



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO ANIMAL**

**ESTRUTURA POPULACIONAL DOS REBANHOS DA
RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS
LEITEIROS**

SHIRLEI BARROS DE MEDEIROS

**MOSSORÓ/RN – BRASIL
NOVEMBRO/2011**

SHIRLEI BARROS DE MEDEIROS

**ESTRUTURA POPULACIONAL DOS REBANHOS DA
RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS
LEITEIROS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFRSA, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Produção Animal.

Orientador: Prof. Dr. Olivardo Facó

MOSSORÓ – RN – BRASIL
NOVEMBRO – 2011

Ficha catalográfica preparada pelo setor de classificação e catalogação da Biblioteca “Orlando Teixeira” da UFERSA

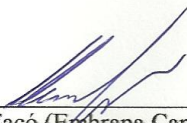
M488e	Medeiros, Shirlei Barros. Um estudo sobre a estrutura populacional de rebanhos da raça Saanen participantes do programa genético de caprinos leiteiros. / Shirlei Barros Medeiros -- Mossoró, 2011. 33f.:il. Dissertação (Mestrado em Produção Animal. Área de Melhoramento Genético Animal) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido. Orientador: Prof ^o . D.Sc. Olivardo Facó. 1.Caprinos. 2.Endogamia. 3.Coancestralidade. 4. Intervalo de geração. 5. Sub-população. I.Título. CDD: 636.39
-------	---

SHIRLEI BARROS DE MEDEIROS


**ESTRUTURA POPULACIONAL DE REBANHOS DA
RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS
LEITEIROS**

Dissertação apresentada à Universidade
Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA,
como parte das exigências para a obtenção
Do título de Mestre em Ciência Animal.

APROVADA EM 04/11/ 2011



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



Prof. Dr. Marcos Antônio de Andrade Medeiros (UFRN)
Membro Externo



Prof. Dr. Marcos Antônio Nóbrega de Sousa (UFERSA)
Membro Interno

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sua existência em meu viver, pelas bênçãos alcançadas mesmo quando não sou merecedora e principalmente por ter proporcionado fatos para que eu pudesse conhecê-lo um pouco a mais. A ti SENHOR muito obrigada!

Aos meus pais, que sempre estiveram ao meu lado me dando todo apoio necessário.

Ao CNPq / CAPES, pela concessão da bolsa de mestrado e pelo apoio financeiro.

À Universidade de Estudos de Firenze – UNIFI, ao Departamento de Biotecnologia, especialmente aos professores, Alessandro Giorgetti, Andrea Martini e Riccardo Bozzi.

Ao Prof. Dr. Olivardo Facó e Prof. Dr. Riccardo Bozzi, por quem passei a ter respeito como pessoa e profissional. Agradeço por todo acompanhamento dado neste período à fase de escrita final, além da orientação, confiança, paciência e amizade durante todo o curso.

À todos aqueles (parentes e não parentes) que durante este período estiveram presentes tanto de forma física como espiritual!

A todos,
Meu muito obrigada por tudo!

ESTRUTURA POPULACIONAL DE REBANHOS DA RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS LEITEIROS

Medeiros, Shirlei Barros de. ESTRUTURA POPULACIONAL DE REBANHOS DA RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS LEITEIROS. 2011. 33f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal: Melhoramento Genético) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2011.

RESUMO: O objetivo deste trabalho foi descrever a estrutura genética da população de caprinos da raça Saanen representada pelos rebanhos participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros. O arquivo de pedigree continha 2.786 informações de animais nascidos no período de 1981 a 2011. Foi utilizado o programa ENDOG para cálculo dos coeficientes individuais de endogamia (F) e coeficiente médio de parentesco (AR), número efetivo de animais (N_e), de fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a), o intervalo médio de gerações (GI), a integridade dos pedigrees e as estatísticas F de Wright. Os coeficientes individuais de endogamia e os médio de parentesco da população foram 1,04% e 0,86%, respectivamente. O número efetivo de fundadores estimado foi em 77 e o de ancestrais 70. Apenas 30 ancestrais explicaram 50% da variabilidade genética presente na população. O intervalo médio de gerações foi 3,37 anos e foi maior para machos que para fêmeas. Para a integridade dos pedigrees foram identificados 72,46% de animais com informação sobre os pais (reprodutores) e 69,71% sobre as mães. Quanto à subdivisão da população os valores obtidos para F_{ST} , F_{IS} e F_{IT} foram 0,030, -0,025 e 0,006, respectivamente, indicando não haver problemas imediatos para a manutenção da variabilidade genética da população. Todavia, o tamanho efetivo populacional número quando considerada a geração equivalente foi de apenas 34,49, indicando necessidade de esforços para a elevação do tamanho efetivo da população em estudo.

Palavras Chaves: Caprinos. Endogamia. Coancestralidade. Intervalo de geração. Subpopulação.

POPULATION STRUCTURE OF SAANEN HERDS PARTICIPATING IN THE BREEDING PROGRAM OF DAIRY GOATS

Medeiros, Shirlei Barros de. POPULATION STRUCTURE OF SAANEN HERDS PARTICIPATING IN THE BREEDING PROGRAM OF DAIRY GOATS. 2011. 33f. Master Science Degree in Animal Science: breeding – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2011.

ABSTRACT: The objective of the present study was to describe the population structure of Saanen goats represented by the herds participating of the Breeding Program for Dairy Goats. The pedigree file contained 2786 records from animals born from 1981 to 2011. The ENDOG 4.6 program was used for the calculation of individual inbreeding coefficient (F) and coefficient of average relatedness (AR), effective number of animals (N_e), effective number of founders (f_e) and ancestors (f_a), and generation interval (GI). Individual inbreeding coefficients and average relatedness in the population were 1.04% and 0.86%, respectively. The effective numbers of founders and ancestors were 77 and 70, respectively. Only 30 ancestry explained 50% of the genetic variability present in the population. The average generation interval was 3.37 years and it was longer for males than for females. For the integrity of the pedigrees, 72.29% of the bucks and 69.71% of the dams were identified. Regarding the population subdivision, the values obtained for F_{ST} , F_{IS} , and F_{IT} were 0.030, -0.025 and 0.006 respectively, showing that no immediate problems in maintenance of genetic diversity of the population. However, the effective population size, when considering the number generation equivalent, was only 34.49, indicating a need for efforts to increase the effective size of the population under study.

Keywords: Goat. Inbreeding. Coancestrality. Generation interval. Subpopulation.

SUMÁRIO

1. REFERENCIAL TEÓRICO.....	8
1.2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	12
2. ESTRUTURA POPULACIONAL DOS REBANHOS DA RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS LEITEIROS.....	14
3. ANEXO.....	27

1. REFERENCIAL TEÓRICO

No Brasil consta que os primeiros exemplares caprinos foram introduzidos pelos colonizadores portugueses, franceses e holandeses por volta de 1535 (PORTER, 1996). Todavia, apenas a partir da década de 70 é que surge o interesse na exploração comercial de caprinos para produção de leite. Diante desse interesse, em 1974 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Caprinos (ABCC), mais tarde dando origem à Associação Brasileira de Criadores de Caprinos Leiteiros (CAPRILEITE) e, em 1993, na Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos de Minas Gerais – ACCOMIG – CAPRILEITE (FONSECA & BRUSCHI, 2009). De acordo com esses mesmos autores, nas décadas de 70 e 80 esta associação foi responsável por um ciclo de importações que trouxe para o Brasil animais de várias raças especializadas na produção de leite, dentre elas a raça Saanen.

No último censo agropecuário brasileiro de 2006, o rebanho caprino foi de 7.107.608 cabeças, encontrando-se 91% na região nordeste (IBGE, 2011). Porém, do ponto de vista da produção de leite, identificam-se dois pólos de produção, um na região Nordeste e outro na região Sudeste. 75% da produção de leite caprino tem origem no Nordeste, principalmente nos estados do Rio Grande do Norte e Paraíba, enquanto que a região Sudeste apresenta 17% da produção, concentrada nos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro (FONSECA & BRUSCHI, 2009).

A raça Saanen, originária do Vale do Saanen na Suíça foi introduzida no Brasil na década de 70, com a primeira referência datada de 1974, no estado de Pernambuco (CASTRO, 1984). Os animais desta raça apresentam pelagem branca ou creme, com pelos curtos e finos, barbicha, brincos e cornos (JARDIM, 1964), de médio a grande porte. Oriunda de clima temperado, conforme Chemineau et al. (1991), a Saanen é a raça mais difundida no Brasil dentre as raças especializadas para a produção de leite. Assim, a Saanen é a raça com maior número de informações dentro do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (PMGCL) conduzido pela Embrapa Caprinos e Ovinos e parceiros (FACÓ et al., 2011).

O PMGCL foi iniciado no final de 2005, por iniciativa da Embrapa Caprinos e Ovinos, unidade descentralizada da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), vinculada ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), tendo como parceiros a Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos (ABCC) e suas associações subdelegadas. O principal plano de ação deste programa consistia na

implementação do 1º Teste de Progênie de Reprodutores Caprinos Leiteiros do Brasil (FACÓ & LOBO, 2008). Outro plano de ação fundamental foi a instituição do Arquivo Zootécnico Nacional de Caprinos Leiteiros (AZNCL). Para tal, em 2006 firmou-se um convênio entre o MAPA e a ACCOMIG/Caprileite, com vistas à implantação do Controle Leiteiro Oficial e alimentação do banco de dados do AZNCL. Em meados de 2010 o banco de dados do arquivo zootécnico do programa contava com informações de controles leiteiros oficiais provenientes de 22 rebanhos de caprinos leiteiros dos estados de SP, MG, RJ, ES e BA (FACÓ et al., 2011), fornecendo informações para estudos na área de melhoramento genético de caprinos leiteiros. Dentre estes estudos, o conhecimento da estrutura populacional dos rebanhos participantes do PMGCL é de fundamental importância para o delineamento do programa e tomadas de decisões estratégicas.

Informações de pedigree têm sido muito utilizadas para avaliar a diversidade genética e a estrutura populacional, em diversas raças de animais domésticos (VERCESI FILHO et al., 2002). Malhado et al. (2009) consideram informações de pedigree como instrumentos fundamentais para os estudos populacionais, visto que proporcionam como vantagem o baixo custo e a simplicidade de obtenção, ao se comparar com estudos relacionados a marcadores moleculares.

Uma das formas para determinar a estrutura de uma população, de acordo com Falconer & Mackay (1996), é expressá-la em termos do tamanho efetivo da população (N_e), que pode ser obtido a partir da variância ou da taxa de endogamia. Além do tamanho efetivo, muitos outros parâmetros, descritos a seguir neste texto, podem ser utilizados para caracterizar geneticamente a estrutura de uma população.

De acordo com Boichard et al. (1997), um gene escolhido aleatoriamente de qualquer loco autossômico, de um determinado animal, possui uma probabilidade de 50% em ser de origem paterna e 50% de origem materna, da mesma forma que apresenta uma probabilidade de 25% de ter sido originado de qualquer um dos quatro possíveis avós. Esta regra simples, aplicada ao pedigree completo do animal, fornece a probabilidade de que o gene seja originário de qualquer um de seus fundadores (ancestrais com pais desconhecidos). Este mesmo autor sugere, ainda, que se esta regra for aplicada a uma população e as probabilidades forem acumuladas por fundador, cada fundador k fica caracterizado por sua contribuição esperada (q_k) para o pool genético da população.

A preservação da diversidade genética a partir dos fundadores até gerações futuras pode ser mensurada pela estimativa da contribuição dos fundadores. Assim, segundo Boichard et al. (1997), esta estimativa poderia ser medida 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. Logo, quanto maior for o f_e , maior será a variabilidade genética da população.

Uma importante limitação da abordagem do número efetivo de fundadores (f_e) é que ele ignora potenciais gargalos no pedigree, o que, em determinadas situações pode levar a uma superestimativa do f_e . Para superar esta limitação, Boichard et al. (1997) propuseram o cálculo do número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar completamente a diversidade genética da população sob estudo, ao que chamaram de número efetivo de ancestrais f_a . Estes autores definiram ancestrais como aqueles animais cuja contribuição para constituição genética da população tenha sido marcante através do número de seus descendentes.

O coeficiente de endogamia (F) 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 & MACKAY, 1996). Assim, como colocado por Alcalá et al. (1995) e Faria et al. (2004), quando este coeficiente ultrapassa valores superiores a 10%, isto implica que ocorre aumento significativo do número de locos homozigotos, o que faz com que genes recessivos se expressem em maior proporção. O conhecimento da taxa de endogamia no transcorrer das gerações é fundamental, pois possibilita exercer uma melhor orientação de planos de acasalamentos dos animais, visando minimizar os efeitos negativos da endogamia sobre o desempenho produtivo e reprodutivo (REIS FILHO, 2006).

Outra medida do grau de endogamia na população advém do coeficiente médio de parentesco (AR) de um indivíduo. Goyache et al. (2003) define o AR como a dupla probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente, um para o animal e o outro para a população no pedigree, serem idênticos por descendência. 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.

Falconer & Mackay (1996) definem o tamanho efetivo (N_e) como o tamanho de uma população ideal que teria mesma quantidade de endogamia, em que os animais que se acasalam contribuem igualmente para o aumento da consanguinidade na próxima geração. O conhecimento do tamanho efetivo e do coeficiente de endogamia permite conhecer variabilidade genética de uma população e, portanto, traçar planos de manejo capazes de manter ou elevar esta variabilidade. Segundo esses autores, o número efetivo (N_e) de uma população pode ser estimado de acordo com a variação no coeficiente de endogamia:

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

A estatística F foi descrita por WRIGHT (1951) e posteriormente aperfeiçoada por outros autores como Weir & Cockerham (1984). Estas estatísticas fornecem informações resumidas relacionadas à estrutura de uma população em estudo. Os parâmetros envolvidos nesta teoria são: F_{ST} , F_{IT} e F_{IS} . Dentre estes F_{IS} e F_{ST} são os mais interessantes, já que o primeiro proporciona uma informação sobre a consanguinidade de cada subpopulação (rebanho) e o segundo as diferenças genéticas entre elas (SASTRE, 2003). O F_{ST} é o índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade em toda a população, o qual está relacionado à redução da heterozigosidade das subpopulações com relação à população total, quantificando o grau de divergência entre populações. O F_{IS} é o índice de fixação dentro das subpopulações, ou seja, a redução da heterozigosidade de um indivíduo com relação a uma subpopulação. Já o F_{IT} é o índice de fixação nos indivíduos do conjunto populacional, o que indica redução da heterozigosidade de um indivíduo com relação à população total.

Outro parâmetro populacional importante é o intervalo de gerações (IEG). Este parâmetro 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 conhecimento da integridade do pedigree, dada pela “representação gráfica dos antepassados conhecidos ao longo das gerações” (GOYACHE et al., 2003) é de fundamental importância em estudos de estrutura de populações, pois a precisão das estimativas de parâmetros populacionais supracitados dependem da qualidade dos pedigrees disponíveis (BOICHARD et al., 1997).

1.2. REFERÊNCIAS

ALCALÁ, A. M.; FRANGANILLO, A. R.; CÓRDOBA, M. V. Análisis genético de los niveles de consanguinidad en la raza Retinta. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 44, p. 257-265, 1995.

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

CASTRO, A. **A cabra**. 3. ed. Rio de Janeiro: Freitas Bastos, 1984.

CHEMINEAU, P.; CAGNIÉ, Y; GUÉRIN, Y.; ORGEUR, P.; VALLET, J. C. Training manual on artificial insemination in sheep and goats. **Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO)**. FAO Animal Production and Health Paper, Rome, 1991.

FACÓ, O.; LÔBO, R. N. B. Programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros In: CONGRESSO ZOOTEC, 1, 2008, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa, 2008. p. 338-384.

FACÓ, O.; LÔBO, R. N. B.; GOUVEIA, A. M. G.; PAIVA GUIMARÃES, M. P. S. L. M.; FONSECA, J. F.; SANTOS, T. N. M.; SILVA, M. A. A.; VILLELA, L. C. V. Breeding plan for commercial dairy goat production systems in southern Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 98, p. 164-169, 2011.

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

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Longman: Essex, 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, p.1984-1988, 2001.

FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura genética da raça Sindí no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v. 33, n.4, jul./aug. 2004.

FONSECA, J. F.; BRUSCHI, J. H. A Caprinocultura Leiteira no Brasil: Uma Visão Histórica. In: FONSECA, Jéferson Ferreira da; BRUSCHI, José Henrique (Comp.). **Produção de Caprinos na Região da Mata Atlântica**. Sobral, Embrapa Caprinos, Cap. 1, p. 15-24. 2009.

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**, v.120, p. 95-103, 2003.

IBGE. **Censo Agropecuário 2006**: resultados preliminares. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/2006/default.shtm>>. Acesso em: 17 maio 2011.

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

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, J. C. de. Melhoramento e estrutura populacional de bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.215-220, fev. 2008.

MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; MARTINS FILHO, A. D. M. R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordeste. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.44, n.7, p.713-718, jul. 2009.

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

PORTER, V. **Goats of the World**. London: Farming Press. p. 151- 156, 1996.

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

SASTRE, H.J. **Descripción, situación actual y estrategias de conservación de la raza bovina colombiana criolla Casanare**. Tese de Doutorado. Cordoba (Espanha): Universidade e Cordoba, 2003.

VERCESI FILHO, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002.

WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating *F*-Statistics for the analysis of population structure. **Evolution**, 38: 1358–1370, 1984.

WRIGHT, S. The genetical structure of populations. **Ann. Eugen.** v.15, p. 323-354, 1951.

2. ESTRUTURA POPULACIONAL DOS REBANHOS DA RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS LEITEIROS

Trabalho submetido a revista:
ARCHIVO DE ZOOTECNIA.
ISSN 1885-4494.
Página eletrônica
<http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/az.htm>
ISSN 1885-4494

ESTRUTURA POPULACIONAL DOS REBANHOS DA RAÇA SAANEN PARTICIPANTES DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CAPRINOS LEITEIROS

POPULATION STRUCTURE OF SAANEN HERDS PARTICIPATING IN THE BREEDING PROGRAM OF DAIRY GOATS

Medeiros, S. B.¹, Olivardo, F.² e Riccardo, B.³

¹ Rua Luzinha Falcão, 46. Costa e Silva. Mossoró-RN. Brasil E-mail: shailaister@gmail.com

² Embrapa Caprinos. Sobral-CE. Brasil. E-mail: faco@cnpq.embrapa.br

³ Unifi – Universidade de Estudos de Florença. Florença. Itália. E-mail: riccardobozzi@unifi.it

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi descrever a estrutura genética da população de caprinos da raça Saanen representada pelos rebanhos participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros. O arquivo de pedigree continha 2.786 informações de animais nascidos no período de 1981 a 2011. Foi utilizado o programa ENDOG para cálculo dos coeficientes individuais de endogamia (F) e coeficiente médio de parentesco (AR), número efetivo de animais (N_e), de fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a), o intervalo médio de gerações (GI), a integridade dos pedigrees e as estatísticas F de Wright. Os coeficientes individuais de endogamia e o coeficiente médio de parentesco da população foram 1,04% e 0,86%, respectivamente. O número efetivo de fundadores estimado foi em 77 e o de ancestrais 70. Apenas 30 ancestrais explicaram 50% da variabilidade genética presente na população. O intervalo médio de gerações foi 3,37 anos e foi maior para machos que para fêmeas. Para a integridade dos pedigrees foram identificados 72,29% de animais com informação sobre os pais (reprodutores) e 69,71% sobre as mães. Quanto à subdivisão da população os valores obtidos para F_{ST} , F_{IS} e F_{IT} foram 0,030, -0,025 e 0,006, respectivamente, indicando não haver problemas imediatos para a manutenção da variabilidade genética da população. Todavia, o tamanho efetivo populacional número quando considerada a geração equivalente foi de apenas 34,49, indicando necessidade de esforços para a elevação do tamanho efetivo da população em estudo.

Palavras Chaves: Endogamia. Coancestralidade. Intervalo de geração. Sub-população. Tamanho efetivo populacional.

SUMMARY

The objective of the present study was to describe the population structure of Saanen goats represented by the herds participating of the breeding Program of Dairy Goat. The pedigree file contained 2786 records from animals born from 1981 to 2011. The ENDOG 4.6 program was used for the calculation of individual inbreeding coefficient (F) and coefficient of average relatedness (AR), effective number of animals (N_e), effective number of founders (f_e) and ancestors (f_a), and generation interval (IEG). Individual inbreeding coefficients and average relatedness in the population were 1.04% and 0.86%, respectively. The effective numbers of founders and ancestors were 77 and 70, respectively. Only 30 ancestry explained 50% of the genetic variability present in the population. The average generation interval was 3.37 years and it was longer more for males than for females. For the integrity of the pedigrees, 72.29% of the bucks and 69.71% of the dams were identified. Regarding the population subdivision, the values obtained for F_{ST} , F_{IS} , and F_{IT} were 0.030, -0.025 and 0.006 respectively, showing that no immediate problems in maintenance of genetic diversity of the population. However, the effective population size, when considering the number generation equivalent, was only 34.49, indicating a need for efforts to increase the effective size of the population under study.

Keywords: Inbreeding. Coancestrality. Generation interval. Subpopulation. Effective population size.

INTRODUÇÃO

O rebanho mundial de caprinos é estimado em 867 milhões de cabeças, segundo a Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2009). O Brasil possui aproximadamente 9,1 milhões de cabeças (IBGE, 2009), o que representa apenas 1% do efetivo mundial. Deste montante, 1,9% encontra-se na Região Norte, 91% no Nordeste, 2,4% no Sudeste, 3,4% no Sul e 1,2% no Centro-Oeste.

Segundo dados da FAO (2009), no mundo, a produção estimada de leite caprino é de 15.510.416 toneladas de leite. No mesmo ano, o Brasil produziu 143.768 toneladas de leite, o que corresponde a 0,9% da produção mundial. 75% da produção brasileira é proveniente da região Nordeste, mais notadamente nos estados do Rio Grande do Norte e da Paraíba, enquanto a Região Sudeste responde por 17%, com produções concentradas nos estados de Minas Gerais e Rio de Janeiro. Fazendo um paralelo entre rebanho e produção, é facilmente perceptível que a produtividade na região Sudeste é bem superior ao da região Nordeste, dado que o Nordeste detém 91% do rebanho, mas apenas 75% da produção, enquanto que a região Sudeste é responsável por 17% da produção a partir de apenas 3,4% do rebanho.

O aumento da eficiência e da produtividade é uma necessidade, uma vez que a procura por produtos de origem caprina vem crescendo no decorrer dos anos. Neste sentido, assume grande importância o estabelecimento de um programa de melhoramento genético capaz de atuar como ferramenta para a identificação de animais geneticamente superiores e de orientar a seleção e os acasalamentos voltados para a obtenção de maiores ganhos genéticos.

Em 2005, de acordo com Facó *et al.* (2008), a Embrapa Caprinos e Ovinos e parceiros iniciou um projeto de pesquisa e desenvolvimento intitulado “Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros” com os objetivos fundamentais de estruturar um banco de dados com informações sobre o desempenho produtivo e reprodutivo e implementar um teste de progênie das raças Saanen, Alpina e Anglo Nubiana. Este programa continua até os dias atuais com a condução de controle leiteiro oficial e testes de progênie em parceria com a Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos de Minas Gerais (ACCOMIG), Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, dentre outros parceiros, representando um marco para a caprinocultura leiteira brasileira (Facó *et al.*, 2011).

Todo programa de melhoramento genético é dependente da manutenção da variabilidade genética populacional. De acordo com Vozzi *et al.* (2006), 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. 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, neste trabalho o objetivo foi estudar a estrutura populacional representada pelos rebanhos da raça Saanen participantes do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros conduzido pela Embrapa Caprinos e Ovinos e parceiros como forma de monitorar a variabilidade genética, identificar tendências e propor eventuais medidas corretivas.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho foram utilizados dados de genealogia do Arquivo Zootécnico Nacional de Caprinos Leiteiros (AZNCL), de animais da raça Saanen provenientes de 17 rebanhos desta raça, advindos da região Sudeste do Brasil, dos estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, São Paulo e Espírito Santo, participantes do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (PMGCL), liderado pela Embrapa Caprinos e Ovinos e pela Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos de Minas Gerais (ACCOMIG/Caprileite). O arquivo de genealogia, utilizado para análise da estrutura genética da população constou de informações de parentesco de 2.786 animais nascidos entre os anos de 1981 a 2011.

A estrutura dos dados de genealogia do corpus supracitado consiste de informações tais como: Animal, Pai, Mãe, Sexo, Data de Nascimento e Rebanho, que foram submetidos à análise de consistência dos dados por procedimentos estatísticos contidos no SAS/STAT® software (SAS, 2003), a fim de eliminar registros como erros relacionados à tabulação dos dados, como também verificar observações incompletas e repetidas dos mesmos. Em seguida, com a utilização do software ENDOG v4.6 (Gutiérrez *et al.*, 2009), foi feita a análise do

pedigree e estimativa de parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, coeficiente de endogamia, intervalo de gerações, estatística F e a caracterização do rebanho.

Para o cálculo do coeficiente de endogamia, o ENDOG utiliza o algoritmo que foi sugerido por Meuwissen e Luo (1992), calculado para os animais que apresentaram todo o seu pedigree conhecido (geração completa) e para toda a população (geração máxima).

Em relação ao aumento no coeficiente de consanguinidade (ΔF), este foi calculado para cada geração por meio da clássica fórmula $\Delta F = F_t - F_{t-1} / 1 - F_{t-1}$, 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. Utilizando ΔF , o ENDOG v4.6 calcula o tamanho efetivo da população como $N_e = 1/2\Delta F$ para cada geração que apresenta $F_{t-1} > F_t$. Todavia, conforme destacaram Goyache *et al.* (2003), em pequenas populações, os vários métodos para calcular o N_e podem levar a uma superestimativa. Assim, para melhor caracterizar este parâmetro, foram calculados e fornecidos outros três valores adicionais de N_e , pelo cálculo do coeficiente de regressão (b) do coeficiente de endogamia individual em função de: i) número de gerações completas; ii) número de geração máxima; e iii) o número de gerações equivalentes, através da expressão $N_e = 1/2b$.

A estimativa do número efetivo de fundadores (f_e) foi feita de acordo com Boichard *et al.* (1997), adotando $f_e = 1/\sum_{k=1}^f q_k^2$, onde f_e = número de fundadores e $\sum_{k=1}^f q_k^2$ = somatório da contribuição esperada do número de progênies (q) do fundador (k) na população, sendo q_k o parentesco médio do fundador. Já o número efetivo de ancestrais (f_a) foi obtido computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por $f_a = 1/\sum_{j=1}^a q_j^2$, em que, 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.

O coeficiente médio de parentesco (AR), definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente da população pertencer a um dado animal (Goyache *et al.*, 2003), foi calculado utilizando-se um algoritmo para obter um vetor c' definido como: $c' = (1/n) 1'A [1]$, sendo A o numerador da matriz de parentesco de tamanho $n \times n$, o qual 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 (Quass, 1976), por meio de: $A = (I - 1/2 \cdot P)^{-1} D (I - 1/2 \cdot P')^{-1} [2]$, onde D é uma matriz diagonal com elementos não zero obtidos por: $d_{ii} = 1 - 1/4 \cdot a_{ij} - 1/4 \cdot a_{kk} [3]$, j e k são os pais do indivíduo i de [2], $A (I - 1/2 \cdot P') = (I - 1/2 \cdot P)^{-1} D$, pré-multiplicando por $(1/n) 1' A (I - 1/2 \cdot P') = (1/n) 1' (I - 1/2 \cdot P)^{-1} D$ e usando [1]: $c' (I - 1/2 \cdot P') = (1/n) 1' (I - 1/2 \cdot P)^{-1} D$, multiplicando c' entre parenteses e isolando $c' = (1/n) 1' (I - 1/2 \cdot P)^{-1} D + 1/2 \cdot c' P' [4]$.

Foram calculados os intervalos de geração como a idade média dos pais ao nascimento das progênies mantidas para reprodução (James, 1977) e a idade médias dos pais ao nascimento de todos os seus filhos (utilizados para reprodução ou não). Em ambos os casos, os intervalos de geração foram calculados de quatro formas diferentes: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha.

As estatísticas F de Wright (1978) foram calculadas de acordo com Caballero e Toro (2000), com base em três parâmetros: $F_{IS} = (\bar{F} - \bar{f}) / (1 - \bar{f})$, $F_{ST} = (\tilde{f} - \bar{f}) / (1 - \bar{f})$ e $F_{IT} = (\bar{F} - \tilde{f}) / (1 - \tilde{f})$, onde: \tilde{f} e \bar{F} são, respectivamente, o coeficiente de parentesco e o coeficiente de consanguinidade para a metapopulação e, \bar{f} , o parentesco médio dentro de subpopulação.

Por fim, foi estudada a importância genética de cada um dos 17 rebanhos da raça Saanen participantes do PMGCL a partir da contribuição dos rebanhos com bodes para a população (Vassallo *et al.* 1986). Assim, os rebanhos foram classificados como: (1) rebanho núcleo, se o criador utiliza apenas reprodutores de origem própria e fornece reprodutores para outros rebanhos; (2) rebanho multiplicador, se o criador utiliza reprodutores adquiridos de outros e também fornece reprodutores; e (3) rebanho comercial, se o criador utiliza apenas reprodutores adquirido de outros e nunca vende reprodutores.

RESULTADO E DISCUSSÃO

O Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros (PMGCL) teve início no ano de 2005 quando iniciou-se a construção do seu bando de dados e, portanto, o registro da genealogia dos animais. Todavia, como o programa conta basicamente com rebanhos que fazem registro genealógico oficial, existem informações de genealogia dos animais nascidos anteriormente ao início do programa. Isto explica o fato de se observarem na genealogia dos dados do PMGCL animais nascidos desde 1981 até 2011, como mostrados na **figura 1**. Vale destacar que ainda na **figura 1** encontram-se pouquíssimas informações de animais nascidos no banco de dados do PMGCL entre os anos de 1981 a 1994, havendo um aumento progressivo a partir do ano de

1995. Isto está relacionado ao fato de que o PMGCL se iniciou em 2005 e os dados de genealogia dos animais nascidos nos anos anteriores tendem a ser menos frequentes quanto mais afastados de 2005. Observa-se ainda que o período entre 2005 e 2009 é aquele que apresenta uma maior frequência de registros na genealogia do PMGCL, estando o ano de 2011 incompleto em função de que os dados para a realização deste trabalho foram obtidos em meados de 2011.

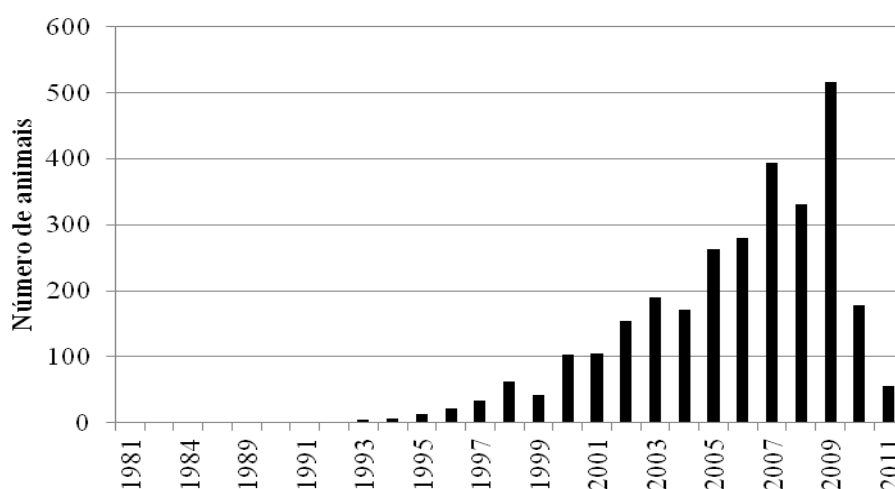


Figura 1. Número de animais da raça Saanen contidos na matriz de parentesco dos rebanhos participantes do PMGCL, de acordo com o ano de nascimento. (Number of Saanen animals contained in the relationship matrix of herds participating in the PMGCL, according to year of birth).

O número efetivo de ancestrais f_a encontrado foi inferior ao número efetivo de fundadores f_e . Quando esse tipo de situação ocorre, significa que um certo número de animais que contribuíram para formação da população em estudo não continuaram atuando de maneira efetiva no rebanho atual, ou seja, houve animais, além dos considerados fundadores, que contribuíram de forma efetiva para a composição genética do rebanho, conforme **tabela I**.

Tabela I. Dados demográficos e parâmetros populacionais de animais da raça Saanen dos rebanhos participantes do PMGCL. (Demographic data and population parameters of cattle breed livestock Saanen participants PMGCL).

Parâmetro	Valor observado
Tamanho da população analisada	2.786
Tamanho da população referência	1.742
Coefficiente de Endogamia (F%)	1,04
Coefficiente de Parentesco Médio (AR%)	0,86
Número efetivo de fundadores (f_e)	77
Número efetivo de ancestrais (f_a)	70
Número de ancestrais que contribui para a população	496
Nº de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	30
População base (com pelo menos um parente desconhecido)	1044

O ideal é que o número de animais efetivos sejam os mais próximos possíveis do tamanho da população fundadora. No presente estudo verificou-se uma pequena redução o que indica que não houve grandes perdas em relação à população fundadora. Os valores de f_e e f_a , quando comparados com os números das populações base e referência, demonstra que o rebanho se desenvolve a partir de uma estreita base genética, levando a um gargalo genético com perdas de alelos de origem, com base na **tabela I**.

Estes valores ficaram próximos àqueles encontrados por Vozzi *et al.* (2006) para a raça Nelore quando analisou um arquivo de pedigree com 399.253 animais, mas foram inferiores àqueles encontrados por Pedrosa *et al.* (2010) analisando a genealogia de 17.097 ovinos da raça Santa Inês, ou seja, apesar dos resultados dos números efetivos desses autores terem sido de uma população infinitamente maior em relação ao índice numérico observa-se uma maior variabilidade genética em relação ao tamanho efetivo da população da raça Nelore.

O número de ancestrais que contribuíram de forma efetiva para a população referência (1.742) foi de 496 animais. Deste total, 30 animais explicaram 50% da variabilidade total encontrada na população em estudo é demonstrado na **figura 2**. Essa situação é reflexo dos valores do f_e e f_a encontrados e, principalmente do uso intensivo de alguns reprodutores. Além disso, o valor baixo de f_e revela que os indivíduos dessa população provém de um número bastante pequeno de animais, o que dificulta o controle da endogamia da mesma.

Estes resultados de f_e são superiores àqueles encontrados por Reis Filho *et al.* (2010) para a raça Gir, Cecchi *et al.* (2006) para a raça Amiata e Barros *et al.* (2011) para a raça caprina Marota. Por outro lado, inferior àqueles encontrado por Azor *et al.* (2008) para a raça ovina Merina e Paiva *et al.* (2011) para a raça Somali.

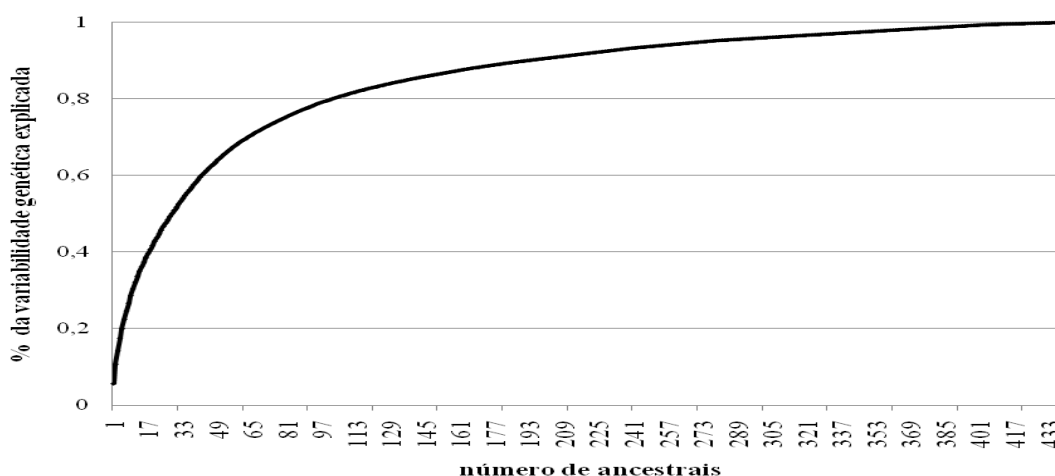


Figura 2. Contribuição acumulada de ancestrais para a variabilidade genética da população. (Cumulative contribution of ancestors to the genetic variability of the population).

Para a geração completa (gerações mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos), a percentagem de animais consanguíneos variou de aproximadamente 5% na segunda geração até o máximo valor de 50% para geração completa, com conseqüente aumento da consanguinidade e do AR, ao longo das gerações, presentes na **tabela II**. Observa-se ainda uma forte elevação da endogamia entre a primeira e a segunda geração, reduzindo o tamanho efetivo de 50,2 para 13,5.

Tabela II – Número de animais (N), Coeficiente de endogamia (F), porcentagem de indivíduos consanguíneos (POR), coeficientes para animais consanguíneos (FC), coeficiente médio de parentesco (AR) e número efetivo (N_e) por geração completa. (Number of animals (N), coefficient inbreeding (F), percentage of individuals inbreeding (POR), inbreeding of coefficient animals (FC), coefficient of average relatedness (AR) and effective size (N_e) by complete generation).

Geração	N	F	POR	FC	AR	N_e
0	1044	0,00%			0,36%	
1	1417	0,99%	5,86%	16,98%	1,03%	50,2
2	318	4,66%	50%	9,32%	1,70%	13,5
3	7	0,00%			1,91%	

No que diz respeito à geração máxima, de acordo com a **tabela III**, observa-se ausência de consanguinidade na primeira geração. Isto ocorre devido ao fato dessa geração comportar os primeiros filhos dos animais fundadores.

Nos animais da segunda geração observa-se a presença de consanguinidade, mesmo que em níveis baixos, visto que quanto menor o número de animais e maior o número de gerações conhecidas, maior será a probabilidade de haver aumentos de F e de AR, especialmente em rebanhos pequenos, como é o caso. Isto se dá por que em fases mais avançadas já se tem controle dos pedigrees permitindo a estimativa da consanguinidade, o que não é possível para os animais fundadores.

Tabela III. Número de animais (N), coeficiente de endogamia (F), porcentagem de indivíduos consanguíneos (POR), coeficiente de consanguinidade médio para animais endogâmicos (FC), coeficiente médio de parentesco (AR) e número efetivo (N_e) por geração máxima. (Number of animals (N), coefficient inbreeding (F), percentage of individuals inbreeding (POR), coefficient inbreeding of animals (FC), coefficient of average relatedness (AR) and effective size (N_e) by maximum generation).

Geração	N	F	POR	FC	AR	N_e
0	572	0,00%			0,15%	
1	607	0,00%			0,51%	
2	571	1,38%	6,65%	20,72%	0,98%	36,2
3	501	1,28%	8,18%	15,63%	1,37%	
4	341	2,29%	22,58%	10,13%	1,38%	54,3
5	168	3,49%	44,64%	7,82%	1,41%	40,5
6	20	1,35%	25,00%	5,39%	1,59%	
7	6	11,75%	100,00%	11,75%	1,22%	5,8

Os valores de F mostraram uma tendência de elevação a partir da segunda até a quinta geração. Isto é de se esperar, pois à medida que as gerações se sucedem melhor se conhece a genealogia dos animais. Embora o nível de endogamia ainda não tenha atingido o nível crítico de 10%, citado por Alcalá *et al.* (1995) e Faria *et al.* (2004), observa-se uma clara tendência de elevação da endogamia acima desta porcentagem, por serem estes poucos indivíduos altamente endogâmicos, evidenciando que são de uma família restrita sem parentesco controle e daí não se poder fazer nenhum comentário melhor às gerações 6 e 7 por apresentar problemas com amostragem. Essa tendência, somada à observação de elevação no percentual de animais endogâmicos, indica a necessidade da adoção de medidas de controle da endogamia. Neste sentido, dado que o número efetivo de animais fundadores e ancestrais, embora reduzido, não é totalmente limitante, uma melhor orientação dos acasalamentos poderia corrigir esta tendência.

Ainda na **tabela III**, a oscilação observada no tamanho efetivo da população (N_e), deve-se à variação no coeficiente médio de endogamia entre as gerações, visto que o N_e é calculado em função do incremento da endogamia (ΔF).

Daí, levando em consideração o ΔF para geração máxima (número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto), não é possível observar uma tendência clara, pois há gerações que mostraram redução no coeficiente de endogamia impossibilitando o cálculo do tamanho efetivo, como também as gerações seis e sete apresentam número de animais muito restrito, impossibilitando os cálculos do tamanho efetivo, além de uma grande oscilação em relação ao grau de consanguinidade.

Observa-se na **tabela IV** os valores de N_e calculados pela regressão do coeficiente de endogamia individual, em função do número de gerações (completas, máximas ou equivalentes), pode-se verificar uma

grande variação nos valores obtidos. Isto está de acordo com o que destacaram Goyache *et al.* (2003) quando afirmaram que, em pequenas populações, os três métodos para calcular o N_e podem levar a uma superestimativa. Assim, provavelmente o valor mais realístico para a presente população é aquele relativo à regressão, em função do número de geração equivalente (somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, onde n corresponde ao número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido), o qual se situa abaixo dos 50 animais recomendados pela FAO (1998).

Tabela IV. Número médio de gerações traçadas, incremento da consanguinidade (ΔF) e número efetivo (N_e), para cada geração considerada. (Number the traced generations, an increase of inbreeding (ΔF) and effective size (N_e) by each generation considered).

Tipos de Gerações	Número médio	ΔF (%)	N_e
Completas	0,74	1,84	27,19
Máximas ¹	2,02	0,65	77,10
Equivalentes	1,20	1,45	34,49

¹ Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

O intervalo médio de gerações foi de 3,37 anos, apresentando valores superiores para pai-filho e mãe-filho, do que para pai-filha e mãe-filha, conforme na **tabela V**. Isto pode estar indicando que os criadores têm optado por selecionar filhos de reprodutores e matrizes mais velhos, quando já têm uma maior segurança sobre a qualidade das progênes que estes são capazes de produzir. Já para a seleção das filhas que serão retidas como matrizes de reposição, a própria necessidade de um maior número de animais para a reposição leva à seleção de filhas de animais mais jovens.

Todavia, em programas de melhoramento genético, a taxa anual de ganho genético é inversamente proporcional ao intervalo de gerações. Portanto, em práticas de seleção, quanto menor for o intervalo de geração, maior será o ganho genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual, para características em processo de seleção. Logo, seleção de filhos de reprodutores mais velhos induz a uma elevação do intervalo de gerações, como também ocorre a redução do ganho genético.

Neopane e Pokharel (2005), em estudo com rebanhos de caprinos da raça Khari, encontraram valores médio de IEG de 2,75 anos, enquanto León *et al.* (2005) encontraram os valores de 2,55 e 2,50 anos, para cabras da raça Granadina, em Granada e Córdoba, respectivamente. Estes resultados demonstram intervalos de geração inferiores aos observados no presente estudo, o que talvez possa ser explicado pelo fato destes últimos resultados serem provenientes de dados de programas de seleção já estabelecidos há mais tempo.

Tabela V. Intervalo de geração (anos) nos rebanhos da raça Saanen participantes do PMGCL, de acordo com a via de transmissão. (Generation interval (years) of Saanen herds participating of the PMGCL, according to the transmission way).

Via de transmissão	Número	Média	Erro-padrão
Pai-filho	49	4,30	0,36
Pai-filha	624	3,40	0,07
Mãe-filho	43	4,42	0,37
Mãe-filha	559	3,17	0,08
Total	1275	3,37	0,05

Também é importante destacar que a execução de testes de progênie tende a aumentar o intervalo de gerações, pois exigem um tempo relativamente elevado para testar os reprodutores. Todavia, espera-se que este aumento no intervalo de gerações seja compensado pela seleção mais acurada de reprodutores de maior mérito genético.

Como pode ser observado na **figura 3**, o coeficiente de endogamia (F) manteve-se igual a zero no período de 1981 a 1998. Isto se deve ao fato de que neste período ocorreu a presença de animais de genealogia desconhecida (fundadores) e, portanto, considerados como não consanguíneos.

A partir de 1999, observa-se uma clara tendência de elevação do coeficiente de endogamia médio, culminando com um coeficiente de endogamia próximo de 2% para o ano de 2004 e 3% para o ano de 2010. Vale salientar que esta elevação é esperada, à medida que as informações de genealogia dos animais vão ficando mais conhecidas. Todavia, um nível de endogamia próximo de 5% já é motivo de preocupação e exige que medidas mitigadoras sejam adotadas.

Os coeficientes médios de parentesco (AR) mantiveram-se praticamente constantes durante o período de 1993 a 1998 não ultrapassando 0,004, e crescendo a partir do ano de 1999 moderadamente com o valor de 0,013, valores estes referente ao animal que mais contribuiu para o rebanho para . Isso pode estar mais relacionado à falta de informações de registros, que beneficiam os cálculos, do que ser fruto de uma gestão adequada, visto que nos anos seguintes este valor estabilizou em torno de 1%. Estes baixos valores de AR podem ser úteis como uma “ferramenta” no controle de possíveis aumentos da consangüinidade.

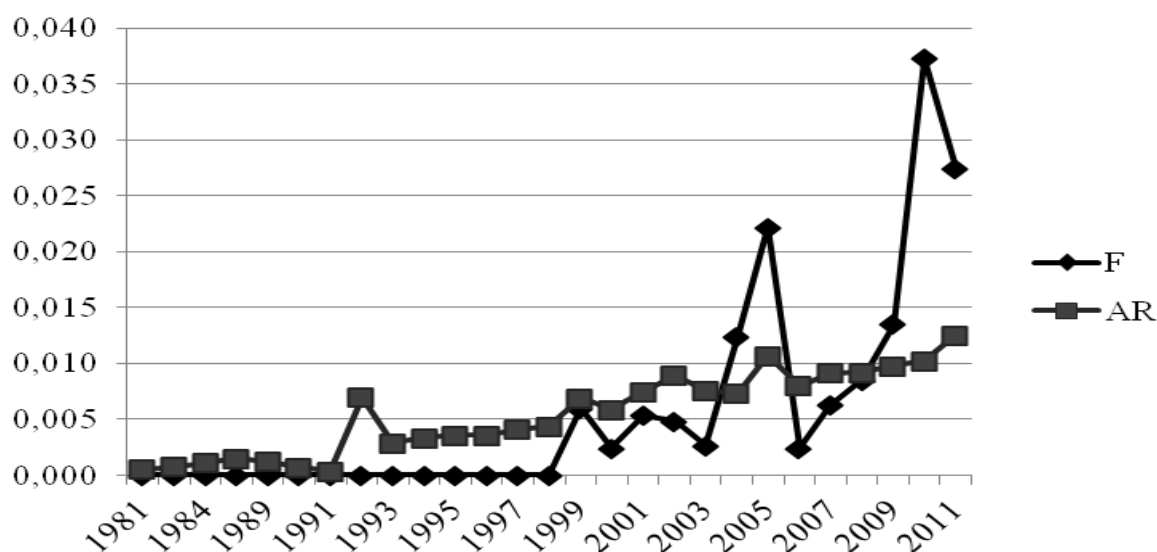


Figura 3. Evolução do coeficiente médio de consanguinidade (F) e o coeficiente médio de parentesco (AR) nos rebanhos participantes do PMGCL, de acordo com o ano de nascimento. (Coefficient average of the inbreeding evolution (F) and the coefficient of average relatedness (AR) in the herds participating of the PMGCL, according to the birth date).

Para a integridade dos pedigrees observa-se que do total de 2.786 animais registrados, apenas 72,29% têm os pais conhecidos, enquanto apenas 69,71% têm as mães identificadas, como mostra a **figura 4**. Também, conforme a **figura 4** é possível perceber que as percentagens de avós, bisavós e trisavós etc conhecidos, na população estudada, regrediram no arquivo de pedigree, à medida que se elevou o número de gerações. Percebe-se ainda que as informações na linha materna são um pouco mais completas, do que as da linha paterna.

A análise de dados dessa natureza com base em pedigrees completos é fundamental, visto que todos os parâmetros são estimados com base neles. Percebe-se, portanto que, há um baixo nível de integridade nos pedigrees do banco de dados do Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros, o que prejudica a qualidade dos parâmetros populacionais estimados exigindo uma maior cautela na interpretação dos resultados do presente estudo.

Dado que a maioria dos animais participantes do programa são animais com informações de registro genealógico oficial, os resultados desta análise indicam a necessidade de um maior esforço no sentido de enriquecer as informações de genealogia do banco de dados do programa.

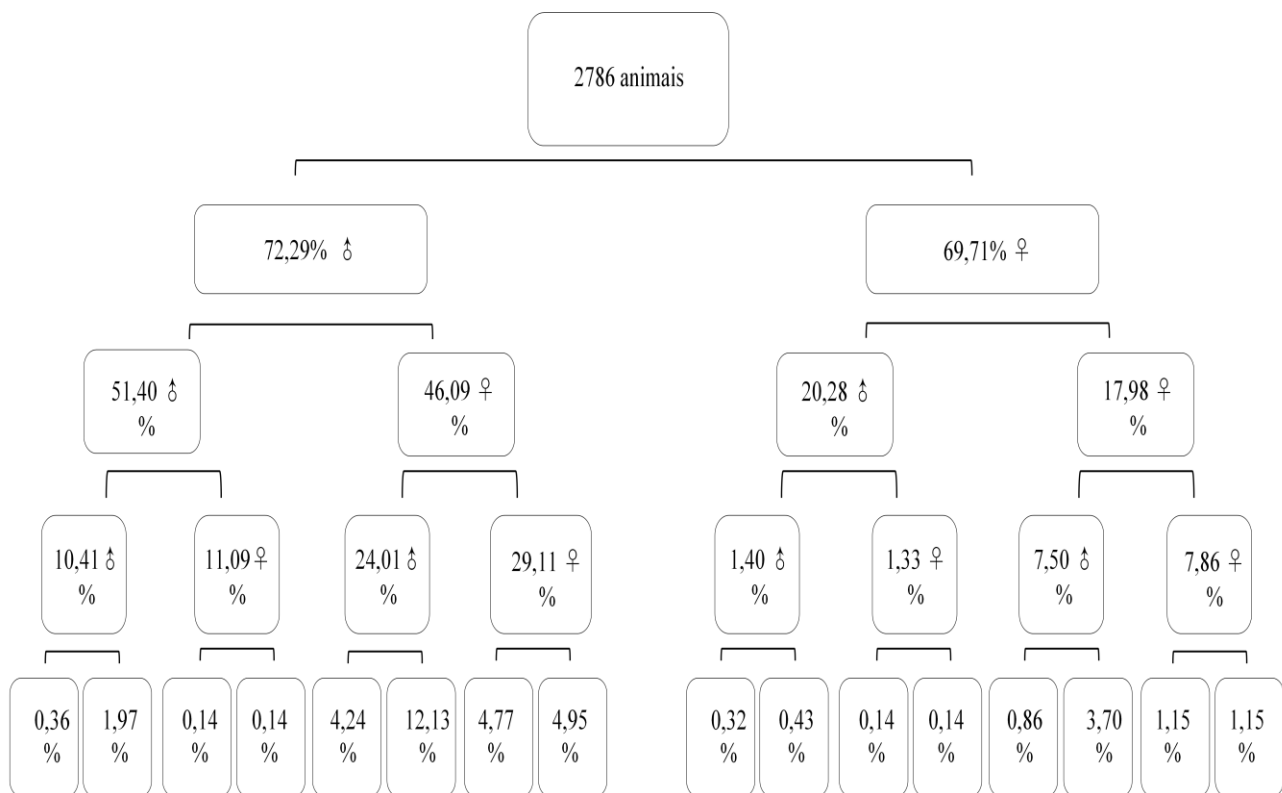


Figura 4. Integridade do pedigree da raça Saanen. (Integrity of pedigree of Saanen).

No que concerne à situação da população em estudo, quanto à ocorrência de subdivisão, foi avaliada apresentando para F_{ST} , F_{IS} e F_{IT} os valores de 0,030, -0,025 e 0,006, respectivamente. Assim, o valor de F_{ST} encontrado para a população em estudo evidencia que praticamente não há diferenciação entre os rebanhos. Um dos fatores que pode estar contribuindo para esta não diferenciação é a presença de filhos de reprodutores em teste de progênie em praticamente todos os rebanhos da população estudada. Baseado nisto, não se verifica evidência de maior perda de heterozigiosidade na população. O valor encontrado para o F_{IS} (-0,025) é negativo, mas muito próximo de zero, mostrando que o nível de endogamia real não excede o nível esperado se os acasalamentos fossem ao acaso e não indicando maiores problemas de elevação da endogamia dentro dos rebanhos. Isto pode refletir a preocupação que os criadores têm em evitar os acasalamentos entre parentes muito próximos.

Shadma *et al.* (2008) estudando a variabilidade genéticas das raças caprinas indianas Zalawadi, Gohilwadi e Surt, encontraram valores para F_{IS} de 0,058, 0,057 e 0,070, respectivamente, como também Kumar *et al.* (2005) para a raça Maruwari ($F_{IS}= 0,264$), Serrano *et al.* (2009) e Igarashi *et al.* (2000) também para raças caprinas, sendo estes valores supracitados superiores ao do presente estudo.

Além disso, diante de tal fato, o baixo valor de F_{ST} , observado no presente estudo, indica que não há sub-estruturação da população, o que é desejável para rebanhos que fazem parte de um programa de melhoramento genético. Isto pode ser confirmado pelo fato de que nenhum rebanho foi classificado como núcleo (rebanhos que não utilizam reprodutores externos e vendem reprodutores) ou isolado (utiliza apenas os próprios reprodutores e não fornece reprodutores, como mostrado na **tabela VI**.

Verifica-se ainda que 47% dos rebanhos foram classificados como rebanhos multiplicadores, ou seja, rebanhos que usam reprodutores externos e também fornecem reprodutores para outros rebanhos, podendo ou não utilizar reprodutores próprios, e para rebanhos núcleos não foram notificados, visto que esses são compostos de raças puras ou linhagens sintéticas, há alta intensidade de seleção, com vistas em maximizar o progresso genético, além disso, 53% dos rebanhos foram classificados como comercial, ou seja, rebanhos que utilizam reprodutores externos e não vendem reprodutores, podendo ou não utilizar reprodutores próprios.

Tabela VI. Classificação dos rebanhos da raça Saanen participantes do PMGCL, de acordo com a origem e uso dos bodes. (Classification of Saanen herds participating in the PMGCL, according to the origin and the use of male goat).

Tipo de rebanho	Utilizam bodes externos	Utilizam bodes próprios	Vendem bodes	Números de rebanhos	Porcentagem de bodes externos
Núcleos	Não	Sim	Sim	0	0
Multiplicador	Sim	Sim	Sim	7	30,92%
Multiplicador	Sim	Não	Sim	1	100%
Comercial	Sim	Sim	Não	6	30,52%
Comercial	Sim	Não	Não	3	100%
Isolado	Não	Sim	Não	0	0

CONCLUSÃO

O tamanho efetivo da população o qual foi inferior a 50 animais sugere que não será possível a manutenção da variabilidade genética, presente na atual população, a longo prazo. Assim, um esforço deve ser feito no sentido de aumentar o número de rebanhos participantes do programa, dando preferência a rebanhos que mantenham menores laços genéticos. Isto também viria resolver o efeito do gargalo genético que tem sido observado devido ao baixo número de animais ancestrais que contribuíram para fundação do rebanho estudado.

Por outro lado, os valores obtidos das estatísticas F de Wright indicam que as ações do teste de progênie e as do manejo dos acasalamentos realizados pelos criadores têm sido efetivas no controle de maior perda de heterozigosidade e da subdivisão da população.

O baixo nível de integridade das informações de pedigree indica a necessidade de se fazer um maior esforço, no sentido de enriquecer as informações de genealogia do AZNCL, junto ao Programa de Melhoramento Genético de Caprinos Leiteiros, da mesma forma que vem sinalizar para a observância de uma maior cautela na tomada de decisões baseadas nos resultados do presente estudo, como aumentar a necessidade do tamanho efetivo evitando perda de heterosigosidade na população.

BIBLIOGRAFIA

- Alcalá, A. M., Franganillo, A. R., Córdoba, M. V. 1995. Análisis genético de los niveles de consaguinidad em la raza Retinta. *Arch. Latinoam. Producción Animal.*, 44:257-265.
- Azor, P. J., Cervantes, I., Valera, M., Arrantz, J. J., Medina, C., Gutiérrez, J. P., Goyache, F., Muñoz, A., Molina, A. 2008. Análisis preliminar de la estructura genética del merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular. *Itea*, 104:295-302.
- Barros, E. A., Ribeiro, M. N., Almeida, M. J. O., Araújo, A. M. 2011. Estrutura populacional e variabilidade genética da Raça caprina marota. *Arch. Zootec.*, 60:6.
- Boichard, D., Maignel, L. and Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29: 5-23.
- Caballero, A., Toro, M. A. 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for; the management of conserved populations. *Genet. Res. Camb.*, 75: 331-343.
- Cecchi, F., Ciampolini, R., Ciani, E., Matteoli, B., Mazzanti, E., Tancredi, M., Presciuttini, S. 2006. Demographic genetics of the endangered Amiata donkey breed. *Ital. J. Anim. Sci.*, 5:387-391.
- Facó, O.; Lôbo, R. N. B. 2008. Programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros. In: Congresso Zootec (1), pp. 338-384. Anais, João Pessoa.

Facó, O., Lôbo, R. N. B., Gouveia, A. M. G., Paiva Guimarães, M. P. S. L. M., Fonseca, J. F., Santos, T. N. M., Silva, M. A. A., Villela, L. C. V. 2011. Breeding plan for commercial dairy goat production systems in southern Brazil. *Small Rumin. Res.*, 98:164-169.

FAO - Food and Agriculture Organization. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. 225pp.

FAO – Organização nas Nações Unidas para Agricultura e Alimentação. Rebanho de Caprinos. Disponível em: <http://www.fao.org/> (23/03/2011).

Faria, F. J. C., Vercesi Filho, A. E., Madalena, F. E., Josahkian, L. A. 2004. Estrutura Genética da Raça Sindi no Brasil. *Rev. Bras. Zootecn.*, 33:852-857.

Goyache, F., Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Gómez, E., Alvarez, I., Díez, J., Royo, L. J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120:95-105.

Gutiérrez, J. P., Goyache, F., Cervantes, I. 2009. A Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information. ENDOG. Version 4.6. 38 pp.

IBGE. 2009. Sistema IBGE de recuperação automática - SIDRA. Disponível em: [http://www.sidra.ibge.gov.br/Bda/tabel/protabl.asp?c=73&z=t&o=24&i=P/\(16/05/2010\)](http://www.sidra.ibge.gov.br/Bda/tabel/protabl.asp?c=73&z=t&o=24&i=P/(16/05/2010)).

Igarashi, M. L. S. P., Machado, T. M., Ferro, J. A., Contel, E. P. B. 2000. Structure and genetic relationship among brazilian naturalized and imported goat breeds. *Bioch. Genet.*, 38: 353-365.

James, J. W. 1977. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Prod.*, 24:109-112.

Kumar, D., Dixit, S.P., Sharma, R., Pandey, A. K., Sirohi, G., Patel, A. K., Aggarwal, R. A. K., Verma, N, K., Gour, D. S., Ahlawat, S. P. S. 2005. Population structure, genetic variation and management of Marwari goats. *Small Rumin. Res.*, 59:41-48.

León, J. M., Lozano, J. M., Martínez, E., Martínez, A., Cabello, A., Camacho, M. E., Delgado, J. V., Quiroz, J. 2005. Análisis demográfico de la cabra granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. *Arch. Zootec.*, 54:311-315.

Neopane, S. P.; Pokharel, P. K. 2005. Genetic gain in selected herds of Khari goats over generations in Nepal. Disponível em: <http://agtr.ilri.cgiar.org/Casestudy/Khari/pdf/Kharil.pdf/> (10/02/2011).

Paiva; S. R., Facó, O., Faria, D. A., Lacerda, T., Barretto, G. B., Carneiro, P. L. S., Lôbo, R. N. B., McManus, C. 2011. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Trop. Anim. Health Prod.*, May 2.

Pedrosa, V. B., Santana Júnior, M. L., Oliveira, P. S., Eler, J. P., Ferraz, J. B. S. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Rumin. Res.*, 93:135-139.

Quaas, R. L. 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, 32:949-953.

Reis Filho, J. C., Lopes, P. S., Verneque, R. S., Torres, R. A., Teodoro, R. L., Carneiro, P. L. S. 2010. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. *Rev. Bras. Zootecn.*, 39:2640-2645.

SAS. 2003. SAS/STAT® User's Guide, Version 9, Cary, NC, USA: SAS Institute Inc.

Serrano, M., Calvo, J. H.; Martinez, M.; Marcos-Carcavilla, A., Cuevas, A., González, C., Jurado, J. J., Tejada, P. D. 2009. Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. *BMC Genet.*, 10:61.

Shadma, F., Bhong, C. D., Rank, D. N., Joshi, C. G. 2008. Genetic variability and bottleneck studies in Zalawadi, Gohilwadi and Surti goat breeds of Gujarat (India) using microsatellites. *Small Rumin. Res.*, 77:58-64.

Vassalo, J. M., Diaz, C., Garcia-Medina, J. R. 1986. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. *Livest. Prod. Sci.*, 15:285-288.

Vozzi, P. A., Marcondes, C. R., Magnabosco, C. U., Bezerra, L. A. F., Lôbo, R. B. 2006. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. *Genet. Mol. Biol.*, 29:482-485.

Wright, S. 1978. Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: Chicago. USA. 590pp.

3. ANEXOS

NORMAS DA REVISTA



Informação Geral

Archivos de Zootecnia é uma revista internacional de pesquisa, multilíngüe (espanhol, inglês, francês, português e italiano), com processo anônimo de revisão por pares, que publica trabalhos originais e inéditos de pesquisa; tanto artigos como notas breves e revisões bibliográficas (somente na [versão eletrônica](#) da revista), nas seguintes áreas:

- Pastos, Forragens e conservação de forragens;
- Alimentação e Nutrição;
- Genética;
- Conservação da Biodiversidade dos Animais Domésticos;
- Etnologia, Etologia e Bem-estar Animal;
- Reprodução;
- Biotecnologia;
- Qualidade dos Produtos Animais e Rastreabilidade;
- Produção Animal Ecológica
- Sanidade Animal e Segurança Alimentar;
- Sistemas de Produção, Sustentabilidade e Desenvolvimento Rural;
- Economia e Gestão de Empresas Agropecuárias

Em geral, tudo relacionado à produção animal e sistemas agropecuários com especial atenção a região Ibero-americana, a área Mediterrânea, as raças locais e as produções animais alternativas.

Fundada como órgão de expressão científica do Instituto de Zootecnia da Faculdade de Veterinária de Córdoba, é atualmente a revista oficial da Associação Iberoamericana de Zootecnia, e Sociedade Espanhola Para Os Recursos Genéticos Animais (SERGA). Co-editada com a Universidade de Córdoba, **Archivos de Zootecnia**, foi fundada em 1952 (o que



a converte na mais antiga revista de Produção Animal na Espanha), sendo distribuída na versão impressa, por mais de 70 países e na [versão eletrônica](#) com acessos de todo o mundo.

O público-alvo da revista Archivos de Zootecnia são pesquisadores e técnicos, sendo também de relevância para estudantes dos cursos de Agronomia, Zootecnia, Veterinária, Biologia, bem como empresários do setor e produtores rurais.

Archivos de Zootecnia conta com um Conselho Editorial Internacional que opera através de processo de admissão, avaliação e aprovação de artigos submetidos. Os trabalhos admitidos são submetidos a uma avaliação e revisão externa e anônima por pares, selecionados dentro do Comitê Internacional de Especialistas da revista, que proporão as correções oportunas e informarão ao Conselho Editorial sobre a conveniência de sua publicação.

A publicação de trabalhos em **Archivos de Zootecnia** é gratuita, assim mesmo os autores receberão sem encargos financeiros separatas de seu trabalho.

Envio de trabalhos

Os trabalhos serão enviados em qualquer dos idiomas admitidos (espanhol, inglês, francês, português e italiano). Pode-se empregar qualquer um dos idiomas oficiais, porém se não é utilizado o idioma inglês, deverão ser traduzidos para este idioma; o título do trabalho, as palavras chave adicionais e o resumo, assim como, o título das figuras e tabelas. Se o trabalho encontra-se em inglês as traduções podem ser realizadas em qualquer dos outros idiomas oficiais acima mencionados.

Os trabalhos deverão ser enviados preferencialmente por via eletrônica, habilitada para este propósito na [página web](#) da revista **Archivos de Zootecnia** embora também possam ser enviados por e-mail ou em CD, por correio convencional para: Prof. Dr. A.G. Gómez Castro. Archivos de Zootecnia. Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales 14014 Córdoba, Espana.

Os autores enviarão uma [carta de conformidade](#) com a publicação assinada por todos, na qual se comprometem com a **Archivos de Zootecnia** de que os resultados expostos não foram publicados em outro lugar, nem tampouco estão sendo submetidos a outra revista simultaneamente.

Formato e estrutura dos trabalhos

No formato da revista, os artigos terão uma extensão máxima de 12 páginas; as notas breves de quatro páginas e embora não existam limites pre-estabelecidos para os trabalhos de revisão que serão publicados somente na versão on-line de **Archivos de Zootecnia** é aconselhável uma extensão similar a dos artigos. Para as revisões que superem as restrição, o diretor poderá limitar sua extensão se julgar oportuno.



Em termos quantitativos, no caso dos artigos, 12 paginas equivalem aproximadamente a uns 39.000 caracteres (incluindo brancos), dos quais deverão ser descontados 50 caracteres para cada linha de tabela ou figura em uma coluna e 100 para cada linha de tabela ou figura em coluna dupla. No caso de notas breves procede-se da mesma maneira, porém a extensão é de uns 11.000 caracteres.

O texto do trabalho será apresentado em formato Word, tamanho A4, margem esquerda: 2 cm, superior, direito e inferior: 1,5 cm, letra Times New Roman 11, interlineado exato, 14 pontos.

O estilo e indicação de capítulos no texto será com as mínimas instruções de formato, apenas as necessárias para entender a hierarquia entre epígrafes e adequação de palavras (p.e itálicas para nomes latinos...etc). NÃO usar o formato TODAS MAIÚSCULAS. Todas as informações do trabalho deverão ser incluídas em um só arquivo, o qual apresentará o texto do trabalho e ao final do mesmo as tabelas e as figuras com seus títulos separados cada uma por um salto de página. O peso dos arquivos não deverá ser superior a 2 megabites.

Os gráficos deverão ser apresentados em arquivos do tipo Excel e as fotografias e/ou desenhos com qualidade suficiente (mínimo de 300DPI) em formato WMF, BMP, JPG ou TIF.

Os artigos serão estruturados da seguinte forma:

- Título. Deverá ser breve e informativo, refletindo o conteúdo do trabalho. Sua extensão máxima será de duas linhas em formato da revista (uns 100 caracteres 3 aproximadamente, brancos incluídos). Deverá incluir também um título abreviado de até 70 caracteres, brancos incluídos.

- Autores. O nome dos autores virá em minúscula: o primeiro autor: Sobrenome, Inicial e os seguintes autores: Inicial Sobrenome, separados por vírgulas. Todas as informações pertinentes de forma completa deverão ser incluídas no endereço institucional, inclusive, correio eletrônico. O autor deverá especificar obrigatoriamente um correio eletrônico para correspondência.

Valerio, D. 1 y A. García 2,

1 Programa de Pastos y Forrajes. Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Forestales (IDIAF). República Dominicana.

E-mail: dvalerio@idiaf.org.do

2 Departamento de Producción Animal. Universidad de Córdoba (UCO). Campus de Rabanales. 14014 Córdoba. España. Autor para correspondencia. E-mail: palgamaa@uco.es



Palavras chave. As palavras chave são adicionais (não devem estar incluídas no título do trabalho) e deverão ser indicadoras de outros aspectos de interesse tratados no trabalho. Não

devem ser selecionadas palavras sem conteúdo específico ou pouco informativo. Estas palavras possuem grande importância já que fazem parte dos diferentes mecanismos de busca de dados.

- **Resumo.** Deverá descrever o propósito do estudo, citar a metodologia empregada de forma sucinta, ressaltar os resultados principais e indicar as conclusões. Deverá ser sucinto, informativo, claro e inteligível suficientemente para compreender o trabalho sem necessidade do texto, induzindo a sua leitura pelos cientistas interessados.

- **Introdução.** Deverá ser breve. Enfocará os antecedentes e a situação atual do objeto de estudo, justificando o interesse do mesmo em Produção Animal, além de explicitar claramente ao final os objetivos do trabalho.

- **Material e Métodos.** A experiência deverá ser detalhada suficientemente para permitir que qualquer outro pesquisador possa replicá-lo. Aqueles aspectos singulares da experiência deverão ser detalhados, entretanto, deverão ser evitados excessivos detalhes metodológicos, procedimentos, etc. que estejam apontados em trabalhos prévios suficientemente difundidos. Não obstante, em qualquer caso há necessidade de fazer referência ao tamanho da amostra, idade, sexo, raça ou variedade, procedência dos animais, características dos alimentos, situações experimentais, etc. Finalmente, faz-se necessário mencionar as medidas e controles realizados, assim como as condições meio-ambientais nas quais se desenvolveram as experiências. No caso de animais em cativeiro há necessidade de detalhar o manejo (frequência da limpeza das baias, tamanho e composição do grupo, etc.) e as instalações utilizadas (tamanho, temperatura, etc.). Deve-se incluir a descrição dos procedimentos estatísticos utilizados.

- **Resultados.** Incluir somente os resultados relevantes e relacionados com a hipótese testada e apontada na introdução, a qual será considerada na discussão. O texto deverá ser apoiado e complementado através de tabelas ou figuras sem repetição da informação.

- **Discussão.** O propósito principal da discussão (que pode fundir-se ao capítulo de Resultados, conforme preferência do autor) é comentar a significação dos resultados e compará-los com trabalhos previamente realizados e citados neste 4º capítulo. A discussão deve ser sucinta e não especulativa devendo conduzir as conclusões do trabalho.

- **Bibliografia.** A citação dos artigos relacionados com o tema do trabalho publicados anteriormente em **Archivos de Zootecnia**, não é obrigatória, porém ao fazê-lo ajudará a melhorar o índice de impacto da revista e conseqüentemente sua valorização. O corpo editorial

l da revista poderá sugerir a inclusão de alguma referencia significativa se julgar oportuno.



Boa parte dos números de **Archivos de Zootecnia** encontram-se disponíveis para download em formato de texto completo gratuito em na versão eletrônica. A citação correta de artigos na Revista **Archivos de Zootecnia** é a seguinte: Autores. Ano. Título. Arch. Zootec., Vol: pp-pp. A citação correta dos trabalhos de revisão que somente aparecerão na versão eletrônica **de Archivos de Zootecnia** é a seguinte: Arch. Zootec., Vol (atualmente 55) (R): pp-pp seguido da data de consulta.

Para as referencias inseridas no texto, deve-se mencionar o sobrenome de um dos autores, porém somente o sobrenome do primeiro autor, seguido por et al. quando forem três ou mais. As citações de referencia no texto podem ser: “Segundo indicam García et al. (2006)...” ou também: através do método de Bliss (Sokal & Rolhf, 1981; Davies et al., 2003).

Todas as referencias que aparecerem no texto deverão ser comprovadas no capítulo referente à Bibliografia e vice-versa, as quais deverão estar bem referenciadas (autores, ano, título, revista, volume, páginas, etc). Cuidados especiais devem ser direcionados para as referencias bibliográficas de idiomas estrangeiros.

A relação de referencias bibliografias citadas deverá ser organizada em ordem alfabética por autores (os repetidos, por ordem cronológica e se são do mesmo ano, incluir nesta uma letra: a, b, c, etc. para diferenciação), indicando: autores (todos), ano, título, revista (serão abreviados de acordo com a lista do ISI).

Barrow, N.J. 1987. Return of nutrients by animals. In: R.W. Snaydon (Ed.) Managed Grasslands, B. Analytical Studies pp: 181-186. Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdan.

Nastis, A.S. and J.C. Malecheck. 1988. Estimating digestibility of oak borwse diets for goats by in vitro techniques. J. Range Manage., 42: 225-258.

Nos trabalhos aceitos ou no prelo incluir: autores (todos), título, revista e (no prelo) ou (aceito) segundo corresponda em lugar da data. Os trabalhos submetidos e ainda não aceitos não deverão constar da lista de referencias bibliográficas. Tanto no texto como na relação de referencias bibliográfica NÃO deverão ser escritas em formato TODAS MAIÚSCULAS.

Referencias eletrônicas. As consultas em páginas web serão citadas, seguindo a mesma tônica, autor, ano, título endereço web, seguidos da data da consulta.

- **Tabelas e figuras.**

As tabelas e figuras devem ser claras, simples e compreensível sem referencia ao texto.



* Utilizar números arábicos para numerar as figuras e romanos para as tabelas.

Os títulos das tabelas e figuras devem ser curtos, porém suficiente para entender seu conteúdo sem necessidade do texto.

* Fornecer a informação adicional como nota de rodapé de tabela ou figura.

* As tabelas deverão ser suficientemente curtas para não sugerir divisão.

* As tabelas não devem conter linhas verticais nem horizontais

* As tabelas grandes devem ser estreitas e longas ao invés que largas e curtas com vistas ao formato da revista.

* As figuras devem ser bastante grandes para permitir sua reprodução com qualidade, elaboradas de acordo com as dimensões das colunas exigidas pela revista.

* Os símbolos identificadores preferidos nas figuras são círculo, quadrado e triângulo abertos ou cheios. A trama negra sólida não deve ser empregada.

* Os sinais e legendas devem ser incluídos dentro dos eixos da figura.

* A legenda deve situar-se de modo que permita o máximo aproveitamento da coluna.

* O editor poderá redesenhar e etiquetar ou solicitar aos autores, figuras e tabelas quando for necessário para adaptação ao estilo da revista.

As **Notas Breves** (máximo 4 páginas) consistem em avanços de trabalhos de pesquisa, notícias de interesse científico ou comentários críticos a trabalhos publicados em **Archivos de Zootecnia**. Terão sua estrutura adaptada ao indicado para os artigos. As Notas breves devem incluir obrigatoriamente: Título, autores, endereço, palavras chave adicionais, resumo, referencias bibliográficas e as correspondentes traduções a um segundo idioma.

As **Revisões Bibliográficas** devem incluir obrigatoriamente Título, autores, endereço, palavras chave adicionais, resumo, referencias bibliográficas e as correspondentes traduções a um segundo idioma. A organização do texto é livre.

Processo de avaliação

Recebido o artigo, este será revisado de acordo com as normas solicitadas pela revista. Caso haja necessidade serão solicitados ajustes aos autores com vistas a sua adaptação para publicação em **Archivos de Zootecnia**. Uma vez recebida à versão corrigida do

trabalho se procederá ao correspondente registro de entrada e início de tramitação do artigo.



Inicialmente, o Conselho de Redação (em função da adequação do conteúdo do trabalho aos objetivos da revista, seu interesse e aporte científico), decidirá acerca da admissão, tramitação

e avaliação, indicando um responsável (membro do Conselho) e dois [avaliadores](#). Com o objetivo de favorecer a difusão e aumento do índice de impacto da Revista **Archivos de Zootecnia** entre os cientistas de Produção Animal, o conselho editorial motivará a inclusão de

referencias bibliográficas de trabalhos sobre os mesmos temas publicados em **Archivos de Zootecnia**. Do mesmo modo, os autores poderão ser convidados pelo Conselho de redação a incorporar em sua discussão referencias bibliográficas oportunas de artigos publicados em **Archivos de Zootecnia** com o mesmo objetivo.

O trabalho será enviado de forma anônima aos avaliadores, recomendando-se a avaliação em um prazo máximo de três semanas. Obtidas as [avaliações](#) as mesmas serão enviadas, também de forma anônima, aos autores que deverão elaborar uma nova versão do trabalho e enviá-la acompanhada de uma carta indicando a incorporação das sugestões ou justificando o desacordo com as mesmas. Se os avaliadores e responsável mostrarem-se favoráveis às modificações, o trabalho será 6 aprovado para publicação na forma de artigo, nota breve ou rejeitado, sendo esta decisão comunicada posteriormente aos autores.

Os artigos e notas breves uma vez aceitos serão publicados com a maior brevidade possível, tanto na versão impressa como eletrônica da revista. No caso das revisões estas serão publicadas apenas na versão eletrônica da revista. Em ambos os casos, os trabalhos serão de acesso gratuito e os autores concordarão as condições e normas de publicação da revista não solicitando quaisquer recomp