na UFRN.

Aos professores do PPGPA.

Aos meus pais, aos quais dedico este trabalho.

A Samea Rafaela Lopes da Silva, por me entender, pela paciência, companheirismo, cumplicidade.

Muito Obrigado!

## ENDOGAMIA EM REBANHOS DE CAPRINOS DA RAÇA SAANEN

PAIVA, Renato Diógenes Macedo. ENDOGAMIA EM REBANHOS DE CAPRINOS DA RAÇA SAANEN. 2016. 47f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal: Caracterização, Conservação e Melhoramento Genético de Recursos Locais) – Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), Mossoró-RN, 2016.

### Resumo

A raça de caprinos Saanen está presente em todos os países que têm uma caprinocultura leiteira razoavelmente desenvolvida, sendo a raça predominante nos criatórios e de maior média de produção de leite. Objetivou-se com este estudo avaliar a estrutura populacional e o efeito da endogamia sobre a produção de leite até os 305 dias de lactação e a duração da lactação em cabras da raça Saanen pertencentes a rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (Capragene®). Os parâmetros populacionais avaliados foram o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ), tamanho efetivo ( $N_e$ ), coeficiente de endogamia (F), incremento individual de endogamia ( $\Delta F_i$ ), coeficiente médio de parentesco (AR), a integridade dos *pedigrees* e as estatísticas F de Wright. O efeito da endogamia foi verificado pelo teste t, avaliando-se contraste por meio de uma sub-rotina do aplicativo MTDFREML. Foram utilizados dados de *pedigree* de 7.640 animais e informações de 3.548 lactações pertencentes a 2.154 cabras. Os coeficientes de F e AR médios da população foram de 1,48% e 0,78%, respectivamente. Já o tamanho efetivo foi de 39,69, considerando a geração equivalente completa. O número efetivo de animais fundadores ( $f_e$ ) e de ancestrais ( $f_a$ ) foi de 123 e 101 respectivamente, o que indica perda de genes de origem. De todos os ancestrais, apenas 39 foram responsáveis por explicar 50% da variabilidade genética da população. Quanto à integridade dos *pedigrees* foram identificados 80,13% de animais como pais (reprodutores) e 79,02% como mães. As estatísticas F de Wright,  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  e  $F_{IT}$ , foram -0,017, 0,028 e 0,011 respectivamente, indicando a ausência de subestruturação da população. Não houve efeito significativo da endogamia sobre a duração da lactação ( $P>0,05$ ). A produção de leite até os 305 dias de lactação foi afetada significativamente pela endogamia, havendo uma redução de 2,31 kg na produção de leite com o incremento de 1% na endogamia individual.

Palavras-Chave: caprinos, consanguinidade, depressão endogâmica, estrutura populacional.

PAIVA, Renato Diógenes Macedo Paiva. INBREEDING IN HERDS OF SAANEN BREED GOATS. 2016. 47f. Master Science in Animal Production: Characterization, Conservation and Breeding of Local Resources - Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), Mossoró-RN, 2016.

ABSTRACT: The Saanen goat breed is present in all countries that have a fairly developed dairy goat and the predominant race in farms and with higher milk production average. The objective of this study was to evaluate the population structure and the effect of inbreeding on the production of milk up to 305 days of lactation and duration of lactation in Saanen goats belonging to participating flocks of Breeding Program of Dairy Goats (Capragene®). The evaluated population parameters were the effective number of founders ( $f_e$ ) and ancestors ( $f_a$ ), effective size ( $N_e$ ), inbreeding coefficient (F), individual increase in inbreeding ( $\Delta F_i$ ), average coefficient of relatedness (AR), the integrity of pedigrees and Wright's F statistics. The effect of inbreeding was verified by t test evaluating contrast through a subroutine MTDFREML application. We used pedigree data from 7,640 animals and 3,548 lactation information pertaining to 2,154 goats. The mean AR and F coefficients of the population were 1.48% and 0.78%, respectively. But the effective size was 39,69, from complete equivalent generation. The effective number of founder animals ( $f_e$ ) and ancestors ( $f_a$ ) was 123 and 101 respectively, and fiam all ancestors only 39 were responsible for explaining 50% of the genetic variability within the population, which indicates loss of source genes. As for the integrity of pedigrees were identified 80.13% animals as sires (breeders) and 79.02% as mothers. For subdivision of the population of the values obtained for  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  and  $F_{IT}$  were -0.017, 0.028 and 0.011 respectively, indicating the absence of the population structuring. There was no significant effect of inbreeding on the duration of lactation ( $P>0.05$ ). The production of milk up to 305 days of lactation was significantly affected by inbreeding, with a reduction of 2.31 kg with the increase of 1% in the individual inbreeding.

KEY WORDS: goats, inbreeding, inbreeding depression, population structure



## SUMÁRIO

|   |    |
|---|----|
| INTRODUÇÃO GERAL .....  | 10 |
| CAPÍTULO I - REFERENCIAL TEÓRICO .....  | 11 |
| 1 – PRODUÇÃO DE CAPRINOS NO BRASIL .....  | 11 |
| 2 – RAÇA SAANEN .....   | 11 |
| 3 – ESTRUTURA DE POPULAÇÃO .....  | 12 |
| 3.1 - Concentração de gene de origem .....  | 12 |
| 3.2 - Integridade de <i>pedigree</i> .....  | 13 |
| 3.3 - Coeficiente de Endogamia ou Consanguinidade ( <i>F</i> ).....   | 14 |
| 3.4 - Coeficiente de parentesco médio ( <i>AR</i> ) .....   | 14 |
| 3.5 - Tamanho Efetivo populacional ( <i>Ne</i> ).....   | 15 |
| 3.6 - Estatísticas <i>F</i> de Wright.....  | 16 |
| 4 – Endogamia .....   | 16 |
| 5 – Parâmetros genéticos .....  | 18 |
| 6 – Referencias bibliográficas .....  | 19 |
| CAPÍTULO II - ESTRUTURA POPULACIONAL E EFEITO DA ENDOGAMIA<br>SOBRE A PRODUÇÃO DE LEITE DE REBANHOS DE CAPRINOS SAANEN NO<br>BRASIL ..... | 24 |

## INTRODUÇÃO GERAL

A caprinocultura apresenta crescente importância para a pecuária nacional, sendo uma atividade de potencial e alta rentabilidade, devido a maior utilização do leite de cabra na fabricação de derivados, no uso terapêutico e cosmético. O leite de cabra apresenta similaridade ao leite de vaca, porém com características específicas, como melhor digestibilidade, maior capacidade tamponante e valores terapêuticos na nutrição humana (SILVA et al., 2012).

A raça Saanen é conhecida mundialmente pela sua aptidão leiteira e também pela média de produção elevada quando comparada com outras raças de caprinos leiteiros. São animais naturais do Vale de Saanen, região localizada na Suíça, mas atualmente apresentam distribuição global (SALLES, et. al., 2009). A produção de leite no Brasil pode ser mais eficiente necessitando investir cada vez mais no melhoramento genético do rebanho. Para isso, é crucial que a coleta de informações sobre a estrutura e o progresso genético de uma população em estudo seja minuciosa, utilizando-se de técnicas estatísticas apropriadas para extrair dos dados as informações mais relevantes para a seleção, principalmente através de um programa de melhoramento genético estruturado.

Para contribuir com a superação a entraves tecnológicos que restringem a evolução do mercado e dos sistemas de produção de caprinos de leite, em 2005 foi criado o Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (CAPRAGENE®), executado em parceria entre a Embrapa Caprinos e Ovinos, a Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos de Minas Gerais (Caprileite/ACCOMIG) e a Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos (ABCC), com apoio do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (FACÓ et al., 2011).

Nos últimos anos ocorreram avanços biotecnológicos que, sem dúvida, contribuíram com ferramentas importantes para o melhoramento genético. A utilização destas biotécnicas no sistema de produção animal, ainda é lenta. Entretanto, essas modernas ferramentas têm contribuído para um aumento constante nos níveis de endogamia, pois possibilitam uma maior contribuição de poucos indivíduos de uma população como responsáveis pela reprodução, resultando em elevadas taxas de acasalamento entre parentes.

O principal efeito genético da endogamia é o aumento da homozigose (FALCONER; MACKAY, 1996), que associado ao processo de seleção ou à deriva aleatória, comum em pequenas populações, pode levar à diminuição da variação genética e consequente redução da resposta à seleção.

Apesar dos riscos, acasalamentos endogâmicos vêm sendo utilizados por criadores com o objetivo de obter uniformidade racial e fixação de características que apresentam maior aceitação comercial. Assim, o conhecimento da estrutura de população de rebanhos associados a programas de melhoramento genético torna-se de grande importância, uma vez que permitem o estabelecimento de estratégias de seleção e gerenciamento da variabilidade genética.

Dessa forma, este trabalho propôs-se a avaliar a estrutura populacional de rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (CAPRAGENE®) e mensurar os possíveis efeitos da endogamia sobre as características de produção de leite até 305 dias e duração da lactação.

## CAPÍTULO I - REFERENCIAL TEÓRICO

### 1 – PRODUÇÃO DE CAPRINOS NO BRASIL

A caprinocultura leiteira no Brasil tem aumentado de forma bastante significativa sua participação no cenário agropecuário brasileiro, superando o constante desafio de conquistar e manter novos mercados para o leite de cabra e seus derivados. De acordo com a FAO (2013), o Brasil apresenta um rebanho efetivo de 8.779.215,00 cabeças de caprinos, com uma produção anual de 153.000,00 toneladas de leite. Segundo o IBGE (2013), a região Nordeste apresenta um efetivo de rebanho correspondente a 91,40%, com 8.023.070 cabeças, seguido das regiões Sul com 3,60%, Sudeste com 2,36%, Norte com 1,60% e Centro-Oeste com 1,00%.

O mercado de leite caprino no Brasil está em desenvolvimento e tem apresentado um crescimento expressivo nos últimos anos, especialmente nas grandes cidades. As oportunidades de mercado para esse produto e seus derivados estão aumentando a cada dia. Além da demanda dos consumidores dos grandes centros urbanos, alguns programas governamentais, especialmente da Região Nordeste, vêm induzindo a demanda de leite de cabra através de compras governamentais, com o objetivo de inseri-lo no cardápio da merenda escolar, mas, principalmente, como uma alternativa para geração de emprego e renda para a população e fixação do homem no campo. A produção destes pequenos ruminantes se caracteriza como uma atividade de grande importância cultural, social e econômica para a região, desempenhando um papel crucial no desenvolvimento do Nordeste.

Existem outras bacias leiteiras já consolidadas nas regiões Sudeste e Sul do País. No Sudeste a expressão produtiva se concentra nos Estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro, enquanto que no Sul, o Rio Grande do Sul é o Estado com maior destaque de produção de leite de cabra. Nestes Estados, a maior totalidade do leite produzido tem como destino as usinas de pasteurização e/ou produção de queijos finos. A produção de leite de cabra nas regiões Sul e Sudeste caracteriza-se pelo uso de sistemas de produção intensivos confinados, na sua grande totalidade em pequenas áreas próximas das regiões metropolitanas e centros urbanos. Nesses sistemas, animais de raças leiteiras especializadas (Saanen, Alpina e Toggenburg) ou mestiços destas raças são mantidos em áreas restritas ou galpões, sendo toda a alimentação fornecida no cocho (SILVA, et. al., 2012).

### 2 – RAÇA SAANEN

A raça de caprinos Saanen é originária da Suíça, no vale do Saanen, nos cantões de Berna e Appenzell (JARDIM, 1964), onde as temperaturas médias anuais jamais ultrapassam 9,5°C. A raça tem, portanto, ajustes fisiológicos indicados para as regiões frias. Apesar disso, sua especialização na produção de leite a tornou cosmopolita, sendo a raça caprina leiteira mais criada no mundo (GONZALO; SÁNCHEZ, 2002).

Oficialmente o nome da raça Saanen foi adotado em 1927. Em 1890 foi exportada aos milhares principalmente para a Alemanha, França e Bélgica. Atualmente a Saanen está presente em todos os países que têm uma caprinocultura leiteira razoavelmente desenvolvida, sendo a raça predominante nos criatórios e, de maior média de produção de leite (SALLES, et. al., 2009).

No Brasil houve o cruzamento de cabras nativas e SPRD (Sem Padrão Racial Definido) com animais provenientes de várias importações feitas da Suíça, Alemanha,

França, Inglaterra, Holanda, Estados Unidos, Canadá e Nova Zelândia, que foram importantes na formação do rebanho leiteiro, principalmente do Sudeste brasileiro, que hoje já tem um volume razoável de bons animais, tanto que o Brasil já tem feito algumas exportações de animais Saanen, principalmente para a Argentina e o Uruguai (CORDEIRO et al., 2009). No Nordeste brasileiro, esta raça foi utilizada para o melhoramento genético dos caprinos locais, exercendo notável influência sobre a duração da lactação e produção leiteira. Entretanto, a Saanen é uma raça exigente para as condições tropicais (JARDIM, 1964).

Morfologicamente é uma raça de biotipo leiteiro com animais de porte profundo aliado a uma estrutura óssea forte, que determina uma estatura grande, com as fêmeas pesando entre 60-90 kg e os machos entre 90-120 kg. Cabeça triangular, perfil côncavo e orbitais salientes. Orelhas eretas, curtas e cônicas. Possui chifres aegagrus fortes nos machos. Pescoço largo, bem inserido e mais robusto nos machos. O tronco é amplo, profundo e musculoso. Peito arqueado, ventre bem proporcionado, linha dorso lombar ascendente para o terço posterior, garupa curta e caída. Extremidades finas, de longitude média, bem aprumada, pernas finas e arqueadas. A pelagem é uniformemente branca com pelos curtos e finos, podendo ser mais longos na linha dorso lombar e nas coxas, sendo também aceita a pelagem baía, bem como, a pigmentação de cor preta no focinho, orelhas, úbere, vulva, escroto, prepúcio e cascos (JARDIM, 1964). A raça Saanen apresenta boa prolificidade, bem adaptada ao sistema produtivo intensivo e às zonas frias (MENEZES, 2005).

### **3 – ESTRUTURA DE POPULAÇÃO**

Entende-se por população o conjunto de todos os indivíduos que habitam determinada área. Do ponto de vista genético, uma população é a reunião de indivíduos com diferentes genótipos e com um sistema de acasalamento definido, possibilitando a formação de descendentes em frequência proporcional à contribuição gamética dos seus genitores (LASLEY, 1963). Portanto, 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 estudo da estrutura genética de uma população permite conhecer como os genes estão sendo transmitidos ao longo das gerações. O uso das informações de *pedigree* no estudo da estrutura genética de uma população tem sido feito para a maioria das espécies, como nos bovinos, nos trabalhos de Curik et al. (2014), Scraggs et al. (2014); em bubalinos com, Malhado et al. (2008). Para a espécie ovina, há trabalhos de Pedrosa et al. (2010), Mokhtari et al. (2014), Yavarifard et al. (2014). Em caprinos, destaca-se Medeiros (2011) e Rashidi et al. (2015).

#### **3.1 - Concentração de gene de origem**

Todos os genes presentes numa população descendem de alguns dos seus fundadores, porém, a representação de cada um deles, em todos os indivíduos tomados por referência na população, varia consideravelmente por conta do uso preferencial de alguns reprodutores. Portanto, a probabilidade de origem genética passa a ser uma informação de grande importância quando se trata do conhecimento de fluxo gênico e, conseqüentemente, da estrutura genética da população (CERVANTES, 2008).

Para medir a variabilidade genética e conhecer as conseqüências dos sistemas de acasalamentos adotados, uma das informações mais importantes se refere à contribuição

genética dos animais fundadores e ancestrais. Os conceitos de fundador e ancestral costumam ser confundidos constantemente. São considerados animais fundadores aqueles que formam a população base, ou seja, aqueles indivíduos com pai e mãe desconhecidos. Ancestral é aquele indivíduo que contribuiu para a variabilidade total da população numa proporção maior que seus ascendentes, de forma que um ancestral também pode ser um fundador (CERVANTES, 2008).

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), de acordo com Lacy (1989), é definido como o número de animais fundadores com igual contribuição para formação do rebanho, sendo, conseqüentemente, responsáveis pela composição genética do rebanho a partir daquele momento. A contribuição deixada pelos animais fundadores depende do número de descendentes. Se todos contribuem da mesma forma, o  $f_e$  corresponderá ao número real de fundadores. Desta forma, quanto maior o  $f_e$ , maior será a variabilidade genética da população (LUSH, 1964).

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) representa o número mínimo de animais, fundadores ou não, necessários para explicar a variabilidade genética da população estudada (BOICHARD et al., 1997). Esse parâmetro complementa a informação oferecida por  $f_e$  por considerar as perdas de variabilidade genética ocasionadas pelo desbalanceamento no uso de animais na reprodução, denominado efeito gargalo.

Quanto maior a distância entre  $f_e$  e  $f_a$ , menor a participação de todos os 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 esta diferença seja a menor possível (BOICHARD et al., 1997).

Pedrosa et al. (2010), em estudo com ovinos da raça Santa Inês, observaram valores de  $f_e$  e  $f_a$  equivalentes a 211 e 156 animais, respectivamente. Tahmoorespur e Sheikloo (2011) encontraram para raça Baluchi uma relação  $f_e/f_a$  de 1,7. Nos dois casos, a contribuição dos animais ancestrais foi menor que a dos fundadores, ficando evidente o uso mais intenso de alguns animais em detrimento de outros para o conjunto de dados trabalhados. Já Barros et al. (2011), trabalhando com caprinos da raça Marota no Brasil, e Rodrigues et al. (2009), com ovinos Morada Nova, obtiveram valores iguais para  $f_e$  e  $f_a$ . Todos os resultados corroboram a afirmação de Mackinnon (2003), que diz ser a contribuição marginal de todos os ancestrais sempre menor ou igual à contribuição dos fundadores.

### 3.2 - Integridade de *pedigree*

Numa população fechada, as possíveis perdas da variabilidade genética se acumulam ao longo das gerações. A existência de sucessivas gerações e o conhecimento genealógico desigual pelas vias paterna e materna dificultam a designação de indivíduos às suas respectivas gerações. A qualidade e a precisão das estimativas dos parâmetros populacionais dependem diretamente da qualidade dos *pedigrees* disponíveis. Problemas como informações errôneas, *pedigree* incompleto e introdução recente de animais na população podem levar à subestimação ou superestimação destes parâmetros (BOICHARD et al., 1997; GUTIERREZ et al., 2003).

O número de gerações traçadas por animal pode ser obtido de três formas: (1) considerando o número de gerações completas; (2) por meio do número máximo de gerações; e (3) pelo número de gerações completas equivalentes. O número de gerações completas pode ser definido como a identificação do número de gerações que separam a descendência da geração mais distante em que todos os ancestrais do indivíduo são conhecidos. Indivíduos sem pais conhecidos são considerados fundadores (geração completa = 0). O número máximo de gerações determina o número de gerações que

separam o indivíduo do seu antecessor mais distante. As gerações completas equivalentes correspondem à soma de todos os ancestrais conhecidos nos termos  $(1/2)^n$ , em que  $n$  é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (MAIGNEL et al., 1996).

Avaliando o número de gerações completas equivalentes na raça Marota, Barros et al. (2011) verificaram o valor de 0,58, estando este valor associado ao baixo nível de informação do *pedigree*. No entanto, Pedrosa et al. (2010) e Tahmoorespur e Sheikhloo (2011) traçaram para as raças Santa Inês e Baluchi uma média de 2,26 e 5,47 gerações completas equivalentes, respectivamente.

Outro parâmetro importante a ser conhecido é o grau de profundidade do *pedigree* (MacCLUER et al., 1983), pois nele são traçadas as proporções percentuais de identificação dos antepassados conhecidos (pais, avós, bisavós, etc.) em uma representação gráfica, distinguindo as vias paternas e maternas (GUTIÉRREZ et al., 2003). Quando mais profunda, melhor será a qualidade dos demais parâmetros avaliados na população.

### 3.3 - Coeficiente de Endogamia ou Consanguinidade ( $F$ )

O coeficiente de endogamia ou consanguinidade é definido como a probabilidade de dois alelos pertencentes a um indivíduo em qualquer *locus* serem idênticos por descendência (WRIGTH, 1923; MALÉCOT, 1969). Este processo é resultante do acasalamento entre animais que apresentam algum grau de parentesco, de tal forma que, quanto mais próximo o parentesco dos pais do indivíduo, maior a probabilidade de herança de genes idênticos por descendência, por isso, o coeficiente de endogamia individual é um indicador de variabilidade genética.

A endogamia de um indivíduo é medida pelo coeficiente de endogamia, o qual representa o aumento percentual de pares de alelos em homozigose em um indivíduo endogâmico em relação à média da população a qual o indivíduo pertence (OLIVEIRA et al., 1999). O coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o  $F$  (BREDA et al., 2004). Como consequências das elevadas taxas de endogamia, têm-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pela capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (BREDA et al., 2004; CARNEIRO et al., 2007).

O conhecimento do parentesco entre os indivíduos que compõem uma população é usado para estimar o seu coeficiente de consanguinidade. Porém, *pedigrees* incompletos ou com informações errôneas levam à subestimação ou superestimação desse parâmetro, dado que as contribuições dos ancestrais desconhecidos não são contabilizadas ou são avaliadas de maneira incorreta.

### 3.4 - Coeficiente de parentesco médio ( $AR$ )

O coeficiente de parentesco médio de um indivíduo ( $AR$ ) é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente dentro de uma população pertencer a um dado animal no *pedigree*.

Para o cálculo desse parâmetro, são levados em consideração os valores de consanguinidade e as relações de parentesco existentes entre os animais, de forma que o  $AR$  dos animais fundadores de uma população pode ser calculado fixando o valor de 1 para cada indivíduo,  $1/2$  para cada filho desse animal na população,  $1/4$  para cada neto, e assim por diante, de acordo com o tamanho da população (VALERA et al., 2005;

CERVANTES, 2008; GUTIÉRREZ et al., 2005; GOYACHE et al., 2003). Portanto, o AR de um animal indica a porcentagem de contribuição genética dada por este animal para a população, sendo, portanto, o percentual da população gerada por ele, independentemente da geração em que se encontra.

Segundo Cervantes (2008), este parâmetro pode ser usado para medir a variabilidade genética e conhecer as consequências das estratégias de acasalamentos utilizadas em uma população, podendo ser empregado também como medida de endogamia, pois no seu cálculo são considerados a endogamia individual e os coeficientes de coancestralidade.

A partir do conhecimento dos valores de AR dos reprodutores dentro e entre rebanhos, é possível determinar a proximidade genética entre esses animais, essencial na hora de determinar a estratégia de manejo e intercâmbio de reprodutores entre rebanhos.

O AR e o coeficiente de consanguinidade têm sido usados como ferramentas de avaliação da variabilidade genética para o monitoramento de populações submetidas a programas de melhoramento e conservação. Goyache et al. (2003) observaram na raça de ovinos Xalda um AR de 1,8%. Com a raça ovina Ovella Galega, Adán et al. (2007) calcularam o AR de dois rebanhos, asovega (0,63) e inorde (4,08), concluindo que a diferença observada entre os dois se deveu ao fato de que no inorde praticamente não tera feita a incorporação de novos animais ao rebanho.

### 3.5 - Tamanho Efetivo populacional ( $N_e$ )

O número ou o tamanho efetivo ( $N_e$ ) de uma população é medido pela relação entre machos e fêmeas que estão sendo usados na reprodução, em um dado momento. Wright (1931) definiu tamanho efetivo como o número de indivíduos de ambos os sexos que estão contribuindo geneticamente numa dada população.

Geralmente o número efetivo difere do número real de indivíduos na população. Essa diferença ocorre porque nenhuma população real obedece a todos os pressupostos de uma população ideal (LAAT, 2001). O número de animais em idade reprodutiva é geralmente maior que o número de animais que realmente estão se reproduzindo (HARTL e CLARK, 2010).

O  $N_e$  tem sido bastante usado em estudos de diversidade genética por representar o número de animais responsáveis pelo aumento da consanguinidade na próxima geração, de tal forma que números efetivos maiores são indicativo de menores perdas de variabilidade genética.  $N_e$  de uma população pode ser obtido pela taxa de consanguinidade (WRIGHT, 1923), pela variância do tamanho das famílias (HILL, 1972), através da relação entre machos e fêmeas usados na reprodução (ALDERSON e BODÓ, 1992) assim como pela variância das frequências gênicas (VENCOVSKY, 1992).

Em populações em que se conhece o *pedigree* dos indivíduos que a compõem, o  $N_e$  determinado pelas taxas de consanguinidade é mais confiável. Entretanto, para GUTIÉRREZ et al. (2008), a maior parte das metodologias aplicadas para calcular o número efetivo, através da sobreposição de gerações, é também afetada pela falta de integridade nos *pedigrees*.

Para a FAO (1998), um número efetivo abaixo de 50 é considerado crítico para manutenção de uma população. Entretanto, Meuwissen (1998) afirma que este  $N_e$  deve ser mantido entre 50 e 100 por conta dos processos de mutação e deriva genética.

Barros et al. (2011), obtiveram para raça Marota  $N_e= 120,14$  animais; ao passo que, para a raça Santa Inês, Teixeira Neto et al. (2013) encontraram  $N_e= 539$  animais,

valor atribuído à baixa ocorrência de acasalamentos endogâmicos, bem como ao aumento da relação reprodutor/matriz.

### 3.6 - Estatísticas $F$ de Wright

Nas décadas de 40 e 50, Sewall Wright descreveu a teoria dos índices de fixação, também conhecida como Estatísticas  $F$  ( $Fit$ ,  $Fis$  e  $Fst$ ). Essa teoria parte do princípio da existência de uma metapopulação, definida como o conjunto total de animais pertencentes a uma raça ou rebanho, constituído de várias subpopulações que podem ser classificadas em função dos diferentes sexos, áreas geográficas, fazendas, linhagens, famílias etc. Através dos parâmetros  $Fit$ ,  $Fis$  e  $Fst$  é possível estudar a estrutura de uma população (WRIGHT, 1978).

$Fst$  mede a redução da heterozigosidade das subpopulações que formam a metapopulação. O valor de  $Fst$  é utilizado como distância entre as subpopulações, seu valor varia entre 0 e 1 e quanto mais alto, maior é a diferenciação.

$Fis$  mede a redução da heterozigosidade de um indivíduo em relação a sua subpopulação. O valor de  $Fis$  expressa a presença de acasalamentos não aleatórios dentro das subpopulações. Valor de  $Fis > 0$  indica a ocorrência de acasalamentos endogâmicos, quando  $Fis < 0$  a frequência de acasalamentos entre indivíduos não aparentados é maior, resultando num excesso de heterozigotos.

$Fit$  mede a redução da heterozigose do indivíduo em relação à metapopulação, ou seja, a consanguinidade global dentro de uma raça. Os valores de  $Fit$  variam de -1 a 1, e valores menores que zero indicam seleção a favor dos heterozigotos ou exogamia, e valores maiores que zero indicam diferenciação genética entre subpopulações e a seleção contra heterozigotos ou endogamia.

Teixeira Neto et al. (2013), na raça Santa Inês, observaram valores para  $Fst$ ,  $Fis$  e  $Fit$  de 0,0556, -0,0050 e 0,0509, respectivamente, atribuindo o valor negativo e próximo de zero do  $Fis$ , que mede o desvio da casualidade nos acasalamentos, ao pequeno predomínio de acasalamentos entre subpopulações. Barros et al. (2011), observaram para os caprinos Marota que pelos índices de fixação, que não havia subdivisão de rebanhos e que os níveis de heterozigosidade estavam sendo mantidos no rebanho estudado.

## 4 – Endogamia

A endogamia ocorre quando os acasalamentos são efetuados entre indivíduos aparentados. Os indivíduos aparentados têm um ou mais ancestrais em comum e, portanto, a extensão da endogamia está relacionada à quantidade de ancestrais que é compartilhada pelos pais dos indivíduos endogâmicos. Assim, dois indivíduos tendo um ancestral comum, podem transmitir réplicas dos alelos dos genes presentes no ancestral comum para sua progênie (FALCONER; MACKAY, 1996).

A endogamia tem como principal efeito a mudança da composição genética de uma população. Isto ocorre pela redução do número de indivíduos heterozigotos, pela redistribuição da variabilidade genética e, conseqüentemente, pelo aumento da chance de aparecimento de genes recessivos, que geralmente provocam alguma degeneração na média do mérito individual. Existem duas causas possíveis do declínio da média do valor fenotípico de características quantitativas, provocado pela endogamia. A primeira é que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a



segunda é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970).

Segundo Cavalheiro (2004), uma consequência do aumento da homozigose é a depressão endogâmica. Muitas vezes, este efeito não é tão facilmente observado quanto a expressão de alelos recessivos indesejáveis em características de herança simples, pois ele está associado com a queda gradativa do desempenho de características poligênicas. A depressão endogâmica é a manifestação de combinações gênicas desfavoráveis e ela normalmente é interpretada como o efeito inverso da heterose (combinações gênicas favoráveis).

Na literatura, é frequente a constatação da influência significativa da endogamia do animal nas características de crescimento, avaliadas pelo desempenho do indivíduo em diferentes idades, e, também, o efeito significativo da endogamia da mãe sobre as características maternas, principalmente, nos pesos ao nascer e à desmama de seu filho (QUEIROZ et al., 2000). O conhecimento de aspectos populacionais e o estabelecimento dos níveis de endogamia para cada animal e da população, são necessários para orientar os criadores no sentido de se prevenir a ocorrência de efeitos genéticos indesejáveis pela depressão endogâmica (HAUSCHILD et al., 2002).

No entanto, Carneiro et al. (2007) evidenciam a importância do conhecimento sobre os impactos causados pelos efeitos da seleção na endogamia, na fixação de alelos e no limite de seleção, visto que a depressão endogâmica nas características sob seleção tem importante efeito sobre a resposta à seleção a médio e a longo prazos, considerando também a redução na probabilidade de fixar genes favoráveis.

Em ovinos, os efeitos da endogamia sobre as características de interesse econômico costumam ser prejudiciais. Dario e Bufano (2003) verificaram que a produção de leite entre ovelhas endogâmicas da raça Altamurana foi inferior em 5% quando comparada com a produção dos animais não endogâmicos. A duração da lactação também foi afetada, observando-se uma redução de 38 dias para o grupo endogâmico. Carolino et al. (2004), avaliando a influência da endogamia sobre pesos da raça Churra Badana, verificaram efeito depressor a cada 1% de acréscimo na endogamia para todas as variáveis estudadas. Pedrosa et al. (2010) observaram redução de 3,4 gramas no peso ao nascer em animais da raça Santa Inês a cada 1% de aumento de endogamia. Selvaggi et al. (2010), trabalhando com a raça Leccese, relataram que a cada 1% de aumento da endogamia houve redução de 19 e 31 gramas nos pesos ao nascer e à desmama, respectivamente.

Barczak et al. (2009), estudando o efeito da endogamia sobre características de desenvolvimento ponderal em ovinos, observaram que a cada acréscimo de 1% no coeficiente de endogamia a mudança do desempenho individual foi de -11,8 e -29,65 gramas para os pesos ao nascer e às quatro semanas de idade, respectivamente.

Mokhtari et al. (2014), trabalhando com características de desempenho e reprodutivas em ovinos da raça Iran-Black, observaram efeito significativo sobre o peso ao nascer: a cada 1% de incremento na endogamia uma redução de 6,39g.

Em caprinos, Rashidi et al. (2015), avaliando a influência da endogamia sobre o peso ao nascer, ganho médio diário do nascer ao desmame, peso ao desmame na raça Markhoz observaram valores para depressão endogâmica de -0,15 kg, -0,083g/dia e -0,8 kg a cada acréscimo de 1% de endogamia, respectivamente.

## 5 – Parâmetros genéticos

O conhecimento sobre parâmetros genéticos é muito importante para a condução eficiente de qualquer programa de melhoramento animal. A predição dos valores genéticos dos animais depende da estimativa precisa da herdabilidade e da correlação genética para as características consideradas na seleção (LÔBO; SILVA, 2005).

A correlação genética entre duas características é a correlação entre os efeitos dos genes que a influenciam. Falconer (1987) definiu como sendo a correlação entre os valores genéticos de um indivíduo, para as características consideradas. O sentido e a magnitude do coeficiente de correlação genética entre duas características são usados como orientação em um programa de seleção. A estimativa das correlações varia de -1,0 a 1,0. O sinal positivo ou negativo indica se as características correlacionadas estão influenciadas geneticamente no sentido contrário ou no mesmo sentido, respectivamente.

Falconer e Mackey (1996) definiram herdabilidade como sendo a fração da variação total entre animais para uma característica particular, que é devida aos genes herdados e portanto, que passa de pais para filhos. Em geral, quanto maior o valor da herdabilidade, maior a possibilidade de ganhos por meio da seleção.

A herdabilidade pode variar de 0,0 a 1,0. Valores baixos de herdabilidade implicam que grande parte da variação da característica é devida às diferenças de meio ambiente, temporárias ou permanentes, entre os indivíduos, enquanto valores altos significam que grande parte das diferenças genéticas entre indivíduos seja responsável pela variação na característica avaliada. Quando a herdabilidade for alta, será também alta a correlação entre o valor genético e o valor fenotípico do animal, sendo este uma boa indicação do valor genético do animal.

O conhecimento da herdabilidade das características é, portanto, fundamental na predição do valor genético, na formulação de programas de melhoramento e na predição da resposta esperada à seleção.

Na literatura, observam-se variações nas estimativas da herdabilidade para uma mesma característica, porque diferentes métodos são utilizados na estimação desse parâmetro e, principalmente, porque a herdabilidade é uma propriedade não apenas da característica, mas também da população e das circunstâncias ambientais a que os indivíduos são submetidos. Tendo em vista que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes de variância, uma mudança em qualquer dos componentes poderá afetá-la.

Lôbo e Silva (2005), trabalhando com produção total de leite e duração da lactação de cabras Saanen e Anglo-nubiana, estimaram a herdabilidade em  $0,12 \pm 0,05$  e  $0,03 \pm 0,01$  para Saanen e  $0,10 \pm 0,03$  e  $0,07 \pm 0,02$  para Anglo-nubiana, respectivamente. E correlação genética entre essas características foi de  $0,66 \pm 0,30$  e  $0,86 \pm 0,40$  para Saanen e Anglo-nubiana, respectivamente. Chegaram à conclusão que isto demonstra o grande efeito que tem o ambiente sobre estas características e que de maneira geral, as estimativas de herdabilidade indicam pequena variabilidade genética a ser explorada nestas populações. As altas correlações são esperadas, uma vez que animais com maior potencial produtivo apresentam tendência de estabilidade de produção e maior duração de suas lactações.

## 6 – Referencias bibliográficas

- ADÁN, S.; FERNÁNDEZ, M.; JUSTO J.R. et al. Análisis de la información genealógica en la raza ovina ovella galega. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.587-592, 2007.
- ALDERSON, L.; BODÓ, I. **Genetic conservation of domestic livestock**. Wallingford: CAB International. 282p, 1992.
- BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O. et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de Zootecnia**, v.60, p.543-552, 2011.
- BARCZAK, E.; WOLC, A.; WÓJTOWSKI, J. et al. Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep. **Journal of Animal Feed Sciences**, v.18, p.42–50, 2009.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de selecao em populacoes obtidas por simulacao. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2017-2025, 2004.
- 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.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Endogamia, fixacao de alelos e limite de selecao em populacoes selecionadas por metodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.369-375, 2007.
- CAROLINO, N.; LOPES, S.; GAMA, L.T. Consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo ovino da raça Churra Badana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.229-232, 2004.
- CAVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E.C.G. Endogamia: possíveis consequências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: EMPEC Workshop em genética e Melhoramento na Pecuária de Corte, 2., 2004, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: FACA/UNESP, p.1-10. 2004.
- CERVANTES, I. **Estructura genética del caballo de pura raza árabe español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo.**, 180f. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Facultad de Veterinaria/ Universidad Complutense de Madrid. 2008
- Cordeiro et al, 2009 - inserir
- CROW, J.F.; KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. Minneapolis: **Alpha Editions**. 591p. 1970.
- CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394 p.

CURIK, I.; FERENČAKOVIĆ, M.; KARAPANDZA, N.; CUBRIC CURIK, V.; SÖLKNER, J. Estimation of inbreeding and effective population size in Istrian cattle using molecular information. **Acta Agraria Kaposváriensis**, V.18, p.30-34. 2014.

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

Falconer, 1987 - inserir

FALCONER, D.S.; MACKAY, T. F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4.ed. London: Longman Green, 1996. 464p.

FAO [1998] **Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small population at risk**. Disponível em: <<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/es/lead/toolbox/indust/sml-popn.pdf>> acesso em: 30 fev 2015.

FAO (2013), FAOSTAT, disponível em <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QA/S>. Acesso em 20 jul 2015.

GOYACHE, F; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I. et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.120, p.95-103, 2003.

GONZALO, G., SÁNCHEZ, J.M. Razas caprinas foráneas: lecheras, de pelo y de otras aptitudes. Ovis-Aula de Veterinária. Razas caprinas, v.83, p.55-64, 2002.

GUTIÉRREZ, J.P; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C. et al. Pedigree analysis of eight spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v.35, p.43-63, 2003.

GUTIÉRREZ J.P.; MARMI, J.; GOYACHE, F. et al. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p. 378-386, 2005.

GUTIÉRREZ, J.P.; CERVANTES, I.; MOLINA, A. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees, **Genetics Selection Evolution**, v.40.p.359-378, 2008.

HARTL, D. L. e CLARK, A. G. **Princípios de Genética de Populações**. 4ª ed. Editora Porto Alegre: Artmed. 2010. 217p.

HAUSCHILD, L.; RORATO, P.R.N.; EVERLING, D.M. et al. Coeficiente de endogamia em ovinos da raça Texel. In: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, IV Simposio Nacional de Melhoramento Animal, Campo Grande, **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002.

HILL, W.G. Effective size of populations with overlapping generations. **Theoretical Population Biology**. v. 3, p.278-288, 1972.

IBGE, Produção da Pecuária Municipal, 2013. Disponível em: [ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao\\_Pecuaria/Producao\\_da\\_Pecuaria\\_Municipal/2013/tabelas\\_pdf/tab04.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2013/tabelas_pdf/tab04.pdf). Acesso em 20 jul 2015.

JARDIM, W. R. **Criação de caprinos**. Ed. Melhoramentos. São Paulo, 1964.

JAMES J. W. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. **Animal Production**, 24, 109-112, 1977

LAAT, D.M. **Contribuição genética de fundadores e ancestrais na raça Campolina**. 2001. 34f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Instituto de Ciências Biológicas/Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

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

LASLEY, J.F. **Genética de melhoramento animal**. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 1963. 618 p.

LÔBO, R.N.B.; SILVA, F.L.R. Parâmetros genéticos para Características de interesse econômico em cabras das raças Saanen e Anglonubiana. **Rev. Cienc. Agro.**, v.36, p.104-110, 2005.

LUSH, J. L. **Melhoramento genético do animais domésticos**. Rio de Janeiro: Centro de Publicações Técnicas da Aliança, 1964. 570 p.

MacCLUER, J., BOYCE, B., DYKE, L. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal Heredity**, v.74, p. 394-399, 1983.

MACKINNON K.M. **Analysis of Inbreeding in a Closed Population of Crossbred Sheep**. 2003. 62f. Dissertação(Mestrado em Ciência Animal) - Virginia Polytechnic Institute an Stat University Blacksbrug , Virginia.

MALÉCOT, G. **The mathematics of Heredity**. D.M. Yermanos, translator. Freeman, San Francisco, CA. 88p. 1969.

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

MAIGNEL L., BOICHARD D., VERRIER E. Genetic variability of french dairy breeds estimated frompedigree information. **Interbull Bull**, v.14, p.49–54, 1996.

MENEZES, M.P.C. **Variabilidade e relações genéticas entre raças caprinas nativas brasileiras, ibéricas e canárias**. 2005. 126p. Tese (Doutorado em Zootecnia).

Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia. Universidade Federal da Paraíba. Areia. 2005.

MEUWISSEN, T. H. E. Operation of conservation schemes. In: OLDENBROEK, J. K. (Ed.). **Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources**. The Netherlands: ID-DLO, 1998. p.113-119.

MOKHTARI, M.S.; MORADI SHAHRBABAK, M.; ESMAILIZADEH, A.K.; MORADI SHAHRBABAK, H.; GUTIERREZ, J.P. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. **Small Ruminant Research**, v. 116, p.14-20, 2014.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzera. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.721-728, 1999.

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

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, p 1014-1019, 2000.

RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; GUTIÉRREZ, J.P. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**, nº 124, p. 1-8, 2015.

RODRIGUES, D.S.; RIBEIRO, M.N.; OLIVEIRA, S.M.P. et al. Estrutura populacional de um rebanho da raça morada nova como contribuição para a conservação. **Ciência Animal**, v.19, p. 103-110, 2009.

SALLES, M.G.F., SOUZA, C.E.A., RONDINA, D., MOURA, A.A.A., ARAÚJO, A.A., RESPOSTAS FISIOLÓGICAS AO ESTRESSE TÉRMICO DE BODES SAANEN EM CLIMA TROPICAL. **Ciência Animal**, V.19, p.19-28, 2009.

SCRAGGS, E.; ZANELLA, R.; WOJTOWICZ, A.; TAYLOR, J.F.; GASKINS, C.T.; REEVES, J.J.; AVILA, J.M. DE; NEIBERGS, H.L. Estimation of inbreeding and effective population size of fullblood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.131, p.3 –10, 2014.

SELVAGGI, M., DARIO, C., PERETTI, V., CIOTOLA, F., CARNICELLA, D., DARIO, M. Inbreeding depression in Laccese sheep. **Small Ruminant Research**, v.89, p.42-46, 2010.

SILVA, H. W.; GUIMARÃES, C.R.B.; OLIVEIRA, T.S. ASPECTOS DA EXPLORAÇÃO DA CAPRINOCULTURA LEITEIRA NO BRASIL. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v.2, n.2., p.121-125, Dezembro, 2012

TAHMOORESPUR, M.; SHEIKHLOO, M. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v.99, 1-6, 2011.

TEIXEIRA NETO, M. R.; CRUZ, J. F.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; FARIA, H. H. N. Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.48, n.12, p.1589-1595, dez. 2013.

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

VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. **Revista Brasileira de Genética**, v. 15, p. 53-60, 1992.

WRIGHT S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. the measurement of inbreeding and relationship. **Journal of Heredity**, v.14, p.339-348, 1923.

WRIGHT S Evolution in mendelian populations. **Genetics**, v.16, p.97-159, 1931.

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

YAVARIFARD, R.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Population genetic structure analysis and effect of inbreeding on body weights at different ages in Iranian Mehraban sheep. **Journal of Animal Science and Technology**, 2014.

**CAPÍTULO II - ESTRUTURA POPULACIONAL E EFEITO DA ENDOGAMIA  
SOBRE A PRODUÇÃO DE LEITE DE REBANHOS DE CAPRINOS SAANEN  
NO BRASIL**



O artigo será submetido à revista Small Ruminant Research



26 (*fe*) foi de 123 e de ancestrais (*fa*) foi de 101, sendo que, de todos os ancestrais, 39  
27 foram responsáveis por explicar 50% da variabilidade genética da população, o que  
28 indica perda de genes de origem. Quanto à integridade dos pedigrees, foram  
29 identificados 80,13% de animais como pais (reprodutores) e 79,02% como mães. Para a  
30 subdivisão da população, os valores obtidos para  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  e  $F_{IT}$  foram -0,017, 0,028 e  
31 0,011, respectivamente, indicando a ausência de subestruturação da população. Não  
32 houve efeito significativo da endogamia sobre DL ( $P>0,05$ ). A PL305 foi afetada  
33 significativamente pela endogamia ( $P<0,01$ ), havendo uma redução de 2,31 kg por  
34 incremento de 1% no coeficiente individual de endogamia. A DL apresentou  
35 herdabilidade igual 0,03, enquanto a PL305 de 0,18, com correlação genética entre si de  
36 0,97.

37

38 Palavras chaves: consanguinidade, depressão endogâmica, duração da lactação,  
39 *pedigree*, variabilidade genética

40

## 41 **1 - Introdução**

42 A estrutura genética populacional pode ser definida em função da distribuição da  
43 variabilidade genética entre e dentro de populações como um resultado da combinação  
44 entre mutação, fluxo gênico, seleção e deriva genética (Malhado et al., 2010). O  
45 principal objetivo, ao se estudar a estrutura de populações, é estimar os parâmetros que  
46 as caracterizam, como a endogamia e o tamanho efetivo populacional, de modo que se  
47 possa direcionar o desenvolvimento de estratégias para gerenciamento adequado dos  
48 recursos genéticos para o aproveitamento da máxima diversidade (Oliveira et al., 2011).

49 Endogamia ocorre em um plantel quando os acasalamentos são efetuados entre  
50 indivíduos aparentados. Sua intensidade, portanto, é função direta do grau de parentesco

51 entre os animais acasalados. Este tipo de acasalamento é, muitas vezes, praticado,  
52 principalmente por criadores de raças puras, com o objetivo de assegurar maior  
53 uniformidade racial e fixação de certas características de interesse. Entretanto, Falconer  
54 e Mackay (1996) mostram que acima de 10% a endogamia tem efeitos deletérios sobre  
55 os animais, prejudicando, principalmente, as características relacionadas à reprodução e  
56 viabilidade, além da produção de leite e crescimento dos animais.

57 Falconer e Mackay (1996) definiram depressão endogâmica como a redução do  
58 valor fenotípico médio das características associadas à capacidade reprodutiva ou  
59 eficiência fisiológica em decorrência da endogamia alta, que também pode impactar  
60 outras características econômicas sob seleção. Na literatura, é frequente a constatação  
61 da influência significativa da endogamia sobre características de importância econômica  
62 em diversas espécies animais, como em bovinos (Curik et al., 2014; Scraggs et al.,  
63 2014); e em ovinos (Pedrosa et al., 2010; Mokhtari et al., 2014; Eteqadi et al., 2015).  
64 Apesar da sua importância, ainda são poucos os estudos que visam avaliar a estrutura  
65 populacional e, principalmente, os efeitos da endogamia sobre características sob  
66 seleção em caprinos, citando-se Barros et al. (2011) e Rashidi et al. (2015).

67 Assim, o objetivo da presente pesquisa foi avaliar a variabilidade genética e  
68 estrutura populacional, estimar a ocorrência de endogamia e mensurar os seus efeitos  
69 sobre as características produção de leite até 305 dias de lactação e duração da lactação  
70 em caprinos da raça Saanen criados no Brasil.

71

72

73

74

75

## 76 **2 - Material e Métodos**

77 Os dados de genealogia, produção de leite até 305 dias de lactação (PL305) e duração  
78 da lactação (DL) foram provenientes de animais da raça Saanen, nascidos no período de  
79 1997-2014, em 26 rebanhos participantes do Programa de Melhoramento Genético de  
80 Caprinos Leiteiros (Capragene®), conduzido pela Embrapa Caprinos e Ovinos, sediada  
81 no município de Sobral, Ceará, Brasil. Estes rebanhos estão assim distribuídos nos  
82 seguintes Estados brasileiros: um no Ceará, dois em São Paulo, dois no Rio de Janeiro,  
83 um no Espírito Santo e vinte em Minas Gerais. No total, foram utilizadas informações  
84 de 3.548 lactações provenientes de 2.154 cabras que se distribuíram por 238 grupos de  
85 contemporâneas. Os sistemas de produção são intensivos, excetuando o rebanho do  
86 estado do Ceará cujo sistema de produção é semi-intensivo.

87 O *software* ENDOG 4.8 (Gutierrez e Goyache, 2005) foi utilizado para análise  
88 do *pedigree* e estimação dos parâmetros populacionais baseados na probabilidade de  
89 origem do gene, tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), endogamia, classificação dos  
90 rebanhos de acordo com a origem e uso dos reprodutores, coeficiente de parentesco  
91 médio (AR), integridade do *pedigree* e número de gerações.

92 Os rebanhos foram classificados como núcleo, multiplicador, comercial e isolado  
93 de acordo com a forma de obtenção dos reprodutores e com a maneira como eles eram  
94 permutados entre os rebanhos. A integridade do *pedigree* foi avaliada levando-se em  
95 consideração a quantidade e profundidade das informações contidas nos registros  
96 (Vassalo et al., 1986).

97 Foram traçados o número de gerações completas, o número máximo de gerações  
98 e o número de gerações completas equivalentes. O primeiro é definido como o número  
99 de gerações que separam a prole da geração mais distante em que todos os ancestrais do  
100 indivíduo são conhecidos. O segundo indica o número de gerações que separam o

101 indivíduo de seu ancestral mais distante. E o terceiro é obtido pela soma de todos os  
102 ancestrais conhecidos nos termos calculados sob a condição de  $(1/2)^n$ , em que  $n$  é o  
103 número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

104 Animais sem parentes conhecidos são denominados fundadores. Dessa forma, a  
105 partir do número de fundadores, foi calculado o número efetivo de fundadores ( $fe$ ) de  
106 acordo com a equação:

$$107 \quad fe = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

108 Em que  $fe$  é o número efetivo de fundadores e  $q_k$  é o coeficiente de parentesco  
109 médio do fundador  $k$ .

110 O número efetivo de ancestrais ( $fa$ ), que representa o número mínimo de animais  
111 (fundadores ou não) necessários para explicar a variabilidade genética total encontrada  
112 na população (Boichard et al., 1997), foi estimado pela equação:

$$113 \quad fa = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

114 em que  $fa$  é o número efetivo de ancestrais e  $q_j$  é a contribuição marginal do ancestral  $j$   
115 (variando de 1 a “a”)

116 As estatísticas F de Wright foram obtidas pelos coeficientes de fixação  $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$  e  
117  $F_{IT}$ . O  $F_{ST}$  estima a perda de heterozigosidade nas subpopulações em comparação à  
118 população total; o  $F_{IS}$  estima a perda de heterozigosidade dentro das subpopulações; e o  
119  $F_{IT}$  estima a perda de heterozigosidade de toda a população. Estes coeficientes podem  
120 ser estimados empregando-se:

$$121 \quad F_{ST} = \frac{\bar{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad F_{IS} = \frac{\bar{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad F_{IT} = \frac{\bar{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$$

122 Em que,  $\tilde{f}$  e  $\tilde{F}$  são, respectivamente, o coeficiente de parentesco médio e o  
123 coeficiente de endogamia para a população total, e  $\bar{f}$  é o coeficiente de parentesco  
124 médio para a subpopulação, de maneira que  $(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$ .

125 Falconer e Mackay (1996) estabeleceram que o coeficiente de endogamia médio  
126 em uma determinada geração  $t$  poderia ser estimado utilizando a seguinte equação:

$$127 \quad F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$

128 Onde  $\Delta F$  corresponde à taxa de endogamia de uma geração para a próxima ou  
129 nova endogamia. González-Recio et al. (2007) propuseram-se a operar na equação  
130 acima para definir a taxa de endogamia para cada indivíduo, como representado abaixo:

$$131 \quad \Delta F_t = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$$

132 Onde  $F_i$  é o coeficiente individual de endogamia e  $t$  é o número de gerações  
133 equivalente completa do indivíduo.

134 O tamanho efetivo populacional representa a relação entre o número de machos  
135 e fêmeas que estão contribuindo geneticamente na população, sendo, portanto,  
136 inversamente proporcional à taxa de aumento da endogamia. Foi estimado em função do  
137 aumento da consanguinidade pela fórmula:

$$138 \quad N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

139 Os valores de  $\Delta F_1$  foram utilizados para estimar o efeito da endogamia na  
140 produção de leite até 305 dias de lactação (PL305) e na duração da lactação (DL). Para  
141 essa estimativa foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita livre de  
142 derivada com um modelo bicaracterístico (PL305 e DL), através do aplicativo Multiple  
143 Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood – MTDFREML (Boldman et al.,  
144 1995). Para cada característica, adotou-se o seguinte modelo:

$$145 \quad Y_{ijklm} = X_{ij}\beta_{ij} + Z_{ik}\alpha_{ik} + W_{il}p_{il} + e_{ijklm}$$

146 Em que  $Y_i$  corresponde ao vetor de observações da característica  $i$ ;  $\beta$  é o vetor de  
147 efeitos fixos  $j$ ;  $\alpha$ , o vetor de valores genéticos aditivos  $k$ ;  $p$ , o vetor de efeitos de  
148 ambiente permanente  $l$ ; e  $e$ , o vetor de efeitos residuais;  $X$ ,  $Z$  e  $W$  são matrizes de  
149 incidência para os referidos efeitos.

150 Foram incluídos no modelo os efeitos fixos de grupo de contemporâneas (GC),  
151 composto por cabras com partos na mesma estação e no mesmo ano, as covariáveis  
152 idade da cabra ao parto (linear e quadrático para PL305 e linear para DL) e o  
153 incremento individual de endogamia do animal (linear); e os efeitos aleatórios genético  
154 aditivo direto e de ambiente permanente da cabra. A significância do efeito da  
155 endogamia foi testada pelo teste  $t$ , realizando contraste em uma sub-rotina do  
156 MTDFREML.

157

### 158 **3 - Resultados**

159 Os parâmetros populacionais foram determinados a partir da população base, ou  
160 seja, do número de animais fundadores e ancestrais que são responsáveis pela  
161 variabilidade genética encontrada no rebanho (Tabela 1). Dos 7.640 animais que  
162 totalizaram a população analisada, 1.882 possuíam pelo menos um pai não conhecido,  
163 desta forma, a população referência, na qual ambos os pais são conhecidos, continha  
164 5.758 indivíduos.

165 O valor encontrado para número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) indica o uso intenso  
166 de poucos reprodutores . O  $f_a$  observado no presente estudo foi igual a 101, superior ao  
167 encontrado nos estudos de Oravcová (2013) com caprinos da raça White Shorthaired  
168 (45), e de Rashidi et al. (2015) com caprinos da raça Markhoz (37).



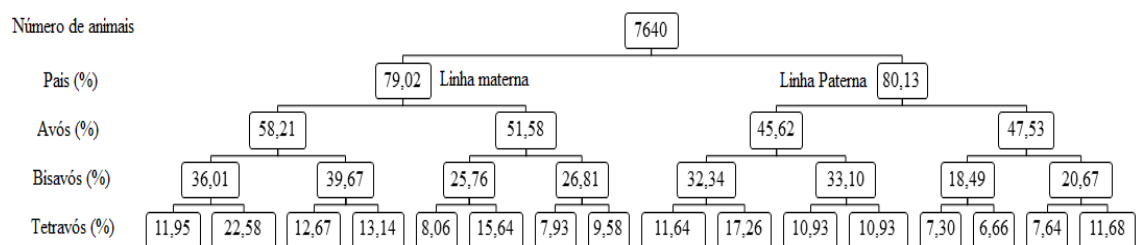
169 **Tabela 1.** Parâmetros populacionais dos rebanhos da raça Saanen

| Parâmetros populacionais                            | Quantidade |
|---|------------|
| População total                                     | 7.640      |
| População base (com pelo menos um pai desconhecido) | 1.882      |
| Número de animais da população de referência        | 5.758      |
| Endogamia média – F (%)                             | 1,48       |
| Coefficiente de parentesco médio – AR (%)           | 0,78       |
| Número de animais que explicam 50% da variabilidade | 39         |
| Número de fundadores                                | 1.087      |
| Número de ancestrais                                | 1.036      |
| Número efetivo de fundadores – $f_e$                | 123        |
| Número efetivo de ancestrais – $f_a$                | 101        |

170

171 Ao analisar a estrutura do pedigree com auxílio da fig 1, observa-se que dos  
 172 7.640 animais estudados, 79,57% apresentaram *pedigree* na primeira ascendência  
 173 (obtido através da média dos pais conhecidos); 50,73%, na segunda; 29,10%, na  
 174 terceira; 11,60%, na quarta; e 4,39%, na quinta.

175



176

177 **Fig. 1.** Estrutura de pedigree da raça Saanen com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.

178 A integridade do *pedigree* (Fig1), corresponde ao percentual médio do *pedigree*  
 179 completo de cada geração por ano. Se todos os ancestrais de um indivíduo em uma  
 180 geração específica são conhecidos, então  $I = 1$ . Se um dos pais é desconhecido, então  $I$   
 181  $= 0$ . Na Fig. 1, da primeira para a segunda geração ocorreu perda de informação, uma  
 182 vez que 28,84% dos animais não apresentavam no *pedigree* informações de pai e mãe  
 183 (obtido por diferença dos pais conhecidos) e 50,47% não apresentavam informações de  
 184 avós. Os baixos valores observados para número médio de gerações traçadas completas,  
 185 de 1,21, sugerem a necessidade de ampliar o conhecimento dos ancestrais em gerações  
 186 de maior ordem. No entanto maior número médio de ancestrais remotos foi verificado  
 187 para as gerações traçadas máximas (Tabela 2).

188

189 **Tabela 2.** Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e  
 190 tamanho efetivo ( $N_e$ ) por tipo de geração considerada em rebanhos da raça Saanen

| Tipo de geração      | Número médio | $\Delta F$ (%) | $N_e$ |
|----------------------|--------------|----------------|-------|
| Máxima               | 3,24         | 0,52           | 96,21 |
| Completa             | 1,21         | 1,66           | 30,08 |
| Equivalente completa | 1,82         | 1,26           | 39,69 |

191

192 O coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) entre os indivíduos da população  
 193 apresentou alterações expressivas ao longo das gerações, com valores mais baixos na  
 194 geração zero (0,15%), no período subsequente, apresentou incrementos graduais e  
 195 alcançou valor máximo de 2,76% na quarta geração. Em função da relação existente  
 196 entre  $AR$  e  $F$ , verificou-se que o coeficiente de endogamia médio ( $F$ ) estimado para as  
 197 quatro gerações apresentou um comportamento crescente, passando de 0,74%, na  
 198 primeira geração, para 9,49% na quarta. Da mesma maneira, o percentual de indivíduos

199 endogâmicos, que foi de 4,58% na primeira geração, aumentou para 100% na última  
200 geração (Tabela 3).

201 Os valores de  $N_e$  obtidos de diferentes formas no presente trabalho (Tabelas 2 e  
202 3), variaram de 10 a 96. A FAO (1992) indica que um núcleo de melhoramento deve ter  
203 um  $N_e$  de pelo menos 50. Se considerarmos o valor calculado com base no incremento  
204 da endogamia por geração equivalente ( $N_e = 39,69$ ), este número está abaixo do  
205 recomendado pela FAO.

206

207 **Tabela 3.** Número de animais (N), coeficiente de endogamia médio (F), percentagem de  
208 indivíduos endogâmicos (%), coeficiente médio de parentesco (AR) e tamanho efetivo  
209 ( $N_e$ ) de rebanhos da raça Saanen com base na geração completa

| Geração | N     | F(%) | % de endogâmicos | AR (%) | $N_e$ |
|---------|-------|------|------------------|--------|-------|
| 0       | 1.882 | 0    | -                | 0,15   | -     |
| 1       | 2.967 | 0,74 | 4,58             | 0,63   | 67,7  |
| 2       | 2.168 | 2,6  | 37,27            | 1,21   | 26,6  |
| 3       | 539   | 4,98 | 76,62            | 1,84   | 20,4  |
| 4       | 84    | 9,49 | 100              | 2,76   | 10,5  |

210

211 As estatísticas F de Wright para a população avaliada apresentaram valores de  
212 0,0011 para o parâmetro  $F_{IT}$ ; 0,028 para  $F_{ST}$  e -0,017 para  $F_{IS}$ . A estatística  $F_{IS}$ , que mede  
213 o desvio da casualidade nos acasalamentos, foi negativa e próxima de zero, indicando  
214 baixa ocorrência de acasalamentos entre parentes nas subpopulações (Carneiro et al.,  
215 2009), o que contribuiu para reduzir a endogamia.

216 A maioria dos rebanhos, 69,0%, foi classificada como rebanhos multiplicadores,  
217 em que os criadores, além de utilizar reprodutores externos e próprios também vendem

218 reprodutores. Os outros 31% foram classificados como rebanhos comerciais, uma vez  
219 que utilizam reprodutores externos, ou próprios, e não vendem reprodutores. Nenhum  
220 rebanho foi classificado como núcleo (rebanho que não utiliza reprodutores externos). A  
221 utilização frequente de reprodutores comprados, observada em 100% dos rebanhos,  
222 pode ter contribuído para a manutenção da endogamia em nível aceitável na população  
223 estudada (Tabela 4).

224

225

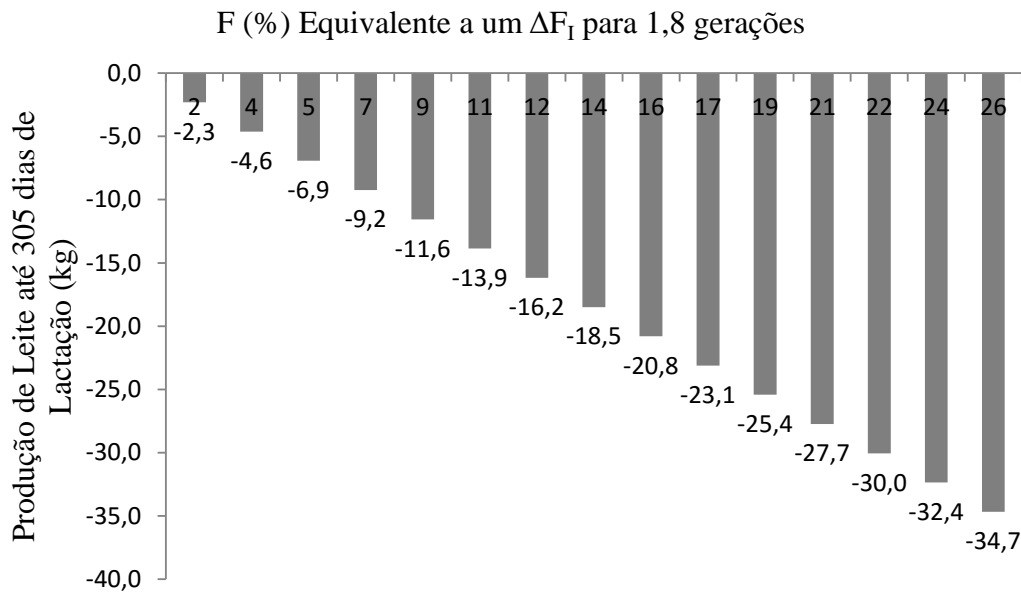
226 **Tabela 4.** Classificação dos rebanhos da raça Saanen segundo a origem e as  
 227 formas de uso dos reprodutores

| <b>Tipo de rebanho</b> | <b>Utilizam pais externos</b> | <b>Utilizam pais próprios</b> | <b>Vendem reprodutores</b> | <b>Número de Rebanhos</b> | <b>Porcentagem de pais externos</b> |
|------------------------|-------------------------------|-------------------------------|----------------------------|---------------------------|-------------------------------------|
| Núcleo                 | Não                           | Sim                           | Sim                        | 0                         | 0,00                                |
| Multiplicador          | Sim                           | Sim                           | Sim                        | 17                        | 37,91                               |
| Multiplicador          | Sim                           | Não                           | Sim                        | 1                         | 100,00                              |
| Comercial              | Sim                           | Sim                           | Não                        | 5                         | 55,81                               |
| Comercial              | Sim                           | Não                           | Não                        | 3                         | 100,00                              |
| Isolado                | Não                           | Sim                           | Não                        | 0                         | 0,00                                |

228

229 A média de produção de leite até 305 dias de lactação foi de 753,10±359,74 kg,  
 230 enquanto que a duração da lactação média foi de 312±127,30 dias. O efeito da  
 231 endogamia sobre a duração da lactação não foi significativo ( $P>0,05$ ). Contudo a  
 232 produção de leite até 305 dias (PL305) foi afetada significativamente pela endogamia  
 233 ( $P<0,05$ ), havendo uma redução de 2,31kg de leite por 1% de incremento individual de  
 234 endogamia ( $\Delta F_1$ ) (Fig. 2).

235



237

238 **Fig. 2.** Efeito depressivo da endogamia sobre a produção de leite até 305 dias de lactação da raça Saanen.

239

240 A estimativa da herdabilidade para PL305 e DL foi de 0,18 e 0,03 (Tabela 5).

241 Esse valor é de moderada magnitude, indicando que há variabilidade genética passível

242 de ser explorada por meio de seleção e dos acasalamentos para obtenção de progresso

243 genético para a produção de leite.

244

245 **Tabela 5.** Estimativas de componentes de variância, herdabilidade ( $h^2$ ) e repetibilidade

246 (t) para as características produção de leite até os 305 dias (PL305) e duração da

247 lactação (DL) em rebanhos da raça Saanen

| Característica | $\sigma^2_a$ | $\sigma^2_{pe}$ | $\sigma^2_e$ | $\sigma^2_p$ | $h^2_a$ | t    |
|----------------|--------------|-----------------|--------------|--------------|---------|------|
| <b>PL305</b>   | 11178,40     | 13185,80        | 38110,68     | 62474,88     | 0,18    | 0,39 |
| <b>DL</b>      | 242,06       | 653,75          | 7626,47      | 8522,28      | 0,03    | 0,10 |

248  $\sigma^2_a$  = variância genética aditiva;  $\sigma^2_{pe}$  = variância de ambiente permanente;  $\sigma^2_e$  = variância residual;  $\sigma^2_p$  =249 variância fenotípica;  $h^2_a$  = herdabilidade direta; t = repetibilidade.

250

#### 251 4 - Discussão

252 O número médio de fundadores ( $f_e$ ) e de ancestrais ( $f_a$ ) foram diferentes, de  
253 modo que a razão  $f_e/f_a$  observada foi de 1,22, menor que a obtida por Rashidi et al.  
254 (2015) de 1,32. Esses autores relataram que a razão  $f_e/f_a$  expressa o efeito gargalo no  
255 *pedigree* e resulta da diminuição do número de reprodutores utilizados entre os  
256 períodos. A razão  $f_e/f_a$  encontrada sugere que todos os animais ancestrais eram também  
257 fundadores, uma vez que o valor foi superior a 1,0, e que alguns desses fundadores  
258 deixaram de contribuir de maneira efetiva para a população atual. Segundo Boichard et  
259 al. (1997), o número efetivo de ancestrais permite avaliar os gargalos encontrados no  
260 *pedigree*, de tal forma de  $f_e$  será sempre igual ou maior do que  $f_a$ .

261 Um número pequeno de ancestrais (39), pertencentes à população referência,  
262 explicou 50% da variabilidade genética existente em toda a população estudada. Isto é  
263 um indicativo do uso desequilibrado de alguns reprodutores, uma vez que o ideal seria  
264 que todos os animais tivessem contribuído de maneira equitativa ao longo das gerações.

265 A endogamia média encontrada (1,48%) é aceitável, já que, segundo Falconer e  
266 Mackey (1996), indica como prejudiciais apenas os valores acima de 10%. Endogamia  
267 superior à desta população foi obtida para caprinos no trabalho de Rashidi et al.(2015),  
268 para quem, o controle dos valores de F seria uma das maneiras de garantir a manutenção  
269 da variabilidade genética intrarracial.

270 O coeficiente de parentesco médio (AR) juntamente com o coeficiente de  
271 endogamia tem sido utilizados para avaliar a perda de diversidade intrarracial. O valor  
272 de AR indica a probabilidade de um alelo tomado aleatoriamente da população  
273 pertencer a um dado animal, de tal forma que, quanto maior for o seu valor, maior é o  
274 seu parentesco com a população atual. Para o controle da endogamia, deve-se dar ênfase  
275 ao uso de reprodutores com os menores valores de AR.

276 As estimativas do tamanho efetivo médio, em diferentes tipos de gerações  
277 (Tabela 2), considerando a integridade do *pedigree*, são úteis para indicar o limite  
278 superior (gerações máximas traçadas), inferior (gerações completas traçadas) e real  
279 (gerações equivalentes traçadas) do tamanho efetivo populacional, respectivamente, em  
280 populações em que as informações genealógicas são escassas (Gutiérrez et al, 2005).

281 Com isso, o  $\Delta F$ , que é a taxa de aproximação à endogamia completa em cada  
282 geração, depende do valor do tamanho efetivo da população, ou seja, quanto menor for  
283 o  $N_e$ , em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns.  
284 Conseqüentemente, o valor de  $\Delta F$  também será maior. A reduzida média de gerações  
285 completas (1,21) indica que um pequeno número de ancestrais eram conhecidos, o que  
286 aumentou, portanto, a probabilidade de que fosse detectado um maior incremento da  
287 endogamia (1,66), dentre os três tipos de gerações, haja vista o menor  $N_e$  (30,08)  
288 associado.

289 Por outro lado, maior número médio de ancestrais remotos foi verificado para as  
290 gerações máximas, quando comparadas às gerações completas (ancestrais mais remotos)  
291 e equivalentes (todos os ancestrais conhecidos). Dessa maneira, a probabilidade de se  
292 obter altas taxas de endogamia foi menor, fato reforçado pelo menor valor de  $\Delta F$  e  
293 maior  $N_e$  para as gerações máximas.

294 Para as gerações equivalentes completas, os valores encontrados foram  
295 intermediários, uma vez que seu cálculo considera todos os ancestrais conhecidos e não  
296 somente os mais remotos. No entanto, os valores de  $N_e$  oscilaram de acordo com a taxa  
297 de endogamia, haja vista que para as gerações equivalentes o  $N_e$  é calculado em função  
298 de  $\Delta F$ , os quais apresentam relação inversamente proporcional.

299 Aumento consistente de  $F$  e na porcentagem de animais endogâmicos com o  
300 transcorrer das gerações (Tabela 3) pode ser justificado pelo fato de que quanto mais



301 gerações completas de um indivíduo são conhecidas mais cresce a probabilidade de um  
302 ancestral importante ter contribuído mais vezes no *pedigree*. A ausência de alguns  
303 valores na geração 0, simbolizada por um traço, deve-se à falta de informação referente  
304 à endogamia na geração anterior, formada pela população fundadora.

305 Os baixos valores de AR observados foram consequência do reduzido número de  
306 gerações conhecidas. O coeficiente de parentesco pode mostrar diferentes tendências e  
307 evolução ao longo das gerações, em função da quantidade de informações do *pedigree*  
308 (Oravcová e Margetín, 2011).

309 Devido ao grande número de animais existentes nesta população de caprinos  
310 Saanen e às técnicas modernas de reprodução, que permitem introduzir genes de outras  
311 populações, é possível aumentar novamente o tamanho efetivo da população a  
312 patamares mais interessantes. Todavia, em geral, espera-se que populações submetidas a  
313 programas de melhoramento genético tenham seu tamanho efetivo reduzido devido,  
314 paralelamente, a uma menor proporção de animais selecionados para a reprodução  
315 implicando num aumento da intensidade de seleção praticada e, conseqüentemente, em  
316 maiores chances de perda da variabilidade.

317 Barros et al. (2011) definiram as estatísticas de  $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$  e  $F_{IT}$ , respectivamente,  
318 como sendo a redução de heterozigosidade dentro das subpopulações, entre  
319 subpopulações, e no total da população. Valores de  $F_{ST}$  entre 0,05-0,15; 0,15-0,25 e  
320 acima de 0,25 indicam, nessa sequência magnitude de diferenciação moderada, alta e  
321 muito alta entre as subpopulações (Malhado et al., 2010).

322 O baixo valor de  $F_{ST}$  revela ausência de estruturação da população,  
323 demonstrando que há trocas genéticas entre os grupos, visto que não ocorreu divisão da  
324 população. É provável que o baixo valor obtido para  $F_{ST}$  esteja associado com o fato de

325 100% dos rebanhos analisados utilizarem reprodutores externos, e 69% comercializarem  
326 seus reprodutores (Tabela 4).

327 O uso intensivo de alguns animais somado ao baixo fluxo destes entre os  
328 rebanhos poderiam ter levado à formação de subpopulações, porém, por meio das  
329 estatísticas-F é possível afirmar que isto não está acontecendo no momento na  
330 população estudada.

331 Uma vez que a interpretação do  $\Delta F_I$  não é simples, este parâmetro foi  
332 transformado para o coeficiente de endogamia para um animal com uma profundidade  
333 média de *pedigree*, utilizando a equação proposta por Falconer e Mackey (1996) para o  
334 coeficiente de endogamia médio e fixando  $t=1,82$  gerações equivalentes completas, para  
335 ilustrar o efeito da taxa de endogamia individual estimada sobre as características (Fig  
336 2).

337 Um incremento de 1% para  $\Delta F_I$ , (equivalente a um coeficiente de endogamia  
338 tradicional de 1,81% quando 1,82 gerações equivalentes são conhecidas no *pedigree*)  
339 reduziu PL305 em 2,31 kg (Fig 2). Deste modo, houve uma redução de 1,3kg/% F.

340 De acordo com González-Recio et al. (2007), o coeficiente F é o parâmetro mais  
341 comum na maioria dos estudos com endogamia, mas ele é dependente da profundidade  
342 do *pedigree* conhecida, sendo o  $\Delta F_I$  um parâmetro alternativo que relaciona o aumento  
343 da endogamia na população e representa a quantidade de *pedigree* conhecido. Esta  
344 propriedade é uma vantagem de  $\Delta F_I$  sobre F, quando uma grande quantidade de  
345 *pedigree* é desconhecida.

346 Os resultados mostram que um animal oriundo do acasalamento de um pai com a  
347 filha, portanto apresentará um coeficiente de endogamia de 25%, e, considerando um  
348 conhecimento de 1,82 gerações equivalentes em seu *pedigree*, produzirá 34 kg de leite a  
349 menos que um animal não endogâmico em sua produção de leite até 305 dias. Portanto,

350 a depressão causada por endogamia pode ser prejudicial para a sustentabilidade dos  
351 sistemas de produção, levando a significativas perdas econômicas. Segundo Leroy  
352 (2014), a depressão por endogamia é avaliada nas espécies, medindo-se a taxa de  
353 diminuição na característica de interesse com o aumento no coeficiente de endogamia.

354 Deroide et al. (2016), estudando a depressão endogâmica em caprinos da raça  
355 Murciano-Granadina para a produção de leite total, verificaram efeito significativo  
356 linear e quadrático da endogamia, diferindo do nosso trabalho, no qual encontramos  
357 apenas efeito linear significativo. Eles estimaram os efeitos negativos até o nível de  
358 endogamia de 10,59%, que provocou uma redução na produção de leite total de 19,02  
359 kg de leite.

360 Khan et al. (2007) estudaram o efeito da endogamia sobre características de  
361 crescimento e reprodução de cabras Beetal aplicando uma análise de regressão.  
362 Encontraram efeito significativo da endogamia sobre o peso ao nascer, peso à desmama,  
363 ganho médio diário pré e pós-desmame.

364 Pedrosa et al. (2010) ao estudarem o efeito da depressão por endogamia sobre  
365 peso ao nascer, peso aos 60 dias e peso aos 180 dias de ovinos da raça Santa Inês,  
366 observaram efeito depressivo significativo da endogamia sobre todas as características.

367 A estimativa da herdabilidade para a PL305 (0,18), de magnitude moderada,  
368 indicou existir variabilidade genética passível de ser explorada por meio da seleção  
369 genética e dos acasalamentos dirigidos visando o progresso genético para a produção de  
370 leite.

371 Irano et al. (2012), trabalhando com cabras Saanen e Alpina, estimaram a  
372 herdabilidade para PL305 em 0,29. Consideraram-na de moderada magnitude, o que  
373 deve proporcionar resposta à seleção, assim como no nosso estudo. No mesmo trabalho,  
374 verificou-se repetibilidade da PL305 de 0,36, também de magnitude moderada,

375 sugerindo a possibilidade de utilização das primeiras lactações das cabras como  
376 indicativo de sua produção futura, servindo assim como parâmetro para selecionar as  
377 fêmeas que continuarão produzindo no rebanho.

378 A herdabilidade da característica DL (0,03), de baixa magnitude, demonstra o  
379 grande efeito que o ambiente tem sobre esta característica. Dessa forma, a seleção para  
380 duração da lactação não deverá surtir grandes efeitos significativos. É importante  
381 salientar que a duração da lactação observada na população em estudo já é satisfatória,  
382 dispensando esforços para sua melhoria.

383 Lôbo e Silva (2005), trabalhando com cabras da raça Saanen e Anglo-nubiana,  
384 estimaram os parâmetros genéticos para produção de leite e duração da lactação. Para a  
385 herdabilidade, encontraram valores de 0,12 e 0,03, respectivamente, na raça Saanen; e  
386 0,10 e 0,07, respectivamente, na raça Anglo-nubiana. As estimativas de herdabilidade  
387 encontradas indicavam pequena variabilidade genética aditiva a ser explorada nestas  
388 populações.

389 Nós estimamos em 0,97 a correlação genética entre a PL305 e a DL. A  
390 magnitude elevada para esta correlação era esperada, uma vez que animais com maior  
391 potencial produtivo apresentam tendência de estabilidade da produção e maior duração  
392 de suas lactações.

393

## 394 **5 - Conclusões**

395 Considerando a estrutura populacional dos rebanhos Saanen avaliados, observa-  
396 se inexistência de subdivisão da população. A endogamia média e o coeficiente médio  
397 de parentesco estão sob controle e servem como ponto de partida para o estabelecimento  
398 de um futuro plano de gestão genética dos rebanhos. Apesar disso, verificamos um

399 efeito depressivo da endogamia sobre a PL305, que exibiu perdas significativas nas  
400 médias avaliadas.

401

## 402 6 - Referências

- 403 Barros, E.A., Ribeiro, M.N., Almeida, M.J.O., Araújo, A.M., 2011. Estrutura  
404 populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. *Arch. Zootec.*, 60,  
405 543–552. doi:10.4321/S0004-05922011000300043
- 406 Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E., 1997. The value of using probabilities of gene  
407 origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 5-23.
- 408 Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, D.L., 1995. A manual for use of  
409 MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances  
410 [DRAFT]. USDA/Agricultural Research Service, Lincoln, 120p.
- 411 Carneiro, P.L.S., Malhado, C.H.M., Martins-Filho, R., 2009. A raça Indubrasil no  
412 Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. *Rev. Bras. Zootec.*,  
413 38, 2327-2334.
- 414 Curik, I., Ferenčaković, M., Karapandza, N., Curik, V.C., Sölkner, J., 2014. Estimation  
415 of inbreeding and effective population size in Istrian cattle using molecular  
416 information. *Acta Agrar. Kaposvariensis* 18, 30–34.
- 417 Deroide, C.A.S., Jacopini, L.A., Delgado, J.V., León, J.M., Brasil, L.H.A., Ribeiro,  
418 M.N., 2016. Inbreeding depression and environmental effect on milk traits of the  
419 Murciano-Granadina Goat Breed. *Small Rumin. Res.* 134, 44–48.  
420 doi:10.1016/j.smallrumres.2015.12.008
- 421 Eteqadi, B., Hossein-Zadeh, N.G., Shadparvar, A.A., 2015. Inbreeding effects on  
422 reproductive traits in Iranian Guilan sheep. *Trop. Anim. Health Prod.*, 47, 533-539.
- 423 Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, fourth ed.  
424 Longman.
- 425 FAO, 1992. The management of global animal genetic resources., Proceedings of an  
426 Expert Consultation, Rome, Italie, avril 1992. Edité par J. Hodges. *Animal*  
427 *Production and Health Paper No.104*. Rome.
- 428 González-Recio, O., López de Maturana, E., Gutiérrez, J.P., 2007. Inbreeding  
429 depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.*  
430 90, 5744–52. doi:10.3168/jds.2007-0203
- 431 Gutiérrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: A computer program for  
432 analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 172–176.  
433 doi:10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x

- 434 Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., Jordana, J., 2005. Pedigree information reveals  
435 moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the  
436 endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 378–386.  
437 doi:10.1111/j.1439-0388.2005.00546.x
- 438 Irano, N., Bignardi, A.B., Rey, F.S.B., Teixeira, I.A.M.A., Albuquerque, L.G., 2012.  
439 Parâmetros genéticos para a produção de leite em caprinos das raças Saanen e  
440 Alpina. *Rev. Ciência Agronômica* 43, 376–381.
- 441 Khan, M.S., Ali, A., Hyder, A.U., Chatta, A.I., 2007. Effect of inbreeding on growth  
442 and reproduction traits of Beetal goats. *Arch Tierz Dummerstorf* 50, 197–203.
- 443 Leroy, G., 2014. Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis.  
444 *Anim. Genet.* 45, 618–628. doi:10.1111/age.12178
- 445 Lôbo, R.N.B., Silva, F.L.R., 2005. Parâmetros genéticos para características de interesse  
446 econômico em cabras das raças Saanen e Anglo-nubiana. *Rev. Ciência  
447 Agronômica* 36, 104–110.
- 448 Malhado, C.H.M., Carneiro, P.L. S., Malhado, A.C.M., Martins, J.A.M. Martins Filho,  
449 R., Bozzi, R., 2010. History of registered Gyr breed in Brazilian Northeast:  
450 population structure and genetic improvement of growth traits. *Ciênc. Rural*, 40,  
451 1385-1391.
- 452 Mokhtari, M.S.; Moradi Shahrabak, M.; Esmailzadeh, A.K.; Moradi Shahrabak, H.;  
453 Gutiérrez, J.P., 2014. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding  
454 effectson growth and reproduction traits. *Small Rumin. Res.* 116, 14-20.
- 455 Oliveira, P.S., Santana Júnior, M.L., Pedrosa, V.B., Oliveira, E.C. de M., Eler, J.P.,  
456 Ferraz, J.B.S., 2011. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da  
457 linhagem Lemgruber. *Pesqui. Agropecuária Bras.* 46, 639–647.  
458 doi:10.1590/S0100-204X2011000600010
- 459 Oravcová, M., Margetín, M., 2011. Preliminary assessment of trends in inbreeding and  
460 average relatedness of the former Valachian sheep. *Slovak J. Anim. Sci.* 44, 90–96.
- 461 Oravcová, M., 2013. Pedigree analysis in White Shorthaired goat : First results 56, 547–  
462 554. doi:10.7482/0003-9438-56-053
- 463 Pedrosa, V.B., Santana, J.L., Oliveira, P.S., Eler, J.P., Ferraz, J.B.S., 2010. Population  
464 structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil.  
465 *Small Rumin. Res.* 93, 135–139. doi:10.1016/j.smallrumres.2010.05.012
- 466 Rashidi, A., Mokhtari, M.S., Gutiérrez, J.P., 2015. Pedigree analysis and inbreeding  
467 effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. *Small  
468 Rumin. Res.* 124, 1–8. doi:10.1016/j.smallrumres.2014.12.011
- 469 Scraggs, E., Zanella, R., Wojtowicz, A., Taylor, J.F., Gaskins, C.T., Reeves, J.J., de  
470 Avila, J.M., Neibergs, H.L., 2014. Estimation of inbreeding and effective

471 population size of full-blood wagyu cattle registered with the American Wagyu  
472 Cattle Association. *J. Anim. Breed. Genet.* 131, 3–10. doi:10.1111/jbg.12066

473 Vassallo, J., Diaz, C., Garcia-Medina, J., 1986. A note on the population structure of the  
474 Avileña breed of cattle in Spain. *Livest. Prod. Sci.* 15, 285–288. doi:10.1016/0301-  
475 6226(86)90035-7