CRESCIMENTO, ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DOS OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

MILTON REZENDE TEIXEIRA NETO

2013

MILTON REZENDE TEIXEIRA NETO

CRESCIMENTO, ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DOS OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

Tese apresentada à Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes, para obtenção do título de **Doutor em Zootecnia**.

Orientador:
Prof. *D.Sc.* Jurandir Ferreira da Cruz

Co-orientador:
Prof. *D.Sc.* Paulo Luiz Souza Carneiro
Prof. *D.Sc.* Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA - BRASIL
2013

636.3 Teixeira Neto, Milton Rezende.

T267c Crescimento, estrutura populacional e diversidade fenotípica dos ovinos da raça Santa Inês. / Milton Rezende Teixeira Neto. – Itapetinga-BA: UESB, 2013.
101f.

Tese do Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB - C*ampus* de Itapetinga. Sob a orientação do Prof. D.Sc. Jurandir Ferreira da Cruz e co-orientadores Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro e Prof. D.Sc Carlos Henrique Mendes Malhado.

1. Ovinos - Raça Santa Inês - Variabilidade genética. 2. Ovinos - Raça Santa Inês - Crescimento. 3. Ovinos - Raça Santa Inês - Estrutura populacional. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, C*ampus* de Itapetinga. II. Cruz, Jurandir Ferreira da. III. Carneiro, Paulo Luiz Souza. IV. Malhado, Carlos Henrique Mendes. V. Título.

CDD(21): 636.3

Catalogação na Fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB 535-5ª Região

Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Ovinos - Raça Santa Inês - Variabilidade genética
2. Ovinos - Raça Santa Inês - Crescimento
3. Ovinos - Raça Santa Inês - Estrutura populacional

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
Área de Concentração: Produção de Ruminantes

Campus Itapetinga-*BA*

D E C L A R A Ç Ã O D E A P R O V A Ç Ã O

Título: "Crescimento, estrutura populacional e diversidade fenotípica dos ovinos da raça Santa Inês".

Autor (a): Milton Rezende Teixeira Neto
Orientador (a): Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz
Co-orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro
Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz - UESB

Prof. Dr. Valdemiro Conceição Júnior – UESB

Prof. Dr. Joel Queiroga Ferreira - UESB

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau – UESC

Data de realização: 15 de abril de 2013.

Ao meu Deus, fortaleza da minha vida e meu refúgio;

À minha família.

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB e ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia – PPZ;

À Capes, pela concessão da bolsa de estudos;

Aos professores e funcionários do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela contribuição ao meu crescimento profissional e humano;

À Associação de Criadores de Caprinos e Ovinos da Bahia e à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos na pessoa do senhor Joselito Barbosa, pela disponibilização dos dados;

Aos ovinocultores Ricardo Falcão, César Navarro, Aristóteles, Genildo, Marbele, Juvêncio e Cláudio; pela hospitalidade e disponibilização dos animais;

Ao Prof. Jurandir Ferreira da Cruz, pela dedicada orientação e amizade;

Aos Profs. Paulo Carneiro e Carlos Malhado, pela co-orientação e contribuições para melhoria do meu trabalho;

À equipe do Laboratório de Reprodução de Caprinos e Ovinos, Professor Jurandir, Rita, Dalmar, Luiz, Patrícia, Helder, Mateus, Emanuelley, Fabrine, Gilmar e Claudionor, pela grande amizade e precioso auxílio na realização do meu trabalho;

Aos meus queridos irmãos, Marla, Mayra, Joabe e Ana Júlia; minhas avós Abigail (*in memorian*) e Geni; meus cunhados Nilson, Adriana, Ana, Pepe, Carla, Claudino, Rejane, Levi, Zenon e Kesiah, e sobrinhos Júlia, Netinho, Gabino, Rebeca, Lucas, Juninho, Analu e Thaila, pelo imenso carinho, encorajamento, compreensão e valioso apoio em todos os momentos;

À minha tia-sogra Veni, que a cada dia tem demonstrado imenso carinho, meu muito obrigado;

Aos meus pais, Eliezer e Mab, pelo exemplo, amor, carinho, sustento e por serem responsáveis pela formação do meu caráter como homem de bem e servo do Deus Altíssimo. Amo muito vocês;

À minha esposa Gisele, pessoa imprescindível na minha jornada, pelas palavras de encorajamento, amor e, principalmente, por me fazer feliz, te amo demais. À minha filha Luísa, que enche o meu coração de alegria e me motiva na busca do melhor;

Àquele que é poderoso para fazer muito mais abundantemente além daquilo que pedimos ou pensamos, meu Deus e Pai, a Ti toda a honra e toda a glória.

“Ora, àquele que é poderoso para fazer tudo mais abundantemente além daquilo que pedimos ou pensamos, segundo o poder que em nós opera, a esse glória na igreja, por Jesus Cristo, em todas as gerações, para todo o sempre. Amém!”

Efésios 3,20-21.

RESUMO

TEIXEIRA NETO, M.R. **Crescimento, estrutura populacional e diversidade fenotípica dos ovinos da raça Santa Inês**. Itapetinga-BA: UESB, 2013. 101p. (Tese - Doutorado em Zootecnia - Produção de Ruminantes). *

Objetivou-se com este estudo descrever o crescimento, analisar a estrutura populacional e determinar a diversidade fenotípica de ovinos da raça Santa Inês. Dezessete modelos não-lineares foram utilizados para descrever o crescimento de 89 cordeiros, do nascimento aos 210 dias de idade, criados em sistema semi-intensivo e desmamados aos 90 dias. Os modelos foram classificados por meio de análise multivariada, utilizando o coeficiente de determinação ajustado, critério de informação de Akaike, critério de informação Bayesiano, erro quadrático médio de predição, coeficiente de determinação de predição, desvio médio absoluto dos resíduos e percentual de convergência como avaliadores da qualidade do ajuste. Na estimação dos parâmetros populacionais, foram utilizados dados de *pedigree* de 13.216 animais, pertencentes a 53 rebanhos de oito estados brasileiros, nascidos no período entre 1976 e 2010, registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO). Para avaliar a diversidade fenotípica, doze medidas corporais foram realizadas em 502 fêmeas adultas, descendentes de 15 reprodutores/linhagens da raça Santa Inês, registrados junto à ARCO. Os dados foram submetidos à análise de variáveis canônicas e análise de agrupamento pelo método *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean* (UPGMA). Em relação ao estudo do crescimento, os parâmetros da curva foram influenciados ($p<0,05$) pelo sexo e o tipo de parto (simples ou duplo). Machos e fêmeas apresentaram taxa de crescimento semelhante. Entretanto, os machos apresentaram maior peso à maturidade. Os animais oriundos de parto simples apresentaram maior velocidade de crescimento e menor peso à maturidade. O ponto de inflexão da curva ocorreu aos 94 dias de idade, momento em que os animais pesavam 23,99 kg com taxa de crescimento absoluto de 0,158 kg/dia. No estudo da estrutura populacional, verificou-se que, do total de animais avaliados, 80,86%; 73,78%, 67,75%, 61,89% e 53,82% possuíam informações genealógicas da primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. O número máximo de gerações conhecidas foi 19, enquanto que a média de gerações equivalentes para os 35 anos avaliados foi 4,67 e a média do intervalo de gerações foi de 3,22 ± 1,77 anos. O tamanho efetivo da população apresentou média de 172,5 animais, enquanto que o número efetivo de rebanhos que forneceram machos reprodutores foi 14,55 para pais, 12,29 para avôs, 9,87 para bisavôs e 8,57 para tetravôs. O número de fundadores e o número efetivo de fundadores foram 829 e 50 animais, respectivamente. O número de ancestrais que explicaram 50% da variabilidade genética foi de 17 animais. O coeficiente médio de relação entre os indivíduos da população e o coeficiente médio de endogamia foram 3,87% e 6,92%, respectivamente. As estatísticas F de Wright, obtidas pelos parâmetros Fis, Fit e Fst, foram -0,0050, 0,0556 e 0,0509, respectivamente. No estudo da diversidade fenotípica, verificou-se que as medidas relacionadas à produção contribuíram com 53,40% da variabilidade entre as linhagens, enquanto que aquelas relacionadas ao padrão racial contribuíram com 46,59%. Todas as medidas corporais aferidas contribuíram para a caracterização da divergência entre as linhagens, entretanto, a altura anterior, altura das pernas e comprimento do corpo não foram relevantes para essa diferenciação. Conclui-se que: a identificação do ponto de inflexão imediatamente após o desmame sugere a necessidade de ajuste no manejo nutricional para reduzir os efeitos da mudança de dieta

sobre o crescimento dos cordeiros; o controle de informações genealógicas do rebanho Santa Inês é de boa qualidade, haja vista que existe número expressivo de animais com ancestrais conhecidos até a quinta geração; os baixos coeficientes de relação e endogamia devem-se à ausência de estruturação da população e ao aumento do tamanho efetivo, mostrando a existência de considerável variabilidade genética; e que as linhagens de ovinos Santa Inês apresentam alta diversidade fenotípica, cuja diferenciação é resultante das características produtivas e raciais em grau similar de importância.

Palavras-chave: análise de agrupamento, genealogia, medidas corporais, *Ovis áries*, peso corporal, variabilidade genética.

---

*Orientador: Jurandir Ferreira da Cruz, *D.Sc*., UESB e Co-orientadores: Paulo Luiz Sousa Carneiro, *D.Sc*., UESB, Carlos Henrique Mendes Malhado, *D.Sc*.

ABSTRACT

TEIXEIRA NETO, M.R. **Growth, population structure and phenotypic diversity of Santa Inês sheep**. Itapetinga-BA: UESB, 2013. 101p. (Thesis – Doctor Degree in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production).*

The aim of this study was to describe the growth, to analyze the population structure and to determine the phenotypic diversity of Santa Inês sheep. Seventeen non-linear models were used in order to describe the growth of 89 lambs from birth to the 210th day of life, which were raised under a semi-intensive system and weaned at 90 days. The models were classified by means of multivariate analysis using the adjusted coefficient of determination, the Akaike information criterion, the Bayesian information criterion, the mean squared error of prediction, the coefficient of determination, mean absolute deviation and percentage of convergence of prediction as evaluators of adjustment quality. In order to estimation parameters one used pedigree data from 13,216 animals belonging to 53 herds from eight Brazilian states, born in the period between 1976 and 2010, registered at Brazilian Association of Sheep Breeders (ARCO). For the assessment of the phenotypic diversity twelve body measurements were carried out in 502 adult females, the offspring of 15 sires/strains of Santa Inês breed, registered before ARCO. The data were submitted to the canonic variable analysis and cluster analysis by means of the Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean (UPGMA). Regarding the study on the growth, curve parameters were influenced ($p<0.05$) by gender and the kind of delivery (single or twin). Males and females showed similar growth rate. However, the males had higher weight at maturity. The animals from single lambing showed growth rate higher and lower weight at maturity. The inflection point of the curve occurred at 94 days of age, at which time the animals weighed 23.99 kg with absolute growth rate of 0.158 kg / day. In the study on population structure it was found that from total number of animals evaluated, 80.86%, 73.78%, 67.75%, 61,89% e 53,82 had genealogical information on the first, second, third, fourth e fifth ascendancy, respectively. The maximum number of generations was 19, whereas, the mean average equivalent of generations for the 35 years evaluated was 4.67 and the average generation interval was 3.22 ± 1.77 years. The mean of effective population size was 172.5 animals, whereas, the effective number of herds that provided breeding rams was 14.55 for parents, 12.29 for grandparents, 9.87 for great-grandparents and 8.57 for great-great-grandparents. The number of founders and the effective number of founders were 829 and 50 animals, respectively. The number of ancestors explaining 50% of genetic diversity was 17 animals. The average relatedness coefficient between individuals of the population and coefficient of inbreeding were 3.87% and 6.92%, respectively. The Wright's F statistics, obtained by parameters Fis, Fit and Fst, were 0.0050, 0.0556 and 0.0509, respectively. In the study on phenotypic diversity it was found that measures related to production contributed with 53.40% of the diversity between strains, while those associated with the standard racial contributed with 46.59%. All body measurements contributed to the discrepancy among strains, however, the anterior height, legs height and body length, were not relevant. It is concluded that: the identification of the inflection point after weaning suggests the need for adjustment in the nutritional management to reduce the effects of changing diet about on growth of lambs; the genealogical information control of Santa Inês herd is of good quality, since there is a

significant number of animals with known ancestors up to the fifth generation; the low coefficients of relationship and inbreeding are due to lack of structuring of the population and to the increase effective size, showing the existence of considerable genetic variability; and that the strains of Santa Inês sheep present show high phenotypic diversity, whose differentiation is the result of productive and racial characteristics in a similar degree of importance.

Keywords: body weight, body measurements, pedigree, genetic variability, grouping analysis

---

*Adviser: Jurandir Ferreira da Cruz, *D.Sc*., UESB e Co-Adviser: Paulo Luiz Sousa Carneiro, *D.Sc*., Carlos Malhado, *D.Sc*., UESB

LISTA DE TABELAS

REVISÃO DE LITERATURA

Tabela 1 Parâmetros fisiológicos e característica de pêlo de diferentes raças de ovinos 23

CAPÍTULO I

Descrição do crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada

Tabela 1 Modelos de regressão não-linear utilizados para descrição da curva de crescimento dos cordeiros 56

Tabela 2 Valores de peso assintótico (β_1), constante de integração (β_2), taxa de maturidade (β_3) e ponto de inflexão (β_4), estimados por diferentes modelos de crescimento de ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo 58

Tabela 3 Valores do critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC), coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), erro quadrático médio de predição (MEP), coeficiente de determinação de predição (R^2_p), percentual de convergência (C%) e desvio médio absoluto dos resíduos (DMA), de acordo com os modelos estudados para estimar a curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo 59

Tabela 4 Agrupamentos com respectivos modelos e médias dos avaliadores de qualidade do ajuste..... 60

Tabela 5 Peso assintótico (β_1) constante de integração (β_2) e taxa de maturidade (β_3) estimados pelo modelo não-linear de Brody, de acordo com o sexo e tipo de parto para ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo..... 61

Tabela 6 Taxa de crescimento absoluto (kg) e peso vivo médio (kg), estimados pelo modelo Brody na idade entre 15 e 210 dias, para ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo..... 63

CAPÍTULO II

Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil

Tabela 1 Descrição dos fundadores de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês no Brasil..... 74

Tabela 2 Descrição dos ancestrais de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês no Brasil..... 75

Tabela 3 Tipo de rebanho segundo a utilização de reprodutores..... 78

CAPÍTULO III

Análise multivariada da diversidade fenotípica de linhagens de ovinos Santa Inês

Tabela 1 Valores médios e coeficientes de variação das medidas corporais de 15 linhagens de ovinos da raça Santa Inês..... 89

Tabela 2 Correlações entre medidas corporais de ovinos da raça Santa Inês..... 90

Tabela 3 Matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) entre as linhagens de ovinos da raça Santa Inês..... 93

Tabela 4 Classificação das medidas corporais em função do tamanho, obtidos pelo método UPGMA, para os três grupos de linhagens de ovinos da raça Santa Inês 95

Tabela 5 Importância relativa das medidas corporais ($S_{.j}$) para diversidade fenotípica em linhagens de ovinos da raça Santa Inês..... 96

LISTA DE FIGURAS

REVISÃO DE LITERATURA

Figura 1 Exemplar macho e fêmea da raça Santa Inês..... 22

CAPÍTULO I

Descrição do crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada

Figura 1 Curva da taxa de crescimento absoluto (A), ponto de máxima curvatura (B) e curva de crescimento estimada pelo modelo Brody (C) de ovinos Santa Inês criados em sistema semi-intensivo..... 62

CAPÍTULO II

Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil

Figura 1 Estrutura do *pedigree* da raça Santa Inês com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos..... 73

Figura 2 Variação da endogamia (F) e coeficiente médio de relação (CR) e valores médios de gerações equivalentes (GE) em ovinos da raça Santa Inês..... 77

Figura 3 Variação do tamanho efetivo, número de reprodutores e número de matrizes da raça Santa Inês..... 79

CAPÍTULO III

Análise multivariada da diversidade fenotípica de linhagens de ovinos Santa Inês

Figura 1 Dispersão gráfica dos indivíduos das 15 linhagens de ovinos da raça Santa Inês em relação às variáveis canônicas 1 e 2 92

Figura 2 Dendrograma das linhagens de ovinos da raça Santa Inês, obtido pelo método UPGMA..... 94

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

AA	Altura anterior
ACCOBA	Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos da Bahia
AIC	Critério de informação de Akaike
AN	Ano de nascimento
AP	Altura posterior
ARCO	Associação Brasileira de Criadores de Ovinos
AT	Altura do tórax
β_1	Peso adulto ou peso assintótico
β_2	Constante de integração
β_3	Taxa de maturidade ou velocidade de crescimento
β_4	Ponto de inflexão
BIC	Critério de informação bayesiano
C%	Percentual de convergência
CC	Comprimento do corpo
CF	Comprimento da face
CH	Comprimento do chanfro
CN	Circunferência da canela
CO	Comprimento da orelha
CP	Comprimento do pescoço
CR	Coeficiente médio de relação
CT	Circunferência torácica
CV	Coeficiente de variação
D^2	Distância generalizada de Mahalanobis
ΔF	Taxa de variação dos coeficientes médios de consanguinidade entre gerações
DMA	Desvio médio absoluto dos resíduos
F	Coeficiente de consanguinidade
fa	Número efetivo de ancestrais
FAO	Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação
fe	Número efetivo de fundadores

Fis	Correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes de sua subpopulação
Fit	Correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes da população total
Fst	Correlação dos genes da subpopulação em relação aos genes da população total
GE	Gerações equivalentes
GENES	Aplicativo computacional em Genética e Estatística Experimental
GLM	General Linear Models
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
Kg	Quilos
L	Intervalo médio de gerações
LF	Largura da face
LPM	Intervalo médio de geração entre pais e filhos
LPF	Intervalo médio de geração entre pais e filhas
LMM	Intervalo médio de geração entre mães e filhos
LMF	Intervalo médio de geração entre mães e filhas
MEP	Erro quadrático médio de predição
Ne	Tamanho efetivo da população
OPG	Ovos por grama de fezes
PB	Proteína bruta
PCOC	Puro por cruzamento de origem conhecida
PCOD	Puro por cruzamento de origem desconhecida
PO	Puro de origem
PR	Altura das pernas
PV	Peso vivo
R^2_{aj}	Coeficiente de determinação ajustado
R^2_p	Coeficiente de determinação de predição
SAS	Statistical Analysis System
$S_{.j}$	Importância relativa das medidas corporais
TCA	Taxa de crescimento absoluto
UPGMA	Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean
VC	Variável canônica

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO..... 19
2. REVISÃO DE LITERATURA..... 21
2.1 A raça Santa Inês..... 21
2.2 Curva de crescimento..... 24
2.3 Estrutura populacional..... 27
2.3.1 Integralidade do *pedigree*..... 28
2.3.2 Probabilidade de origem de gene..... 29
2.3.3 Coeficiente de endogamia..... 31
2.3.4 Coeficiente médio de relação..... 33
2.3.5 Tamanho efetivo..... 34
2.4 O estudo da diversidade e sua importância..... 35
2.4.1 Diversidade fenotípica..... 36
2.4.2 Análise multivariada..... 37
2.4.2.1 Componentes principais..... 38
2.4.2.2 Variáveis canônicas..... 39
2.4.2.3 Análise de agrupamento..... 39
REFERÊNCIAS..... 41
3. CAPÍTULO I - Descrição do crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada 52
RESUMO..... 52
ABSTRACT..... 53
3.1 INTRODUÇÃO..... 54
3.2 MATERIAL E MÉTODOS..... 55
3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 57
3.4 CONCLUSÕES..... 64
REFERÊNCIAS..... 65

4. CAPÍTULO II - Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil 67
RESUMO..... 67
ABSTRACT..... 68
4.1 INTRODUÇÃO..... 69
4.2 MATERIAL E MÉTODOS..... 71
4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 73
4.4 CONCLUSÕES..... 80
REFERÊNCIAS..... 81
5. CAPÍTULO III - Análise multivariada da diversidade fenotípica de linhagens de ovinos Santa Inês 84
RESUMO..... 84
ABSTRACT..... 85
5.1 INTRODUÇÃO..... 86
5.2 MATERIAL E MÉTODOS..... 87
5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO..... 89
5.4 CONCLUSÕES..... 97
REFERÊNCIAS..... 98
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 100

1. INTRODUÇÃO

A ovinocultura apresenta grande relevância social e econômica, visto que os ovinos, em sua maioria, são utilizados para a produção de carne, constituindo-se em importante fonte de proteína de origem animal, especialmente em regiões semiáridas.

Nesse contexto, as raças deslanadas brasileiras ganharam destaque devido à sua adaptação à região semiárida e, também, à característica reprodutiva de poliestria contínua, permitindo uma produção satisfatória ao longo do ano.

Dentre as raças deslanadas, a Santa Inês é apontada como um dos principais grupos genéticos explorados no Brasil, possuindo o maior número de animais registrados. No entanto, a despeito de algumas iniciativas locais, a raça ainda carece de um programa efetivo de melhoramento genético oficial com abrangência nacional.

Estudos relacionados ao crescimento dos animais são importantes para programas de melhoramento genético, por gerar subsídios para a seleção da precocidade e ganho de peso. O padrão de crescimento pode ser representado graficamente por uma curva, geralmente, com formato sigmoidal. Essa curva relaciona o peso à idade, fornecendo informações sobre o desenvolvimento do animal em todas as fases da vida, auxiliando no estabelecimento de planos alimentares e na definição da idade ótima de abate.

Paralelamente, faz-se necessária a implementação de medidas voltadas para o alcance do progresso real e a manutenção do potencial genético da raça, para tanto, é imperativo a realização de estudos a respeito da variabilidade genética populacional, visando à sua manutenção e/ou ampliação.

O estudo da variabilidade genética pode ser realizado por meio da análise genealógica ou da comparação entre os valores fenotípicos mensurados nos indivíduos (AZOR et al., 2008; CRUZ et al., 2011). A avaliação da genealogia pode fornecer importantes informações a respeito da história e estrutura genética e demográfica da população. No entanto, é de fundamental importância que a coleta dos dados genealógicos seja precisa, pois a determinação dos parâmetros populacionais depende da quantidade de informações contidas no *pedigree*.

Apesar da intensificação do uso de marcadores moleculares como fontes de informações genéticas, as características fenotípicas ainda continuam sendo utilizadas nos

estudos de diversidade genética, haja vista que a diversidade fenotípica pode ser um indicador de diferenças adaptativas ou seletivas entre populações, bem como de sua especialização produtiva.

Embora alguns trabalhos a respeito da estrutura genética populacional e da diversidade fenotípica de ovinos tenham sido conduzidos de maneira mais aprofundada em outras raças, na raça Santa Inês apenas alguns parâmetros populacionais já foram calculados, sendo que não existem estudos que abordem a sua diversidade fenotípica.

Nesse sentido, buscando contribuir com informações estratégicas para o processo de melhoramento genético dessa raça, foram realizados três estudos. O estudo I descreveu o crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada; no estudo II foram calculados os parâmetros populacionais da raça Santa Inês no Brasil com base em informações de *pedigree* e; no estudo III foi avaliada a diversidade fenotípica das principais linhagens que compõem a raça Santa Inês.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A raça Santa Inês

A raça Santa Inês apresenta três linhagens básicas: i) Santa Inês colonial – resultante da segregação de animais de orelhas medianas, oriundas do ecótipo Pêlo-de-Boi (africano), e o cruzamento com outras raças coloniais, principalmente a Morada Nova; ii) Santa Inês meridional – o uso do Bergamácia (italiano), na década de 1940, sobre o Santa Inês colonial, gerando o tipo de crânio afinado, com despigmentação progressiva, encontrado, principalmente, no Estado do Sergipe. Para corrigir a excessiva presença de pele rosa do Bergamácia, mas mantendo o porte, foi utilizada, principalmente, a raça Cara-Negra, de origem africana ou portuguesa, consolidando o Santa Inês de pelagem negra, no norte da Bahia e em Sergipe, gerando o tipo "Alagoana"; e iii) Santa Inês setentrional – o uso do Somalis (africano) sobre o Santa Inês colonial, gerando o tipo da cabeça e orelhas mais curtas e corpo mais compacto, sendo encontrado, principalmente, no estado do Ceará, Rio Grande do Norte, Paraíba e Pernambuco (SANTOS, 2007).

A raça é caracterizada por quatro pelagens: branca, na qual é permitida a mucosa e cascos brancos, além de outros caracteres que denotem maior influência do sangue Bergamasco; chitada, caracterizada por uma pelagem branca com manchas pretas e marrons, esparsas por todo corpo; vermelha, influência do sangue morada nova, e preta e suas combinações (ARCO, 2008).

O padrão racial da raça Santa Inês foi definido no ano de 1967 e, posteriormente, homologado pelo Ministério da Agricultura como sendo um animal deslanado de porte grande, apresentando peso corporal adulto em torno de 80 a 100 kg para os machos e 60 a 70 kg para as fêmeas, troncos fortes, quartos dianteiros e traseiros grandes, ossatura vigorosa (Figura 1). Cabeça com tamanho médio, ausência de chifres, focinho alongado, perfil semiconvexo e narinas proeminentes com mucosas pigmentadas (com exceção da variedade branca). Orelhas de tamanho médio, em forma de lança e um pouco inclinada, acompanhando a cara e chanfro do animal. Pescoço bem inserido no corpo de tamanho regular e alongado, com ou sem brincos. Dorso reto, podendo apresentar uma pequena depressão após a cernelha. Garupa levemente inclinada, sempre erguida por quartos fortes e

bem postados, cauda média não ultrapassando os jarretes. Patas de ossos vigorosos, acompanhadas de cascos escuros ou brancos (RADEL, 2002).

Figura 1 – Exemplar macho e fêmea da raça Santa Inês

O primeiro registro de ovino Santa Inês PCOD (puro por cruzamento de origem desconhecida) foi de um animal nascido em 1973, pertencente ao ovinocultor Lúcio Cavalcante Holanda, no município de Quixadá - Ceará. O primeiro PCOC (puro por cruzamento de origem conhecida) foi uma fêmea nascida em 1981, do criador João Ramos Sobrinho – Sergipe, e o primeiro animal PO (puro de origem) foi um macho nascido em 1986, do criador Apolitano Agaci Nogueira Diógenes, município de Jaguaribe – Ceará (ARCO 2008).

A raça Santa Inês possui o maior número de animais registrados no país, com 359.308 registros feitos entre os anos de 1996 e 2006. Somente no ano de 2006 foram feitos 49.830 registros, sendo 22.511 PCOD, 16.892 PCOC e 10.427 PO. Apesar de o rebanho ovino estar distribuído, principalmente, nos estados do norte e nordeste, o estado de São Paulo detém o maior efetivo de animais registrados, seguido pela Bahia, que juntos possuem 35% de todos os animais com registro (ARCO 2008).

A raça Santa Inês tem demonstrado ser uma excelente alternativa para incrementar a produção de carne ovina em todas as regiões do Brasil, considerando sua capacidade reprodutiva, adaptativa e resistência a parasitas gastrointestinais, além de boa taxa de

crescimento (SOUSA et al., 2003).

No que se refere às características reprodutivas, a fêmea Santa Inês alcança a puberdade com idade e peso médio de 188 dias e 36,62 kg, respectivamente (SILVA, 2009), intervalo médio entre partos de 233,64 dias (FRAGA et al., 2003), fertilidade ao parto de 85%, prolificidade de 1,26 e taxa de sobrevivência das crias até a desmama de 86,8% (SOUSA et al., 2000).

Em relação à resistência de raças de ovinos à infecção por parasitas gastrointestinais, Mexia et al. (2011) verificaram que as ovelhas Santa Inês foram menos susceptíveis, quando comparadas às raças Texel e Bergamácia, com média anual para a contagem ovos por grama de fezes (OPG) de 838,58; 1.240,31 e 1.821,33, respectivamente. De forma semelhante, Bueno et al. (2002) constataram que os ovinos da raça Santa Inês são mais resistentes aos endoparasitas que a Suffolk, Ile de France e Poll Dorset, com OPG anual médio de 342; 1.430; 947 e 977, respectivamente.

Em estudo realizado por Cruz Júnior (2011), foi verificado que o ovino Santa Inês apresenta características de pelagem (pêlo e pele) mais adequadas às condições de clima semiárido, quando comparadas às raças Bergamácia, Dorper, Texel, Ile de France e Hampshire Down, uma vez que, sob temperatura ambiental de 15,7°C a 26,9°C, os animais da raça Santa Inês apresentam temperatura retal, frequência cardíaca e respiratória mais baixas que as demais (Tabela 1).

Tabela 1 - Parâmetros fisiológicos e característica de pêlo de diferentes raças de ovinos.

Raça	Parâmetros fisiológicos			Características de pelo	
	FC	FR	TR	NP	CP
Texel	78,00a	31,39a	39,41a	3.448c	19,86b
Ile de France	66,54ab	23,17c	39,09ab	4.450b	17,33ab
Hampshire Down	64,98b	24,39c	39,17b	3.075a	15,97a
Bergamácia	63,00b	19,78c	38,86bc	2.571d	17,47ab
Dorper	64,50b	19,89c	38,64c	3.532c	6,13c
Santa Inês	58,50c	13,00c	38,02d	276e	2,06d

FC – frequência cardíaca (batimentos / minuto); FR – frequência respiratória (movimentos / minuto); TR – temperatura retal (°C); NP – número de pêlos / cm^2; CP – comprimento do pêlo (mm).
Médias com letras diferentes na coluna diferem pelo teste Duncan ($P<0,05$).
Adaptado: Cruz Júnior, 2011.

Os ovinos da raça Santa Inês, quando em confinamento, apresentaram peso ao nascer de 4,63 kg para machos (GERASEEV et al., 2006a) e 3,47 kg para fêmeas (GERASEEV et

al., 2006b); exibem peso ao desmame (45 a 60 dias) entre 13-16 kg e ganhos de peso diário de 220 e 200 g nos períodos de pré e pós desmame, respectivamente (BUENO et al., 2006). Os rendimentos da carcaça quente e da carcaça fria de ovinos Santa Inês, abatidos aos 138 dias de idade, são de 49,6% e 48,8%, na mesma ordem (RODRIGUES et al., 2008).

As perspectivas para a raça no mercado interno são bastante promissoras, com amplas possibilidades de suporte a diversos cruzamentos industriais, caracterizando-a como raça materna (SOUSA et al., 2003). Em estudos realizados com animais oriundos de cruzamento de Santa Inês com Suffolk (FERNANDES et al., 2007), Dorper (BARROS et al., 2005) e Texel (GARCIA et al., 2000), foram obtidos ganho de peso diário de 255, 213 e 208 g, respectivamente, mostrando o potencial da raça Santa Inês para a produção de carne.

2.2 Curva de crescimento

As principais informações para avaliação genética e seleção de ovinos de corte são o peso corporal e as medidas corporais, uma vez que são indicativos do rendimento de carcaça e da capacidade digestiva e respiratória dos animais (SARMENTO et al., 2006; AGUIAR et al., 2008).

O peso padronizado a determinadas idades e taxas de ganho de peso em um dado período têm sido as características mais comumente utilizadas em programas de melhoramento genético, principalmente, por serem correlacionadas positivamente com outras características de igual interesse econômico, por apresentarem facilidade de obtenção e por responderem favoravelmente aos processos de seleção impostos, uma vez que apresentam coeficientes de herdabilidade geralmente elevados (LÔBO et al., 2002).

O crescimento da maioria das espécies pode ser descrito por uma curva sigmoide e, portanto, ajustado por modelos não lineares, também conhecidos como regressões não lineares. Esses modelos, quando ajustados aos dados de peso, permitem sintetizar grande número de informações em apenas alguns parâmetros de interpretação biológica (SILVA et al., 2011).

Dentre as aplicações das curvas de crescimento na produção animal, destacam-se: resumir em três ou quatro parâmetros as características de produção; avaliar o perfil de resposta de tratamento ao longo do tempo; estudar interações de respostas das

subpopulações ou tratamentos com o tempo; e identificar os animais mais pesados em idades mais jovens em uma população (FREITAS, 2005).

Os modelos mais utilizados para descrever o crescimento de animais de produção são o Richards, Gompertz, Brody, Logística e Von Bertalanffy. Essas funções apresentam três parâmetros interpretáveis biologicamente (β_1, β_3, e β_4) e um outro (β_2) que se identifica como uma constante matemática (SOUZA et al., 2010a).

O parâmetro β_1, definido como peso assintótico ou peso adulto, representa a estimativa de peso à maturidade e reflete uma estimativa do peso às últimas pesagens. O parâmetro β_3 corresponde ao índice de maturidade ou à estimativa de precocidade da maturidade e determina a eficiência do crescimento de um animal. Quanto maior for o valor desse parâmetro, mais precoce é o animal e vice-versa (MENDES et al., 2008).

O parâmetro β_4 é denominado de parâmetro de inflexão, refere-se ao ponto no qual o animal passa de uma fase de crescimento acelerado para uma fase de crescimento inibitório, indicando o ponto que o animal passa a crescer com menor eficiência (SILVA et al., 2001a).

Nas etapas iniciais da vida, o crescimento é mais acelerado e o aumento de peso é maior do que aquele que ocorre próximo à idade adulta, observando-se uma curva de evolução sigmoide ascendente. Na medida em que o indivíduo se desenvolve, a velocidade de crescimento se altera e apresenta mudança na curvatura, identificando-se o ponto de maior velocidade de crescimento corporal. Depois deste ponto de inflexão, o crescimento diminui paulatinamente e a taxa de crescimento é cada vez mais lenta. Essa tendência continua até que o crescimento se estabiliza, fato que matematicamente corresponde com a assíntota horizontal (GOMEZ et al., 2008).

O parâmetro β_4 é variável na função de Richards, porém, nas demais funções, assumem valores fixos, fazendo com que essas apresentem formas definidas; na função de Brody $\beta_4 = 1$; na Logística $\beta_4 = -1$; na de Bertalanffy $\beta_4 = 3$ e na função de Gompertz $\beta_4 \rightarrow \infty$ (FREITAS, 2005).

O parâmetro β_2 é denominado de parâmetro de integração ou interceptação com o eixo-y, não possui significado biológico, sendo utilizado apenas para adequar o valor inicial do peso vivo, fazendo com que a curva passe pela origem, quando $y \neq 0$ e/ou $t \neq 0$. O parâmetro β_2 é importante para modelar a curva sigmoidal desde o nascimento ($t = 0$) até a

idade adulta ($t \rightarrow \infty$) do animal (DUARTE, 1975).

Outros modelos não-lineares, não convencionais, têm sido propostos para descrever o crescimento animal, dentre os quais estão os modelos Schnute, Mitscherlich, Meloun I, Meloun II, Meloun III, Michaelis-Menten, Michaelis-Menten Modificado, Weibull, Gamito e Meloun IV (SILVEIRA et al., 2011; SILVA et al., 2011). Os modelos Schnute, Meloun I e II e Mitscherlich foram criados para descrever o crescimento de uma estrutura auricular de fetos, e devido à grande flexibilidade apresentada, os mesmos podem se caracterizar como modelos alternativos para descrição de curvas de crescimento de animais (SOUZA, 2010).

Devido às diferenças entre os modelos de regressão não-linear, quando estes são ajustados a um mesmo conjunto de dados, torna-se necessário utilizar ferramentas estatísticas com o intuito de compará-los e indicar o melhor modelo. Tais ferramentas são denominadas de avaliadores da qualidade de ajuste (SILVEIRA, 2010).

Na maioria dos estudos sobre curvas de crescimento em ovinos, os critérios comumente utilizados são o quadrado médio do resíduo, coeficiente de determinação, percentual de convergência – C% e o desvio médio absoluto dos resíduos - DMA (MALHADO et al., 2009; SOUZA et al., 2011; SILVA et al., 2012; TEIXEIRA et al., 2012). No entanto, outros avaliadores da qualidade de ajuste têm sido considerados como o critério de informação de Akaike - AIC, critério de informação Bayesiano - BIC, erro quadrático médio de predição - MEP, coeficiente de determinação ajustado - R^2_{aj} e de predição - R^2_p (GOMEZ et al., 2008, SILVEIRA et al., 2011).

Para descrever bem o processo de crescimento, o modelo não-linear escolhido deve apresentar pequenos desvios no ajuste em relação aos dados observados, e os parâmetros estarem de acordo com o fenômeno em estudo. Outra característica desejável é que o modelo tenha boa taxa de convergência, já que para a estimação dos parâmetros são utilizados métodos interativos. Em alguns casos, o método pode convergir lentamente, ou nem convergir (REGAZZI, 2003). Os modelos com melhor ajuste apresentam maiores valores de coeficiente de determinação (R^2_{aj} e R^2_p) e percentual de convergência e menores AIC, BIC, MEP DMA (SILVA et al., 2011; SARMENTO et al., 2006).

Apesar dos modelos não-lineares serem apontados como adequados para descrever o crescimento de ovinos Santa Inês, existe divergências quanto à definição do melhor

modelo. O modelo mais indicado tem sido o Gompertz (GUEDES et al., 2004; SARMENTO et al., 2006; SILVA et al., 2012; Ó et al., 2012), seguido pelo Richards (LÔBO et al., 2006; TEIXEIRA et al., 2012), Brody (SILVA et al., 2012; TEIXEIRA et al., 2012), Logístico (SILVA et al., 2012) e von Bertalanffy (SARMENTO et al., 2006). Essa dificuldade de precisar o melhor modelo pode ser em função da desuniformidade dos estudos quanto à quantidade de dados, oscilação nos valores dos pesos, número de pesagens por animal e idade da última pesagem (TORAL, 2008).

Em relação aos modelos não-lineares não convencionais, Silveira et al. (2011), estudando o crescimento de ovinos cruzados Dorper x Santa Inês, sugeriram os modelos Richards e Michaelis-Menten Modificado.

2.3 Estrutura populacional

Atualmente, técnicas de genética molecular têm sido utilizadas para o estudo de populações de animais domésticos. Entretanto, as informações de *pedigree* continuam sendo muito importantes para avaliar os parâmetros populacionais devido ao baixo custo e da simplicidade de obtenção em comparação ao uso de marcadores moleculares (CARNEIRO et al., 2009).

A análise da genealogia de uma raça pode fornecer importantes informações a respeito da história e estrutura genética da população, bem como da evolução da variabilidade genética e demográfica populacional (GOYACHE et al., 2010), principalmente no que se diz respeito ao uso intensivo de um pequeno número de indivíduos superiores, ocasionando redução da diversidade genética (SANTANA JÚNIOR et al., 2012). Nesse contexto, estratégias de acasalamentos surgem como ferramenta complementar para gerenciar e preservar a variabilidade genética (DANCHIN-BURGE et al, 2010).

A utilização de informações contidas nos *pedigrees,* aliadas às informações fenotípicas, possibilita realizar avaliações genéticas de reprodutores, o que se constitui em importante etapa na elaboração de programas de melhoramento genético (VERCESI FILHO et al., 2002).

Em programas de melhoramento genético, com o passar dos anos a estrutura

populacional inicial apresenta alterações na frequência gênica. A existência de uma estrutura piramidal, com fluxo gênico preponderantemente unidirecional, favorece a diminuição das diferenças entre estratos. Após as alterações estruturais ocorrem reduções da diversidade genética e do número de linhagens e de genomas fundadores (FARIA et al., 2002).

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

2.3.1 Integralidade do *pedigree*

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

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

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

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

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

A otimização do intervalo de geração é de fundamental importância em programas de melhoramento genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual quanto às características selecionadas, o que leva ao menor retorno econômico do programa (FARIA et al., 2001).

Por outro lado, quando o intervalo de geração é reduzido pela metade, os possíveis ganhos genéticos por ano são duplicados. Entretanto, para aumento nos ganhos genéticos, são necessários, além da redução do intervalo de geração, o uso de reprodutores avaliados e o controle dos acasalamentos de animais aparentados (MALHADO et at., 2008a).

A utilização de machos jovens avaliados em programas de melhoramento é uma ferramenta para a redução do intervalo de geração, principalmente, dos intervalos pai-filho e pai-filha (MALHADO et al., 2008b). No entanto, a implementação de programas de melhoramento genético, associada ao emprego de modernas tecnologias reprodutivas, tem favorecido a utilização intensa de poucos reprodutores e, consequentemente, o desequilíbrio entre as contribuições genéticas dos ancestrais ao longo das gerações (FARIA et al., 2010; GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

2.3.2 Probabilidade de origem de gene

Todos os genes presentes numa população são herdados de seus ancestrais através das gerações. Assim sendo, quando se dispõe de informações de genealogia é possível identificar os primeiros animais que contribuíram para a formação da população estudada,

voltando até um ancestral sem genealogia conhecida, denominado fundador (BARROS, 2009).

O número efetivo de fundadores (*fe*) é definido como o número de animais, cuja contribuição produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (VERCESI FILHO et al., 2002), sendo que a contribuição genética é maior à medida que se produzem mais descendentes (ALBUQUERQUE, 2010).

Quando cada um dos fundadores apresenta a mesma contribuição esperada, o *fe* passa a ser igual ao número real de fundadores. Em qualquer outra situação, o *fe* é menor que o número real de fundadores. Teoricamente, quanto maior o *fe*, maior será a variabilidade genética da população (BARROS, 2009). A diferença entre o número total e o efetivo é responsável por perda de variabilidade genética (GOYACHE et al., 2003).

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

O número efetivo de ancestrais (*fa)* representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessário para explicar a diversidade genética total da população estudada. Esse parâmetro complementa a informação oferecida por *fe,* uma vez que considera as perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desbalanceado de indivíduos para reprodução, causadas pelo "efeito gargalo" (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Denomina-se efeito gargalo a redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra, mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja restabelecido. Devido à ocorrência do efeito gargalo, alelos presentes em baixa frequência podem ser perdidos (BARROS, 2009).

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

Em estudo sobre a estrutura populacional de ovinos da raça Merino, Azor et al. (2008) verificaram que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram

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

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

2.3.3 Coeficiente de endogamia

A consanguinidade, ou endogamia, resulta do acasalamento, intencional ou não, de animais aparentados, sendo um sistema de acasalamento capaz de alterar a constituição genética da população (BREDA et al., 2004).

O grau de endogamia de um indivíduo é descrito pelo coeficiente de endogamia (F) ou, formalmente, pela probabilidade de que dois alelos em um loco, tomado ao acaso, sejam idênticos por ascendência. O "F" de um indivíduo pode ser calculado como a metade do parentesco entre seus pais. O parentesco, por sua vez, representa a porcentagem esperada de genes em comum entre indivíduos (CARVALHEIRO; PIMENTEL, 2004).

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

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

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

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

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

Nas raças sob conservação, o fluxo de genes, geralmente, é limitado, visto que muitas subpopulações (rebanhos ou fazendas) são fechadas; a inseminação é pouco utilizada e o incremento de reprodutores reduzido (CARNEIRO et al., 2010). Em estudo com ovinos da raça Morada Nova, Rodrigues et al. (2009) observaram valor para Fst de 0,20031.

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

Como principais efeitos genéticos negativos estão a perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, sobrevivência e vigor dos animais, fenômeno conhecido por depressão endogâmica (BREDA et al., 2004).

Em estudo com o objetivo de avaliar o efeito da endogamia sobre o peso ao nascimento de ovinos turcos da raça Sakiz, Ceyhan et al. (2011) verificaram que, no decorrer de sete anos, o coeficiente de endogamia da população variou de 6,25% para

25,0%, provocando redução de 0,46 kg no peso ao nascimento.

Em trabalho semelhante com ovinos paquistaneses da raça Thalli, Hussain et al. (2006) verificaram, no período de 30 anos, incremento no coeficiente de endogamia para ganho de peso médio diário ao desmame de 4,24%. Por outro lado, observaram que a cada 1% de aumento no nível de endogamia, o ganho de peso apresentou redução de 0,098kg.

Apesar de ser um processo prejudicial, tanto para a expressão das características de interesse econômico quanto para o ganho genético em programas de seleção, a endogamia é utilizada por alguns produtores com a finalidade de aumentar a prepotência nas linhagens (capacidade de um indivíduo de produzir descendentes semelhantes), uma vez que indivíduos mais endogâmicos possuem menor variação de gametas e, assim, a progênie tende a ser mais uniforme (OLIVEIRA et al., 2011).

Quando a seleção e endogamia são aplicadas simultaneamente, alelos deletérios podem eventualmente ter a sua frequência diminuída na população. Assim, em famílias que elevaram o grau de endogamia ao longo dos anos, é esperado que a depressão por endogamia necessite de maior número de gerações para mostrar seus efeitos, pois a seleção teria tido mais chances de expurgar genes deletérios (VAN WYK et al., 2009). Dessa forma, é possível que grupos de animais, pertencentes a diferentes linhagens, estejam constituindo a cada dia um material genético distinto (OLIVEIRA et al., 2002).

2.3.4 Coeficiente médio de relação

O coeficiente médio de relação (CR) também pode ser usado como medida de endogamia da população, já que leva em consideração a endogamia e os coeficientes de co-ancestralidade (CARNEIRO et al., 2010). O CR de um indivíduo é a probabilidade de um alelo, escolhido aleatoriamente na população, pertencer a um dado animal no *pedigree* (NAVARRO, 2008).

Assim como o coeficiente de endogamia, o coeficiente de relação apresenta relação direta com o aumento do número de gerações conhecidas. O melhor conhecimento e controle da genealogia com o passar das gerações possibilita o cálculo mais acurado de F e CR, com consequente aumento de seus valores, bem como aumenta a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no *pedigree* (QUEIROZ et al., 2000).

O coeficiente de relação pode variar entre os anos de nascimento e sexo dos animais, podendo mostrar diferentes tendências e evolução. A investigação detalhada desse parâmetro é de extrema importância na avaliação da diversidade genética de uma dada população (ORAVCOVÁ; MARGETÍN, 2011). Entretanto, em se tratando de uma ferramenta, seu uso deve ser associado a outros parâmetros (CARNEIRO et al., 2010).

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

2.3.5 Tamanho efetivo

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

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

Em estudo sobre a estrutura genética populacional de ovinos da raça Morada Nova, Rodrigues et al. (2009) verificaram estreita relação do Ne com o F e CR da população. Esses autores observaram que, entre as gerações 0 e 3, o Ne diminuiu de 95 para 7, enquanto que o F aumentou de 0% para 0,108% e o CR de 0,008% para 0,086%.

Em trabalho semelhante com ovinos da raça Santa Inês, Pedrosa et al. (2010) observaram que, entre os anos de 1998 e 2008, o tamanho efetivo diminuiu de 145 para 70,

enquanto que a endogamia total aumentou de 0,5 para 3,5%.

Populações de menor Ne apresentam maior probabilidade de acasalamento entre indivíduos aparentados, o que pode ocasionar maiores coeficientes de endogamia, redução da variância genética aditiva e, possivelmente, do valor fenotípico (BREDA et al., 2004; POGGIAN, 2008; CAROLINO; GAMA, 2008). Isso ocorre, principalmente, em razão do uso intensivo de poucos machos melhorados nos rebanhos e do aumento da variação do número de progênies por reprodutor em gerações sucessivas (LAAT, 2001; CUNHA et al., 2006).

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

2.4 O estudo da diversidade e sua importância

A diversidade ou variabilidade total de uma dada espécie resulta das variabilidades existentes entre raças (inter-racial) e dentro das raças (intra-racial), ou seja, do número total de raças e da diversidade entre indivíduos de mesma raça (MACHADO et al., 2010).

A manutenção da diversidade intrarracial é fundamental para sobrevivência das populações naturalizadas e, no caso dos programas de melhoramento genético, a garantia de que se possa estabelecer pressão de seleção e aumento de produção em função do sistema de criação (DELGADO et al., 2001; DOSSA et al., 2007).

Para o melhoramento genético sustentável, a manutenção da diversidade é importante uma vez que não é possível predizer com objetividade quais características poderão ser necessárias no futuro. Quanto maior a diversidade, mais fácil e rápida será a adaptação às mudanças necessárias para o desenvolvimento dos sistemas de produção (EGITO, 2007).

A perda de um único tipo ou raça compromete o acesso aos seus genes e combinações genéticas, pois cada linhagem ou população representa, provavelmente, uma combinação única de genes. Assim, procura-se manter a diversidade máxima de *pool* genético de cada

raça (EGITO et al., 2002).

A partir do estudo de diversidade, pode-se avaliar: o grau de divergência entre grupos genéticos; o comportamento de genótipos em diferentes ambientes; a superioridade de alguns genótipos sobre outros, com base na combinação linear de características de importância econômica; e relacionar a divergência genética com a heterose e/ou diversidade de origem geográfica (PIASSI et al., 1995).

O conhecimento da diversidade se dá comparando indivíduos e populações por meio dos marcadores de diversidade. As características usadas como marcadores de diversidade entre populações podem ser fenotípicos ou moleculares. São marcadores fenotípicos aqueles que expressam os genes, como a presença ou ausência de traços corporais, a que se dá o nome de morfológicos, e as medidas corporais chamadas biométricas (MACHADO et al., 2010).

2.4.1 Diversidade Fenotípica

A diversidade fenotípica de ovinos, estimada por meio dos marcadores biométricos, pode fornecer informações importantes a respeito do grau de divergência entre grupos estudados (YAKUBU; IBRAHIM, 2011). O estudo da variabilidade genética, por meio das medidas corporais, também constitui uma ferramenta norteadora nos processos de preservação ou melhoramento genético (NSOSO et al 2004; SOWANDE et al. 2010).

Divergências biométricas também podem ser um indicador de diferenças seletivas entre linhagens. A determinação do nível de divergência entre as medidas corporais de diferentes linhagens permite fazer inferências sobre o grau de adaptação a um determinado ambiente ou sobre a especialização produtiva (DIAZ RIVERA et al., 2003; BEDOTTI et al., 2004).

A decisão de quais medidas corporais devem ser mensuradas é tomada com base no conhecimento da existência de grupos genéticos pernaltas e anões, brevilíneos e longilíneos e com diferentes particularidades raciais (PIRES, 2011).

Em ovinos, as medidas corporais têm apresentado bons resultados na discriminação de populações, quando são consideradas várias medidas, sendo as mais utilizadas o comprimento de orelha, comprimento de corpo, circunferência torácica, altura anterior e

posterior (TRAORÉ et al., 2008).

Uma vez definidos os valores referentes a cada caractere, utilizam-se ferramentas estatísticas para comprovar a variabilidade existente, entre indivíduos ou entre populações e, averiguar a possibilidade de pertencer ou não a uma raça ou ecótipo (ZEPEDA et al., 2002). Dentre as técnicas estatísticas utilizadas para descrição da diversidade, geralmente, destacam-se as multivariadas, que são capazes de examinar diversas variáveis simultaneamente (MACHADO et al., 2010).

2.4.2 Análise multivariada

Considerando que as características de importância econômica estão correlacionadas, com magnitudes e sentidos variáveis, a utilização de técnicas de análise multivariada é a mais recomendada no estudo da diversidade, pois, quando existe interdependência, as análises univariadas não apresentam a versatilidade de aproveitar as correlações existentes (TORRES FILHO et al., 2005).

A análise multivariada corresponde a um grande número de métodos e técnicas que utilizam simultaneamente as informações de todas as variáveis feitas em um mesmo indivíduo, levando em consideração a correlação entre elas. Para que a análise multivariada seja aplicada de forma correta, é essencial uma adequada organização e avaliação dos dados, devendo ser investigada a forma como os dados foram gerados, as medidas utilizadas e a confiabilidade destes dados (PIRES, 2009).

O uso dos métodos de análises multivariadas em estudos recentes comprova sua eficiência na análise da diversidade genética, baseada em marcadores biométricos em bovinos (HARTATI et al., 2010; NDUMU et al., 2008; YAKUBU et al., 2009; YAKUBU et al., 2010), caprinos (BATUBARA et al., 2011; CHACÓN et al., 2011; JIMCY et al., 2011; OKPEKU et al., 2011; YAKUBU et al., 2011a) e ovinos (CERQUEIRA et al, 2011; LEGAZ et al., 2011; YAKUBU; IBRAHIM, 2011; YAKUBU et al., 2011b). Várias técnicas de análise multivariada podem ser aplicadas, entre as quais merece destaque a análise de componentes principais, variáveis canônicas e as técnicas de agrupamento (BELLO et al., 2008).

2.4.2.1 Componentes principais

O componente principal é uma combinação linear de um conjunto de covariáveis que permitem identificar as variáveis que mais contribuem na avaliação. Através da análise de componentes principais, pode-se obter a matriz de variância e covariância ou a matriz de correlação (SOUZA et al., 2010b).

A análise de componentes principais transforma um grupo original de variáveis em combinações lineares (componentes) com a finalidade de reduzir um conjunto de dados de modo que ele pode ser descrito e utilizado facilmente (YAKUBU et al., 2009).

A técnica dos componentes principais, além de possibilitar o estudo da diversidade genética de um grupo de acessos, também tem a vantagem de possibilitar a avaliação da importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados. O interessante nessa avaliação reside na possibilidade de se descartarem características que contribuem pouco para a discriminação do genótipo avaliado ou de difícil mensuração, reduzindo, dessa forma, o tempo e os custos na coleta de dados (CRUZ et al., 2011; PAIVA et al., 2010).

Os primeiros componentes extraídos contam com grandes proporções do total da variância, então os últimos componentes podem ser desconsiderados por corresponderem a pouca variância dos dados. Por outro lado, a característica que possuir maior coeficiente no componente principal de menor autovalor (variância), deve ser menos importante para explicar a variância total, portanto, também passível de descarte (SANTOS et al., 2010).

A partir do ponto de vista da genética animal e melhoramento, pelo fato da análise de componentes principais considerar simultaneamente um grupo de atributos, constitui-se em importante ferramenta no processo de seleção (YAKUBU et al., 2009).

Em estudo sobre a diversidade fenotípica de oito subpopulações da raça ovina espanhola Ripollesa, Esquivelzeta et al. (2011) observaram que os dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) representaram 47,6% e 12,3% da variação total entre as subpopulações, respectivamente. Sendo que, para CP1, a medida mais importante foi o comprimento do corpo e, para CP2, a altura anterior. As diferenças observadas entre populações foram atribuídas aos diferentes históricos de seleção impostos, com implicações relevantes a serem levadas em conta para o programa de conservação da raça.

2.4.2.2 Variáveis canônicas

A análise de variáveis canônicas é um processo alternativo para avaliação do grau de similaridade genética entre genótipos que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados. Esta técnica é similar à de componentes principais, pois permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de variáveis, em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo de variação e serem independentes entre si (CRUZ et al., 2011).

Esse novo grupo de variáveis retém, em ordem de estimação, o máximo de informação em termos de variação total e explicará tanto melhor a variabilidade manifestada entre os indivíduos avaliados quanto menor for o número de variáveis que acumulem pelo menos 80% da variação total (FONSECA et al., 2000).

A técnica de componentes principais diferencia-se da de variáveis canônicas, basicamente pela hipótese da existência de grupos. A partir da definição dos grupos, as variáveis canônicas procuram gerar novos eixos que maximizem a variância existente entre os grupos e minimizem a variância dentro dos grupos; enquanto os componentes principais procuram maximizar a variância entre as observações independentes do grupo ao qual pertence (PERES NETO, 1995).

Em estudo desenvolvido na Itália, com as raças ovinas Pomarancina, Garfagnina, Appenninica e Massese, Diaz Rivera et al. (2003) verificaram que as três primeiras variáveis canônicas explicaram 72,71%, 16,43% e 10,95% da variância total observada, respectivamente. As raças Pomarancina e Appenninica mostraram-se as mais próximas, enquanto que a Massese apresentou-se a mais distante.

2.4.2.3 Análise de agrupamento

O processo de agrupamento envolve basicamente duas etapas: a primeira é a estimação de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os genótipos e a segunda, a adoção de uma técnica de agrupamento para formação dos grupos (YAMAKI et al., 2008).

As medidas de dissimilaridade são as mais apropriadas em banco de dados referentes às variáveis quantitativas e, logo, quanto menor os seus valores, mais similares serão os elementos que estão sendo comparados (MINGOTI, 2005).

As medidas de dissimilaridade comumente utilizadas são a Distância Euclidiana, Distância Euclidiana Média, Quadrado da Distância Euclidiana Média e a Distância de Mahalanobis. A Distância de Mahalanobis, em comparação com a Distância Euclidiana, apresenta a vantagem de levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, ou seja, suas correlações (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A literatura apresenta inúmeras técnicas de agrupamento, que se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelos diferentes modos de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer. Cruz et al. (2011) destacam dois tipos de métodos de agrupamento, os métodos de otimização e os métodos hierárquicos aglomerativos ou divisivos. Dentre os métodos hierárquicos aglomerativo, podem ser citados o método da ligação simples (simple linkage) ou do vizinho mais próximo, método da ligação completa (complete linkage) ou do vizinho mais distante, método da ligação média entre grupos (UPGMA), método da ligação média ponderada entre grupos (WPGMA), método do centroide (UPGMC) e método da mediana (WPGMC).

A técnica utilizada com maior frequência em estudos sobre a diversidade fenotípica de pequenos ruminantes tem sido a UPGMA (DIAZ RIVERA et al., 2003; LANARI et al., 2003; ROCHA et al., 2007). Trata-se de uma técnica que utiliza as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando, assim, caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimos e máximos) entre os grupos considerados (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

Ainda que as análises sejam multidimensionais, seus resultados geralmente são representados graficamente no plano, sobre dois eixos (coordenadas ou na forma de dendrogramas). Nestes gráficos, observa-se como os indivíduos e/ou populações se agrupam ou se segregam (MACHADO et al., 2010).

REFERÊNCIAS

AGUIAR, C.S.; SANTANA, A.F.; SOUZA, E.C.A.; LIMA, M.C.; FELIZOLA, C.A.; CRUZ, G.A.M.; FARIAS JUNIOR, N.A. Medidas corporais de ovinos da raça Santa Inês de sete a nove meses de idade e suas correlações com a circunferência escrotal. **PUBVET**, v.2, n.8, 2008.

ALBUQUERQUE, A.L.S. **Estrutura populacional de um rebanho leitero da raça Pardo-Suíça no estado do Ceará.** Fortaleza: UFC, 2010. 51p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2010.

ARCO. **Jornal ARCO - Órgão Informativo da Associação Brasileira de Criadores de Ovinos**. Ano 2, n. 3, 2008. Disponível em: <www.arcoovinos.com.br>. Acesso em: Jan. 2013.

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

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

BARROS, N. N.; VASCONCELOS, V. R.; WANDER, A. E.; ARAÚJO, M. R. A. Eficiência bioeconômica de cordeiros F1 Dorper x Santa Inês para produção de carne. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.40, n.8, p.825-831, 2005.

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

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

BATUBARA, A.; NOORA, R. R.; FARAJALLAHC, A.; TIESNAMURTI, B.; DOLOKSARIBU, M. Morphometric and Phylogenic Analysis of Six Population Indonesian Local Goats. **Journal of Animal Science and Technology**, p.165-174, 2011.

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

BEDOTTI, D.; CASTRO, A.G.G.; RODRÍGUEZ, M.S.; PEINADO, J.M. Caracterización morfológica y faneróptica de la cabra colorada pampeana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.261-271, 2004.

BELLO, A.B.S.; FERRAZ FILHO, P.B.; SILVA, L.O.C.; SOUZA, J. C.; MUNIZ, N. M. Distâncias genéticas entre touros Nelore de Mato Grosso do Sul, por técnicas de análises multivariada. **Archives of Veterinary Science** , v.13, n.1, p.64-72, 2008.

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

BUENO, M.S.; CUNHA, E.A.; VERÍSSIMO, C.J.; SANTOS, L.E.; LARA, M.A.C.; OLIVEIRA, S.M.; SPÓSITO FILHA, E.; REBOUÇAS, M.M. Infección por nematodos em razas de ovejas carniças criadas intensivamente em la Región del Sudeste del Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.51, p.271-278, 2002.

BUENO, M.S.; CUNHA, E.A.; SANTOS, L.E.; VERÍSSIMO, C.J. **Santa Inês: uma boa alternativa para a produção intensiva de carne de cordeiros na região Sudeste.** 2006. Disponível em: <www.infobibos.com>. Acesso em: Jun. 2009.

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

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

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: Simpósio Nordestino de Produção Animal, Mossoró, 6, 2010. Mossoró. **Anai...** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2010.

CAROLINO, N.; GAMA, L.T. Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. **Journal of animal science**, v.86, p.47–56, 2008.

CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E.C.G. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. In: GEMPEC - Workshop em Genética e Melhoramento na Pecuária de Corte, 2, 2004. Jaboticabal – São Paulo. **Workshop em Genética e Melhoramento na Pecuária de Corte.** Jaboticabal, 2004.

CERQUEIRA, J.O.L.; FEÁS, X.; IGLESIAS, A.; PACHECO, L.F.; ARAÚJO, J.P.P. Morphological traits in Portuguese Bordaleira de Entre Douro e Minho sheep: divergence of the breed. **Animal Production Science,** v.51, n.7, p.635-641, 2011.

CEYHAN, A.; KAYGISIZ, A.; SEZENLER, T. Effect of inbreeding on preweaning growth traits and survival rate in Sakiz sheep. **The Journal of Animal & Plant Sciences**, v.21,

n.1, p.1-4, 2011.

CHACÓN, E.; MACEDO, F.; VELÁZQUEZ, F.; PAIVA, S.R.; PINEDA, E.; MCMANUS, C. Morphological measurements and body indices for Cuban Creole goats and their crossbreds. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.40, n.8, p.1671-1679, 2011.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa. Editora UFV, 2006.

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

CRUZ JÚNIOR, A.A. **Tolerância ao calor em ovinos reprodutores criados no Distrito Federal**. Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2011, 99p. Tese (Doutorado). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, 2011.

CUNHA, E.E.; EUCLIDES, R.F.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, P.L.S. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, p.381-387, 2006.

DANCHIN-BURGE, C.; PALHIÈRE, I.; FRANÇOIS, D.; BIBÉ, B.; LEROY, G.; VERRIER, E. Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. **Journal of Animal Science,** v.88, p.505–516, 2010.

DELGADO, J.V.; BARBA, C.; CAMACHO, M.E.; SERENO, F.T.P.S.; MARTÍNEZ, A.; VEGA-PLA, J.L. Caracterización de los animales domésticos en España. **Animal Genetic Resources Information**, v. 29, p.7-18, 2001.

DIAZ RIVERA, P.; DEGL'INNOCENTI, P.; SARGENTINI, C.; MORETTI, M.; BOZZI, R. Phenotypic diversity of Tuscany's endangered sheep breeds: a canonical discriminant approach. **Italian Journal of Animal Science**, v.2, p.563-565, 2003. (Suppl. 1)

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v.73, p.150–159, 2007.

DUARTE, F.A.M. **Estudo da curva de crescimento de animais da raça Nelore (Bos taurus indicus) através de cinco modelos estocásticos**. Ribeirão Preto: USP, 1975. 287p. Tese (Livre-Docência) - Universidade de São Paulo, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, 1975.

EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Archivos de Zootecnia**, v.51, n.193-194, p.39-52, 2002.

EGITO, A.A. **Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças**

bovinas no Brasil com base em microssatélites e haplótipos de DNA mitocondrial: Subsídios para a conservação. (Tese de doutorado). Departamento de Biologia Celular, Universidade de Brasília, Brasilia, DF, 2007. 246 p.

ESQUIVELZETA, C.; FINA, M.; BACH, R.; MADRUGA, C.; CAJA, G.; CASELLAS J.; PIEDRAFITA J. Morphological analysis and subpopulation characterization of Ripollesa sheep breed. **Animal Genetic Resources**, v.49, p.9-17, 2011.

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

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.5, p.501-509, 2002.

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

FERNANDES, M. A. M.; MONTEIRO, A. L. G.; BARROS, C. S.; GAZDA, T. L.; PIAZZETTA, R. G.; DITTRICH, J. R.; GASPERIN, C. Desempenho de cordeiros puros e cruzados Suffolk e Santa Inês. **Revista da FZVA**, v.14, n.2, p. 207-216. 2007.

FONSECA, R.; PIRES, A.V.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A; EUCLYDES, R.F. Estudo da divergência genética entre raças suínas utilizando técnicas de análise multivariada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.52 n.4, 2000.

FRAGA, A.B.; ARAÚJO FILHO, J.T.; CAVALCANTI, J.C.G.; COSTA, R.G. Intervalo de partos em ovinos da raça Santa Inês na região sertaneja do Estado de Alagoas. In: 2º Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte, 2003, João Pessoa. **Anais...** 2º Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte. João Pessoa: Emepa, 2003. p. 654.

FREITAS, A.R. Curvas de Crescimento na Produção Animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.786-795, 2005.

GARCIA, I. F. F.; PEREZ, J. R. O.; OLIVEIRA, M. V. Características de Carcaça de Cordeiros Texel x Bergamácia, Texel x Santa Inês e Santa Inês Puros, Terminados em Confinamento, com Casca de Café como Parte da Dieta. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 1, p. 253-260, 2000.

GERASEEV, L. C.; PEREZ, J. R. O.; CARVALHO, P. A.; OLIVEIRA, R. P.; QUINTÃO, F. A.; LIMA, A. L. Efeitos das restrições pré e pós-natal sobre o crescimento e o desempenho de cordeiros Santa Inês do nascimento ao desmame. **Revista Brasileira de**

Zootecnia, v.35, n.1, p.245-251, 2006a.

GERASEEV, L. C.; PEREZ, J. R. O.; OLIVEIRA, R. P.; QUINTÃO, F. A.; PEDREIRA, B. C. Efeito da restrição alimentar durante o final da gestação sobre o peso ao nascer de cordeiros Santa Inês. **Ciência Agrotecnica**, v. 30, n. 2, p. 329-334, 2006b.

GÓMEZ, D.A.A.; MUÑOZ, M.F.C.; BETANCUR, L.F.R. Modelación de las funciones de crecimiento aplicadas a la producción animal. **Revista Colombiana de Ciências Pecuárias**, v.21, p.39-58, 2008.

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 of Animal Breeding and Genetics**, v.120, p.95-105, 2003.

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

GUEDES, M.H.P.; MUNIZ, J.A.; PEREZ, J.R.O.; SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; SANTOS, C.L. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia considerando heterogeneidade de variâncias. **Ciência Agrotécnica**, v.28, p.381-388, 2004.

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

HARTATI; SUMADI; SUBANDRIYO; HARTATIK, T. Keragaman Morfologi dan Diferensiasi Genetik Sapi Peranakan Ongole di Peternakan Rakyat. **Indonesian Journal of Animal and Veterinary Sciences**, v.15, n.1, p.72-80, 2010.

HUSSAIN, A.; AKHTAR, P.; ALI, S.; YOUNAS, M.; JAVED, K. Inbreeding effects on post-weaning growth traits of Thalli sheep in Pakistan. **Pakistan Journal Agriculture Science**, v.43, p.1-2, 2006.

JIMCY, J.***;*** RAGHAVAN, K.C.; SUJATHA, K.S. Diversity of local goats in Kerala, India, based on morpho-biometric traits**. Livestock Research for Rural Development**, v.23, n.5, 2011.

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

LANARI, M.R.; TADDEO, H.; DOMINGO, E.; CENTENO, M.P.; GALLO, L. Phenotypic differentiation of exterior traits in local Criollo Goat Population in Patagonia (Argentina). **Archiv für Tierzucht**, v.46, n.4, p.347-356, 2003.

LEGAZ, E.; CERVANTES, I.; PÉREZ-CABAL, M.A.; FUENTE, L.F.; MARTINEZ, R.; GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P. Multivariate characterisation of morphological traits in Assaf (Assaf.E) Sheep. **Small Ruminant Research**, v.100, 122– 130, 2011.

LÔBO, R.N.B.; MARTINS, J.A.M.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R.; MOURA, A.A.A. Correlações entre características de crescimento, abate e medidas corporais em tourinhos da raça Nelore. **Revista Ciência Agronômica**, v.33, n.2, p.5-12, 2002.

LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; LOBO, A.M.B.O.; PASSOS, J.R.S.; OLIVEIRA, A.A. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006 (suplemento)

MACHADO, T.M.M.; PIRES, L.C.; ARAÚJO, A.M. Conservação e melhoramento genético de caprinos com o auxílio de caracteres morfológicos e biométricos. In: Ximenes, L.J.F. (coordenador), **Ciência e tecnologia na pecuária de caprinos e ovinos**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2010. p.363-379.

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

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

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; AFFONSO, P.R.A.M.; SOUZA JÚNIOR, A.A.O.; SARMENTO, J.L.R. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brasilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo and Santa Inês. **Small Ruminat Research**, v.84, p.16-21, 2009.

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

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

MENDES, P.N.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F.; MAZZINI, A.R.A. Modelo logístico difásico no estudo do crescimento de fêmeas da raça Hereford. **Ciência Rural**, v.38, n.7, 2008.

MEXIA, A.A.; MACEDO, F.A.F.; OLIVEIRA, C.A.L.; ZUNDT, M.; YAMAMOTO, S.M.; SANTELLO, G.A.; CARNEIRO, R.D.C.; SASA, A. Susceptibilidade a nematóides em ovelhas Santa Inês, Bergamácia e Texel no Noroeste do Paraná. **Ciências Agrárias**, v.32, p.1921-1928, 2011 (suplemento 1).

MINGOTI, S.A. **Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada**. Belo Horizonte. Editora UFMG, 2005, 297p.

NAVARRO, C.I. **Estructura genetic del caballo de pura raza Árabe Español y sy influencia em razas derivadas: aplicación de nuevas metodologias em El cálculo Del tamño efectivo**. Madri (Espanha): Universidad Complutense de Madrid, 2008. Tese (Doutorado) - Universidad Complutense de Madrid, 2008.

NDUMU, D.B.; BAUMUNG, R.; HANOTTE, O.; WURZINGER, M.; OKEYO, M.A.; JIANLIN, H.; KIBOGO, H.; SOLKNER, J. Genetic and morphological characterization of the Ankole Longhorn cattle in the African Great Lakes region. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p.467–490, 2008.

NSOSO, S.J.; PODISI, B.; OTSOGIE, E.; MOKHUTSHWANE, B.S.; AHMADU, B. Phenotypic characterization of indigenous Tswana goats and sheep in Botswana: Continuous traits. **Tropical Animal Health and Production**, v.36, p.789–800, 2004.

Ó, A.O.; RÊGO NETO, A.A.; SANTOS, G.V.; SARMETO, J.L.R.; BIAGIOTTI, D.; SOUSA, J.E.R. Curva de crescimento de ovinos Santa Inês no Vale do Gurgueia. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, n.4, p.912-922, 2012.

OKPEKU, M.; YAKUBU, A.; PETERS, S.O.; OZOJE, M.O.; IKEOBI, C.O.N.; ADEBAMBO, O.A.; IMUMORIN, I.G. Application of multivariate principal component analysis to morphological characterization of indigenous goats in Southern Nigeria. **Acta Argiculturae Slovenica**, v.98, n.2, p.101–109, 2011.

OLIVEIRA, J.H.F.; MAGNABOSCO, C.U.; BORGES, A.M.S.M. **Nelore: base genética e evolução seletiva no Brasil**. Planaltina: EMBRAPA Cerrados, 2002. 54p. (EMBRAPA Cerrados. Documentos, 49).

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

OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B.; OLIVEIRA, E.C.M.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.6, p.639-647, 2011.

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

PAIVA, A.L.C.; TEIXEIRA, R.B.; YAMAKI, M.; MENEZES, G.R.O.; LEITE, C.D.S.;

TORRES, R.A. Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.2, p.285-288, 2010.

PEDROSA, V.B.; SANTANA JR., M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, on line, 2010.

PERES-NETO, P.R. **Introdução a análises morfométricas**. In: Peres-Neto, P.R.; Valentin, J.L.; Ferandez, F.A.S. Tópicos em tratamentos de dados biológicos. Série Oecologia Brasileinsis, v.2, p.57-89, PPGE-UFRJ. Rio de Janeiro, 1995.

PIASSI, M.; SILVA, M.A; REGAZZI, A.J.; TORRES, R.A.; SOARES, P.R.; TORRES JÚNIOR, R.A.A. Estudo da divergência genética entre oito grupos de aves de postura, por meio de técnicas de análise multivariada. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.24, p.715-727, 1995.

PIRES, L.C. **Diversidade genética entre populações caprinas com base em marcadores morfométricos**. Viçosa: UFV, 2009. 106p. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

PIRES, L.C. **Diversidade genética de caprinos nas Repúblicas de Cabo Verde e do Brasil**. Viçosa: UFV, 2011. 123p. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

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

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

RADEL, T. **Ovino Santa Inês: O futuro da ovinocultura mundial**, 2002. Disponível em: < http://www.accoba.com.br>. Acesso em: Mai. 2009.

ROCHA, L.L.; BENÍCIO, R.C.; OLIVEIRA, J.C.V.; RIBEIRO, M.N.; DELGADO, J.V. Avaliação morfoestrutural de caprinos da raça Moxotó. **Archivos de Zootecnia**, v.56, p.483-488, 2007 (Suplemento 1).

REGAZZI, A.J. Teste para verificar a igualdade de parâmetros e a identidade de modelos de regressão não-linear. **Revista Ceres**, v.50, n.287, p.9-26, 2003.

RODRIGUES, G. H.; SUSIN, I.; PIRES, A. V.; MENDES, C. Q.; URANO, F. S.; CASTILLO, C. J. C. Polpa cítrica em rações para cordeiros em confinamento: características da carcaça e qualidade da carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.10, p.1869-1875, 2008.

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

SANTANA JÚNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; GUTIÉRREZ, J. P.; FERRAZ, J.B.S. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds**. Journal of Animal Science** v.90, p.99–108, 2012.

SANTOS, R. **SANTA INÊS: a raça fundamental**. Uberaba. Agropecuária Tropical, 2007, 568p.

SANTOS, E.F.N.; SANTORO, K.R.; FERREIRA, R.L.C.; SANTOS, E.S.; SANTOS, G.R.A. Formação de grupos produtivos em vacas leiteiras por meio de componentes principais. **Revista Brasileira de Biometria**, São Paulo, v.28, n.3, p.15-22, 2010.

SARMENTO, J.L.R.; TORRES, R.A.; SOUSA, W.H.; LOPES, P. S; BREDA, F. C. Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos uni e multicaracterísticas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.4, p.581-589, 2006.

SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I.G. Influência de fatores genéticos e ambientais sobre as estimativas dos parâmetros das funções de crescimento em gado Nelore. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.25, p.1195-1205, 2001a.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.; COBUCI, J.A.; GUARAGNA, G.P.; OLIVEIRA, P.R.P. Efeito da Endogamia sobre Características Produtivas e Reprodutivas de Bovinos do Ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia,** v.30, n.4, p.1236-1242, 2001b.

SILVA, M.R.H. **Efeitos de diferentes taxas de crescimento na recria sobre o desempenho, idade a puberdade e produção leiteira em fêmeas da raça Santa Inês**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, 2009. 89p. Dissertação (Mestrado) – ESALQ / USP, 2009.

SILVA, F.L.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; PACKER, I.U.; MOURÃO, G.B. Curvas de crescimento em vacas de corte de diferentes tipos biológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.3, p.262-271, 2011.

SILVA, L.S.A.; FRAGAA, A.B.; SILVA, F.L.; BEELEN, P.M.G.; SILVA, R.M.O.; TONHATIC, H.; BARROSA, C.C. Growth curve in Santa Inês sheep. **Small Ruminant Research**, v.105, p.182–185, 2012.

SILVEIRA, F.G. **Classificação multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte.** Viçosa: UFV, 2010. 61p. Dissertação (mestrado) Universidade Federal de Viçosa, Pós-graduação em estatística aplicada e biometria, 2010.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MUNIZ, J.A. Análise de agrupamento na seleção de modelos de regressão não-lineares para curvas de crescimento de ovinos cruzados. **Ciência Rural**, v.41, n.4, 2011.

SOUSA, W.H.; PEREIRA, C.S.; BERGMANN, J.A.G.; SILVA, F.L.R. Estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos para características de reprodução por intermédio de modelos lineares e de limiar. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.6, p.2237-2247, 2000.

SOUSA, W.H.; LÔBO, R.N.; MORAIS, O.R. Ovinos Santa Inês: Estado de Arte e Perspectivas. In: II Simpósio Internacional sobre Caprinos e Ovinos de Corte, João Pessoa, 2003. **Anais ...** João Pessoa, 2003. p. 510 -522.

SOUZA, L.A. **Avaliação do crescimento de ovinos da raça Morada Nova sob modelos não lineares convencionais e alternativos**. Itapetinga: UESB, 2010. 53p. Dissertação (mestrado) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Pós-graduação em Zootecnia, 2010.

SOUZA, L.A.; CAIRES, D.N.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. Curvas de crescimento em bovinos da raça Indubrasil criados no Estado do Sergipe. **Revista Ciência Agronômica**, v.41, n.4, p.671-676, 2010a.

SOUZA, J.C.; PEROTTO, D.; ABRAHÃO, J.J.; FREITAS, J.A.; FERRAZ FILHO, P.B.; WEABER, R.L.; LAMBERSON, W.R. Estimativa das distâncias genéticas e componentes principais em bovinos de corte no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, v.59, n.228, p.479-485, 2010b.

SOUZA, L.A.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PAIVA, S.R.; CAIRES, D.N.; BARRETO, D.L.F. Curvas de crescimento em ovinos da raça morada nova criados no estado da Bahia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.8, p.1700-1705, 2011.

SOWANDE, O.S.; OYEWALE, B.F.; IYASERE, O.S. Age and sex dependent regression models for predicting the live weight of West African Dwarf goat from body measurements. **Tropical Animal Health and Production**, v.42, p.969–975, 2010.

TEIXEIRA, M.C.; VILLARROEL, A.B.; PEREIRA, E.S.; OLIVEIRA, S.M.P.; ALBUQUERQUE, I.A.; MIZUBUTI, I.Y. Curva de crescimento de cordeiros oriundos de três sistemas de produção na Região Nordeste do Brasil. **Ciências Agrárias**, v. 33, n. 5, p. 2011-2018, 2012.

TORAL, F.L.B. Número e intervalo de pesagens para estimação de parâmetros de curvas de crescimento em bovines. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.12, p. 2120–2128, 2008.

TORRES FILHO, R.A.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; BREDA, F.C. Estudo da divergência genética entre linhas de suínos utilizando técnicas de análise multivariada. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.3, p.390-

395, 2005.

TRAORÉ, A.; TAMBOURA, H.H.; KABORÉ, A.; ROYO, L.J.; FERNÁNDEZ, I.; ÁLVAREZ, I.; SANGARÉ, M.; BOUCHEL, D.; POIVEY, J.P.; FRANCOIS, D.; TOGUYENI, A.; SAWADOGO, L.; GOYACHE, F. Multivariate characterization of morphological traits in Burkina Faso sheep. **Small ruminant research**, v. 80, p.62-67, 2008.

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

VAN WYK, J. B.; FAIR, M. D.; CLOETE, S. W. P. Case study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **Livestock Science**. 120:218–224. 2009.

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, n.6, p. 609-617, 2002.

YAKUBU, A.; OGAH, D.M.; IDAHOR, K.O. Principal component analysis of the morphostructural indices of white Fulani cattle. **Trakia Journal of Sciences**, v. 7, n. 2, p.67-73, 2009.

YAKUBU, A.; IDAHOR, K.O.; HARUNA, H.S.; WHETO, M.; AMUSAN, S. Multivariate analysis of phenotypic differentiation in Bunaji and Sokoto Gudali cattle. **Acta argiculturae Slovenica**, v.96, n.2, p.75–80, 2010.

YAKUBU, A.; SALAKO, A.E.; IMUMORIN, I.G. Comparative multivariate analysis of biometric traits of West African Dwarf and Red Sokoto goats. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, n.3, p.561-566, 2011a.

YAKUBU, A.; SALAKO, A.E.; ABDULLAH, A.R. Varimax rotated principal component factor analysis of the zoometrical traits of Uda sheep. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.813-816, 2011b.

YAKUBU, A.; IBRAHIM, I.A. Multivariate analysis of morphostructural characteristics in Nigerian indigenous sheep. **Italian Journal of Animal Science**, v.10, n.17, 2011.

YAMAKI, M.; MENEZES, G.R.O.; TEIXEIRA, R.B.; BARBOSA, L.; PAIVA, A.L.C.; TORRES, R.A. Divergência genética entre linhagens de matrizes de corte por meio de análise de agrupamento. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.5, p.829-833, 2008.

ZEPEDA, D.J.S.; GUERRA, F.J.F.; GARCÍA, M.H.; SERRANO, E.R.; VÁZQUEZ, A.C.S.; CRUZ, A.B.; BERMEJO, J.V.D. Estudio de los recursos genéticos de México: características Morfológicas y morfoestructurales de los caprinos nativos de Puebla. **Archivos de Zootecnia,** v.51, p.53-64, 2002.

CAPÍTULO I

DESCRIÇÃO DO CRESCIMENTO DE OVINOS SANTA INÊS UTILIZANDO MODELOS NÃO-LINEARES SELECIONADOS POR ANÁLISE MULTIVARIADA*

RESUMO

Objetivou-se com este estudo descrever o crescimento de ovinos Santa Inês utilizando modelos não-lineares selecionados por análise multivariada. Dezessete modelos não-lineares foram utilizados para descrever o crescimento de 89 cordeiros, do nascimento aos 210 dias de idade, criados em sistema semi-intensivo e desmamados aos 90 dias. Os modelos foram classificados por meio de análise multivariada, utilizando o coeficiente de determinação ajustado, critério de informação de Akaike, critério de informação Bayesiano, erro quadrático médio de predição, coeficiente de determinação de predição, desvio médio absoluto dos resíduos e percentual de convergência como avaliadores da qualidade do ajuste. Os modelos Richards, Reynolds e Weibull não convergiram e os modelos Schnute, Meloun II, IV, V e VI, Gamito, Michaelis Menten e Michaelis Menten Modificado não apresentaram padrão tradicional de crescimento dos animais. Os modelos Mitscherlich, Gompertz, Logístico, Meloun I e III, Brody e Von Bertalanffy convergiram e foram utilizados na análise de agrupamento. Dentre os quatro agrupamentos formados, o primeiro, composto pelos modelos Mitscherlich, Meloun I e Brody, apresentou os melhores valores para o coeficiente de determinação ajustado, critério de informação de Akaike, critério de informação Bayesiano, erro quadrático médio de predição, coeficiente de determinação de predição e desvio médio absoluto dos resíduos. O modelo de Brody, embora semelhante aos modelos Mitscherlich e Meloun I, foi o escolhido para avaliação da influência do sexo e tipo de parto, bem como para determinação do ponto de inflexão da curva. Os parâmetros da curva foram influenciados ($p<0,05$) pelo sexo e o tipo de parto (simples ou duplo). Machos e fêmeas apresentaram taxa de crescimento semelhante, entretanto, os machos apresentaram maior peso à maturidade. Os animais oriundos de parto simples apresentaram maior velocidade de crescimento e menor peso à maturidade. O ponto de inflexão da curva ocorreu aos 94 dias de idade, momento em que os animais pesavam 23,99 kg com taxa de crescimento absoluto de 0,158 kg/dia. A identificação do ponto de inflexão, imediatamente após o desmame, sugere a necessidade de ajuste no manejo nutricional para reduzir os efeitos da mudança de dieta sobre o crescimento dos cordeiros.

Palavras-chave: Análise de agrupamento, *Ovis áries*, peso à maturidade.

---

* Enviado para publicação na Revista Brasileira de Zootecnia

CHAPTER I

DESCRIPTION OF THE GROWTH SANTA INES SHEEP USING NONLINEAR MODELS SELECTED BY MULTIVARIATE ANALYSIS

ABSTRACT

The aim of this study was to describe the growth of Santa Inês sheep using nonlinear models selected by multivariate analysis. Seventeen non-linear models were used in order to describe the growth of 89 lambs from birth to the 210th day of life, which were raised under a semi-intensive system and weaned at 90 days. The models were classified by means of multivariate analysis using the adjusted coefficient of determination, the Akaike information criterion, the Bayesian information criterion, the mean squared error of prediction, the coefficient of determination, mean absolute deviation and percentage of convergence of prediction as evaluators of adjustment quality. The Richards, Reynolds and Weibull models did not converge and the Schnute, Meloun II, IV and VI, Gamito, Michaelis Menten and Modified Michaelis Menten models did not show any traditional growth pattern of the animals. The Mitscherlich, Gompertz, Logistic, Meloun I, III and V, Brody and Von Bertalanffy models converged and were used in grouping analysis. Of the four formed clusters, the first, composed by Mitscherlich, Meloun I and Brody models, showed the best values for all the adjusted coefficient of determination, the Akaike information criterion, the Bayesian information criterion, the mean squared error of prediction, the coefficient of determination and mean absolute deviation. The Brody model, although similar to Mitscherlich and Meloun I models, was therefore chosen to assess the influence of gender and type of birth, as well as to determine the inflection point. The curve parameters were influenced ($p<0.05$) by gender and the kind of delivery (single or twin). Males and females showed similar rate of growth, however, the males had higher weight at maturity. The animals from simple lambing showed growth rate higher and lower weight at maturity. The inflection point of the curve occurred at 94 days of age, at which time the animals weighed 23.99 kg with absolute growth rate of 0.158 kg / day. The identification of the inflection point after weaning suggests the need for adjustment in the nutritional management to reduce the effects of changing diet about on growth of lambs.

Keywords: Grouping analysis, Ovis aries, weight at maturity.

3.1 INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento genético, os estudos relacionados ao crescimento dos animais de corte proporcionam subsídios para a seleção das características de precocidade e ganho de peso. O crescimento pode ser representado graficamente por uma curva que, geralmente, apresenta comportamento sigmoidal em todas as espécies. Essa curva relaciona o peso à idade, fornecendo informações sobre o desenvolvimento do animal em todas as fases da vida (LÔBO et al., 2006).

Diferentes modelos não-lineares têm sido utilizados para descrever o crescimento de ovinos, sendo os modelos de Richards, Gompertz, Brody, Logística e Von Bertalanffy os mais comuns (MALHADO et al., 2009). Alternativamente, os modelos Schnute, Mitscherlich, Gamito e Meloun I, II, III e IV têm sido propostos (SILVEIRA et al, 2011).

Os modelos Schnute, Mitscherlich e Meloun I e II foram utilizados anteriormente para descrever o crescimento da estrutura auricular de fetos (MELOUN; MILITKY, 1996), devido à grande flexibilidade, podem ser adequados para descrição de curvas de crescimento de animais.

Na maioria dos estudos sobre curvas de crescimento animal, o coeficiente de determinação ajustado tem sido utilizado como critério de seleção do modelo mais adequado. No entanto, o critério de informação de Akaike, critério de informação Bayesiano, erro quadrático médio de predição e o coeficiente de determinação de predição são avaliadores importantes da qualidade do ajuste do modelo que podem ser considerados (GÓMEZ et al., 2008).

Quanto maior o número de critérios considerados, mais segura é a indicação dos melhores modelos. Por outro lado, quando o número de avaliadores é grande, a escolha dos modelos pode se constituir em um processo complexo (SILVEIRA et al., 2009). A utilização de técnicas de agrupamento com base nas médias de cada avaliador permite a identificação dos melhores modelos de forma mais precisa (SILVEIRA et al., 2011).

Assim, objetivou-se com este estudo identificar, por meio de análise multivariada e avaliadores de qualidade, o modelo não-linear mais adequado para descrever o crescimento de ovinos da raça Santa Inês.

3.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados foram coletados no período de setembro de 2011 a maio de 2012, na Fazenda União, localizada no município de Ribeirão do Largo-BA (15º27'33" S e 40º44'28"). Foram utilizados 89 ovinos puros da raça Santa Inês, sendo 43 machos e 46 fêmeas. Os animais foram criados em sistema semi-intensivo e mantidos com as mães até a idade de 90 dias, momento em que ocorreu o desmame. A alimentação das mães foi constituída de pastagem de grama estrela e as crias receberam suplementação com alimento concentrado (16% PB) em quantidade equivalente a 1,0% peso vivo/dia do desmame, aos 210 dias de idade.

As pesagens dos animais foram realizadas sistematicamente em intervalos de 30 dias, desde o nascimento até os 210 dias de idade, sendo que os dados foram posteriormente ajustados para 30, 60, 90, 120, 150, 180 e 210 dias de idade. O controle parasitário foi realizado com base em exames parasitológicos de fezes (OPG), conforme programa profilático da propriedade.

Para determinação dos parâmetros da curva de crescimento, foram utilizados os modelos não-lineares de Richards, Brody, Gompertz, Logístico, Von Bertalanffy, Reynolds, Weibull, Mitscherlich, Schnute, Gamito, Michaelis Menten, Michaelis Menten Modificado e Meloun I, II, III, IV e V (Tabela 1). Para todos os modelos utilizados, o parâmetro β_1 representou o peso adulto, ou peso assintótico, do animal; o parâmetro β_3, a taxa de maturidade, ou velocidade de crescimento; o parâmetro β_4, o ponto de inflexão; e o parâmetro β_2, uma constante de integração.

Todos os modelos foram ajustados pelo método da Máxima Verossimilhança via algorítmo de otimização de Gauss-Newton, utilizando o PROC MODEL ® (SAS, versão 9.1). Os valores dos parâmetros foram definidos após identificação daqueles que apresentavam menor número de interações para convergência.

Para avaliar a qualidade do ajuste dos modelos, foram utilizados como avaliadores o coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação bayesiano (BIC), erro quadrático médio de predição (MEP), coeficiente de determinação de predição (R^2_p), percentual de convergência (C%) e desvio médio absoluto dos resíduos (DMA), conforme sugerido por Silveira et al. (2011) e

Sarmento et al. (2006).

Após constatação da convergência, os valores dos avaliadores de cada modelo foram calculados a partir da média dos valores dos avaliadores obtidos para cada animal. Posteriormente, os dados foram submetidos à análise de agrupamento (PROC CLUSTER, SAS, versão 9.1).

Tabela 1 - Modelos de regressão não-linear utilizados para descrição da curva de crescimento dos cordeiros.

Modelo	Equação	Modelo	Equação
A Schnute	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1+\beta_4 e^{(\beta_3\beta_2 - x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	J Reynolds	$y_i = \beta_1 + (\beta_2 x_i)^{\frac{-1}{\beta_2}} + e_i$
B Mitscherlich	$y_i = \beta_1\left(1 - e^{(\beta_3\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right) + e_i$	K Gamito	$y_i = \frac{1}{(\beta_1 + \beta_2 x_i \beta_3)} + e_i$
C Richards	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1+e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)^{\frac{1}{\beta_4}}} + e_i$	L Meloun V	$y_i = \frac{\beta_2\beta_3 + \beta_1\beta_4 x_i}{\beta_3 + x_i\beta_4} + e_i$
D Gompertz	$y_i = \beta_1 e^{\left(-e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)} + e_i$	M Meloun VI	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i \beta_4)} + e_i$
E Logístico	$y_i = \frac{\beta_1}{\left(1+e^{(\beta_2 - \beta_3 x_i)}\right)} + e_i$	N Brody	$y_i = \beta_1\left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right) + e_i$
F Meloun I	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x_i)} + e_i$	O von Bertalanffy	$y_i = \beta_1\left(1 - \beta_2 e^{-\beta_3 x_i}\right)^3 + e_i$
G Meloun II	$y_i = \beta_1\left(1 - e^{(-x-\beta_2)}\beta_3\right) + e_i$	P Michaelis-Meten	$y_i = \frac{\beta_1 x_i}{x_i + \beta_2} + e_i$
H Meloun III	$y_i = \beta_1 - e^{(-\beta_2 - \beta_3 x_i)} + e_i$	Q Michaelis-Meten Modificado	$y_i = \frac{\beta_2\beta_3^{\beta_4} + \beta_1 x_i^{\beta_4}}{\beta_3^{\beta_4} + x_i^{\beta_4}} + e_i$
I Meloun IV	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{(-\beta_3 x \beta_4)} + e_i$	R Weibull	$y_i = \beta_1 - \beta_2 e^{-e^{\beta_3} x_i^{\beta_4}} + e_i$

Depois de selecionado o modelo, foi avaliada a influência do sexo e tipo de parto (simples ou duplo) sobre os parâmetros da curva (GLM, SAS, versão 9.1), bem como foram estimadas as correlações de Pearson entre os parâmetros e calculada a taxa de crescimento absoluto (TCA). Para os modelos que não apresentam ponto de inflexão, utilizou-se o método da máxima curvatura geométrica para determinar a idade em que os animais desaceleram o ganho de peso, conforme sugerido por Cecon et al. (2008).

3.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os modelos Richards, Reynolds e Weibull não convergiram e os modelos Schnute, Meloun II, IV, V e VI, Gamito, Michaelis Menten e Michaelis Menten modificado não apresentaram padrão tradicional de crescimento dos animais e, por essa razão, seus parâmetros não foram considerados. Os modelos Mitscherlich, Gompertz, Logístico, Meloun I e III, Brody e Von Bertalanffy mostraram-se adequados (Tabela 2). Nenhum modelo com quatro parâmetros foi selecionado, mostrando a dificuldade de se trabalhar com modelos mais parametrizados.

O peso assintótico estimado (β_1) variou de 34,74 a 48,89 kg, sendo que os modelos Mitscherlich, Meloun I e III e Brody apresentaram estimativas semelhantes. O peso assintótico representa a estimativa do peso à maturidade e não o peso máximo que o animal pode alcançar (BROW et al., 1976) e a variação verificada na sua estimativa nos diferentes modelos pode ser atribuída à dificuldade dos modelos não-lineares em ajustar o peso inicial, comprometendo o processo de estimação desse parâmetro (SILVA et al., 2001). A estimativa do β_1 pode, muitas vezes, ser sujeita a erros porque o conjunto de dados ajustado por modelos não-lineares de crescimento não inclui o crescimento do animal até a maturidade (TORAL, 2008).

Por outro lado, a estimativa do peso assintótico para uma determinada raça pode variar em função de outros fatores. Guedes et al. (2004), utilizando os modelos Brody, Von Bertalanffy, Gompertz e Logístico para descrever o crescimento de animais Santa Inês criados em sistema intensivo, encontraram valores superiores aos verificados no presente estudo (65,28; 51,06; 43,18 e 37,24 kg, respectivamente). Nesse caso, a diferença verificada entre os dois estudos pode ser devido ao manejo dos animais, uma vez que, segundo Malhado et al. (2008), a estimativa do peso assintótico pode sofrer influência da raça e do sistema de criação.

A taxa de maturidade (β_3) apresentou grande amplitude, cujos valores variaram de 0,0063 a 0,0229. Considerando que a taxa de maturidade indica a velocidade de crescimento para atingir o peso assintótico, os valores elevados de β_3 podem ser interpretados como indicadores de precocidade.

Tabela 2 - Valores de peso assintótico (β_1), constante de integração (β_2), taxa de maturidade (β_3) e ponto de inflexão (β_4), estimados por diferentes modelos de crescimento de ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo.

Modelo	Parâmetros		
	β_1	β_2	β_3
B - Mitscherlich	48,8903	-14,1364	0,0063
D - Gompertz	37,5630	0,7200	0,0147
E - Logístico	34,7452	1,6076	0,0229
F - Meloun I	48,8897	45,3617	0,0063
H - Meloun III	48,8884	-3,7805	0,0063
N - Brody	48,8893	0,9242	0,0063
O - Von Bertalanffy	39,6772	0,5194	0,0119

Todos os modelos apresentaram bons ajustes em relação aos coeficientes de determinação ajustado (R^2_{aj}) e de predição (R^2_p), com médias superiores a 0,97. O critério de informação de Akaike (AIC) apresentou menores médias para Brody e Meloun I, enquanto que, para critério de informação Bayesiano (BIC), o menor valor foi verificado para o modelo Brody. O erro quadrático médio de predição (MEP) apresentou menor e maior média para o modelo Meloun I. Com base no percentual de convergência (C%), os modelos Gompertz, Logístico e Von Bertalanffy foram superiores aos demais, convergindo a curva de todos os animais. No entanto, esses modelos apresentaram os maiores valores de desvio médio absoluto (Tabela 3).

Os modelos com melhor ajuste apresentam maiores valores de coeficiente de determinação (R^2_{aj} e R^2_p) e percentual de convergência e menores AIC, BIC, MEP DMA (SILVA et al., 2011; SARMENTO et al., 2006). Em estudo com ovinos F1 Santa Inês x Dorper, Silveira et al. (2011) encontraram médias semelhantes às do presente estudo para R^2_{aj} (0,9914), R^2_p (0,9992), AIC (25,9349) e BIC (27,9102), e inferior para MEP (0,6708).

Todos os avaliadores de qualidade, com exceção do MEP e DMA, apresentaram baixo coeficiente de variação (CV). O alto CV obtido para o MEP deveu-se ao fato de este avaliador ser calculado após a remoção sucessiva de observações do conjunto de dados originais, avaliando a capacidade do modelo de se ajustar na ausência de informações (NOBRE et al., 1987). Quanto ao DMA, a dificuldade dos modelos para estimar o peso ao nascimento proporcionou diferentes estimativas do peso nas subsequentes idades, contribuindo para aumentar o CV.

A importância de cada avaliador da qualidade de ajuste depende do CV, sendo que baixos valores indicam equivalência dos modelos em relação ao avaliador. Considerando que as diferenças entre os modelos para os avaliadores R^2_{aj} e R^2_p foram irrelevantes, o AIC e BIC contribuíram estrategicamente para definição do modelo com melhor ajuste.

Tabela 3 - Valores do critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC), coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}), erro quadrático médio de predição (MEP), coeficiente de determinação de predição (R^2_p), percentual de convergência (C%) e desvio médio absoluto dos resíduos (DMA), de acordo com os modelos estudados para estimar a curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo.

Modelo	Avaliadores						
	AIC	BIC	R^2_{aj}	MEP	R^2_p	%C	DMA
B - Mitscherlich	25,1300	25,3346	0,9820	3,9351	0,9962	93,26	1,4637
D – Gompertz	28,8647	29,1030	0,9705	5,5999	0,9941	100,00	1,9676
E – Logístico	28,9052	29,1436	0,9705	8,1912	0,9915	100,00	2,4169
F - Meloun I	25,1270	25,3316	0,9820	3,9334	0,9962	93,26	1,4635
H – Meloun III	28,5642	28,7584	0,9718	3,9364	0,9962	93,26	1,4638
N – Brody	25,1195	25,3144	0,9821	3,9345	0,9962	93,26	1,4636
O - Von Bertalanffy	28,8451	29,0786	0,9705	4,6201	0,9951	100,00	1,7783
Média	27,2222	27,4377	0,9756	4,8787	0,9951	96,1486	1,7168
Desvio-padrão	1,9644	1,9785	0,0060	1,5876	0,0018	3,6027	0,3681
CV (%)	7,2162	7,2109	0,6159	32,5420	0,1779	3,7470	21,4437

Dentre os quatro agrupamentos formados, o primeiro, composto pelos modelos Mitscherlich, Meloun I e Brody, apresentou as melhores médias para os avaliadores AIC, BIC, R^2_{aj}, MEP, R^2_p e DMA. O segundo agrupamento, composto pelos modelos Gompertz e Von Bertalanffy, apresentou o maior valor para o percentual de convergência (Tabela 4).

Apesar de alguns modelos não-lineares serem apontados como adequados para descrever o crescimento de ovinos Santa Inês, existe divergências quanto à definição do melhor modelo. Enquanto Lobo et al. (2006) recomendam o modelo Richards, Guedes et al. (2004) e Sarmento et al. (2006) indicam o modelo Gompertz. Essa dificuldade de precisar o melhor modelo pode ser em função da desuniformidade dos estudos quanto à quantidade de dados, oscilação nos valores dos pesos, número de pesagens por animal e idade da última pesagem (TORAL, 2008).

No entanto, vale salientar que a dificuldade na definição do melhor modelo deve-se, também, às particularidades da população avaliada, uma vez que os ovinos Santa Inês, devido ao pouco tempo de formação da raça, apresentam variabilidade fenotípica

considerável. Por outro lado, o sistema de criação adotado influenciou o crescimento dos animais, principalmente no pós desmame, levando a diferentes estimativas dos parâmetros pelos modelos e na sua qualidade de ajuste.

Tabela 4 - Agrupamentos com respectivos modelos e médias dos avaliadores de qualidade do ajuste.

Avaliador	Agrupamento 1	Agrupamento 2	Agrupamento 3	Agrupamento 4
	Modelos B, F, N	Modelos D,O	Modelo H	Modelo E
AIC	25,1255	28,8549	28,5642	28,9052
BIC	25,3269	29,0908	28,7584	29,1436
R^2_{aj}	0,9820	0,9705	0,9718	0,9705
MEP	3,9343	5,1100	3,9364	8,1912
R^2_p	0,9962	0,9946	0,9962	0,9915
DMA	1,4636	1,8730	1,4638	2,4169
C%	0,9326	1,0000	0,9326	1,0000

AIC - critério de informação de Akaike; BIC - critério de informação bayesiano; R^2_{aj} - coeficiente de determinação ajustado; MEP - erro quadrático médio de predição; R^2_p - coeficiente de determinação de predição; DMA – desvio médio absoluto dos resíduos; C% - percentual de convergência; B – Mitscherlich; D – Gompertz; E - Logístico; F – Meloun I; H - Meloun III; N – Brody; O – Von Bertalanffy.

Na escolha do modelo que melhor descreve o crescimento, devem ser atendidos três pontos de igual importância: a interpretação biológica dos parâmetros, a qualidade de ajuste e o percentual de convergência (FITZHUGH JÚNIOR, 1976). Nas situações em que os modelos são similares em relação aos parâmetros e que o modelo com melhor ajuste não é o que apresenta maior percentual de convergência, a escolha do modelo mais adequado fica a critério do pesquisador, priorizando o que melhor descreve o crescimento ou o que retrata o crescimento do maior número de animais.

Neste estudo, ao priorizar a qualidade de ajuste, os modelos Mitscherlich, Meloun I e Brody mostraram-se equivalentes. No entanto, o modelo Brody foi o escolhido para o cálculo das correlações e avaliação da influência do sexo e tipo de parto sobre os parâmetros da curva, bem como para descrever a taxa de crescimento absoluto (TCA) dos animais.

A interação sexo x tipo de parto foi inicialmente incluída no modelo estatístico, mas posteriormente retirada, devido à análise de variância revelar que este efeito não era significativo ($p>0,05$). Animais oriundos de partos simples e duplos apresentaram parâmetros de crescimento diferentes ($p<0,05$), sendo que aqueles oriundos de partos simples apresentaram maior velocidade de crescimento. Por outro lado, os animais oriundos

de parto duplo apresentaram maior peso à maturidade, visto que amadurecem mais lentamente e, consequentemente, em maior idade (Tabela 5). A seleção buscando animais que apresentem taxas de crescimento mais elevadas por maior período de tempo poderá proporcionar maior rentabilidade, no entanto, somente será viável se as condições de manejo e, principalmente, a nutrição o permitirem.

Machos e fêmeas apresentaram taxa de crescimento semelhante ($p>0,05$). Entretanto, os machos apresentaram maior peso à maturidade ($p<0,05$). De forma diferente ao verificado no presente estudo, Souza et al., (2011), avaliando o crescimento de ovinos Morada Nova, manejados em sistema extensivo, verificaram que o sexo influenciou os parâmetros β_1 e β_3.

Tabela 5 - Peso assintótico (β_1) constante de integração (β_2) e taxa de maturidade (β_3) estimados pelo modelo não-linear de Brody, de acordo com o sexo e tipo de parto para ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo.

Fonte de variação	Média da estimativa dos parâmetros		
	β_1	β_2	β_3
Sexo			
Macho	52,988a	0,927874 b	0,0059237 a
Fêmea	45,076b	0,920860 b	0,0067287 a
Tipo de parto			
Simples	43,680 b	0,915737 b	0,0079989 a
Duplo	54,489 a	0,933382 a	0,0045582 b

Valores seguidos de mesma letra, na coluna, não diferiram pelo teste t ($P<0,05$).

No presente estudo, verificou correlações negativas do parâmetro β_3 com β_1 e β_2 (-0,76 e -0,50; $p<0,01$). Por outro lado, os parâmetros β_1 e β_2 apresentaram correlação positiva elevada entre si (0,75). Malhado et al. (2008) e Lôbo et al. (2006) encontraram correlação negativa entre β_1 e β_3 de -0,44 e -0,87, em F1 Santa Inês x Texel e Santa Inês, respectivamente.

Uma possível consequência biológica da correlação negativa entre β_2 e β_3 seria que cordeiros desmamados mais leves (valores altos de β_2) tendem apresentar menores taxas de crescimento relativo (quociente entre ganho de peso e peso) e, consequentemente, menores taxas de maturidade (menores valores de β_3) do que aqueles desmamados mais pesados (SARMENTO et al., 2006). Por outro lado, a correlação positiva entre β_1 e β_2 pode indicar que os cordeiros mais pesados ao desmame atingiriam maiores pesos à maturidade.

A relação biológica mais importante para uma curva está entre os parâmetros β_1 e β_3

(MCMANUS et al., 2003). O interessante seria que animais de produção apresentassem maior velocidade de crescimento e menor peso à maturidade, reduzindo o tempo que o animal necessitaria para atingir a idade reprodutiva, melhorando, assim, a taxa de retorno da atividade.

O ponto de inflexão da curva ocorreu aos 94 dias de idade, momento em que os animais apresentaram TCA de 0,158 kg/dia e peso de 23,99 kg (Figura 1). A identificação do ponto de inflexão, imediatamente após o desmame, sugere a necessidade de ajuste no manejo nutricional para reduzir os efeitos da mudança de dieta sobre a TCA.

O ponto de inflexão e o TCA, evidentemente, podem ser influenciados por fatores ambientais e/ou genéticos. Estudos anteriores mostram ponto de inflexão e TCA de 200 dias de idade e 0,150 kg/dia (SILVA et al., 2012) e de 52 dias de idade e 0,170 kg/dia (SARMENTO et al., 2006), respectivamente. Além das diferenças ambientais, a variabilidade genética existente dentro da raça Santa Inês certamente contribui para ocorrência dessas variações.

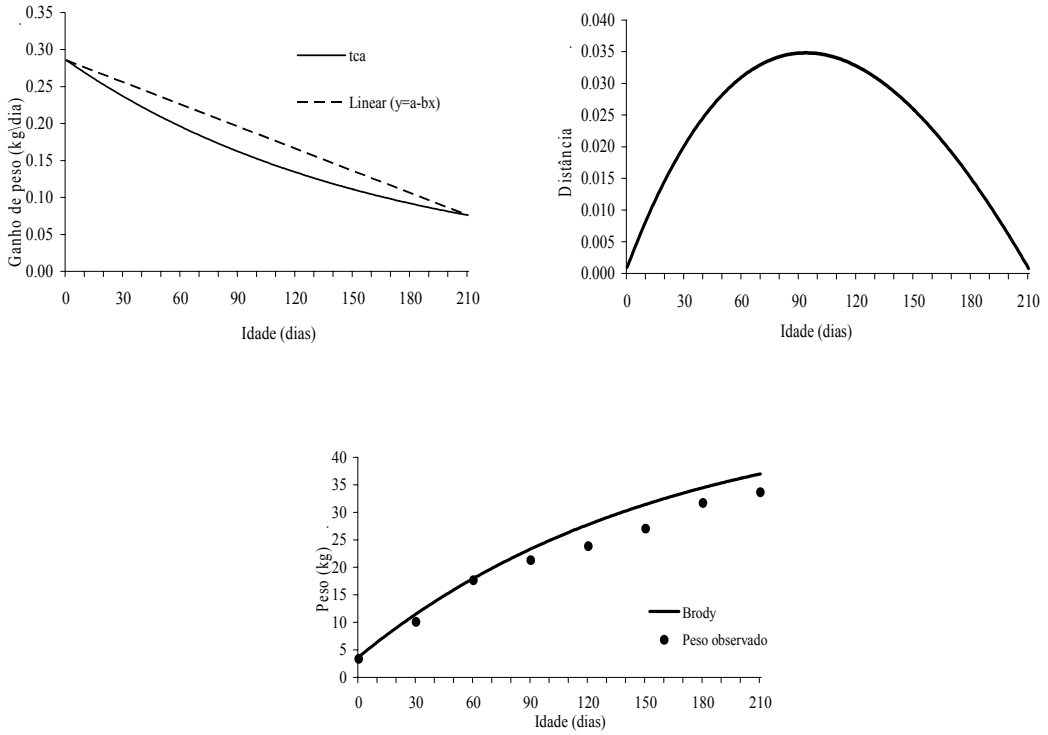

Figura 1 – Curva da taxa de crescimento absoluto (A), ponto de máxima curvatura (B) e curva de crescimento estimada pelo modelo Brody (C) de ovinos Santa Inês criados em sistema semi-intensivo.

As informações sobre o desempenho animal, expressas pelo TCA, tornam possíveis a determinação da idade ideal de abate. Após o ponto de inflexão, o consumo animal passa a ser destinado à mantença, ocorre redução da conversão alimentar e o custo para manutenção do animal eleva-se (SILVA et al., 2011). Dessa forma, o TCA possibilita a identificação do momento em torno do qual o animal com ganho de peso satisfatório deve ser abatido ou descartado.

No período pré-desmame, foram verificadas elevadas TCAs com valores superiores a 0,150 kg/dia (Tabela 6). No entanto, no pós-desmame, os animais mostraram ganhos superiores a 0,100 kg/dia até os 165 dias de idade, quando apresentaram 68% do peso à maturidade. Essas informações são importantes elementos para avaliar e realizar ajustes no manejo alimentar e definir o momento ideal para abate com base na relação custo-benefício.

O maior crescimento observado na fase pré-desmama evidencia a influência do efeito materno, tanto o genético como o efeito de ambiente permanente, principalmente no que diz respeito à produção de leite (FIGUEIREDO FILHO et al., 2012).

Tabela 6 – Taxa de crescimento absoluto (kg) e peso vivo médio (kg), estimados pelo modelo Brody na idade entre 15 e 210 dias, para ovinos da raça Santa Inês criados em sistema semi-intensivo.

Idade (dias)	Taxa de crescimento absoluto (kg)	Peso vivo (kg)
15	0,260	7,81
30	0,237	11,54
45	0,215	14,92
60	0,196	18,00
75	0,178	20,80
90	0,162	23,35
105	0,147	25,67
120	0,134	27,78
135	0,122	29,70
150	0,111	31,45
165	0,101	33,03
180	0,092	34,48
195	0,084	35,79
210	0,076	36,99

3.4 CONCLUSÕES

Os modelos Mitscherlich, Meloun I e Brody são adequados e equivalentes para descrição do crescimento de ovinos Santa Inês.

Os machos alcançam a maturidade com maior peso, embora a taxa de crescimento seja semelhante para ambos os sexos. Por outro lado, o tipo de parto influencia o padrão de crescimento, e o peso a maturidade, sendo que os animais oriundos de parto simples apresentam maior velocidade de crescimento e menor peso à maturidade.

A identificação do ponto de inflexão da curva, imediatamente após o desmame, sugere a necessidade de adequação do manejo nutricional com o intuito de reduzir os efeitos deletérios da mudança de dieta sobre o crescimento dos cordeiros.

REFERÊNCIAS

BROW, J.E.; FITZHUGH JÚNIOR, H.A.; CARTWRIGHT, T.C.A. A comparison of nonlinear models for describing weigt-age relationships in cattle. **Journal of Animal Science**, v.42, p.810-818, 1976.

CECON, P.R.; SILVA, F.F.; FERREIRA, A.; FERRÃO, R.G.; CARNEIRO, A.P.S.; DETMANN, E.; FARIA, P.N.; MORAIS, T.S.S. Análise de medidas repetidas na avaliação de clones de café 'Conilon'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1171-1176, 2008.

FIGUEIREDO FILHO, L.A.S.; SARMENTO, J.L.R.; CAMPELO, J.E.G.; SANTOS, N.P.; SOUSA, J.E.R.; BIAGIOTTI, D. Fatores ambientais e genéticos sobre a curva de crescimento de caprinos mestiços. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 3, p. 154-161, 2012.

FITZHUGH JÚNIOR, H.A. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. **Journal of Animal Science**, v.42, n.4, p.1036-1051, 1976.

GÓMEZ, D.A.A.; MUÑOZ, M.F.C.; BETANCUR, L.F.R. Modelación de las funciones de crecimiento aplicadas a la producción animal. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuárias**, v.21, p. 39-58, 2008.

GUEDES, M.H.P.; MUNIZ, J.A.; PEREZ, J.R.O.; SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; SANTOS, C.L. Estudo das curvas de crescimento de cordeiros das raças Santa Inês e Bergamácia considerando heterogeneidade de variâncias. **Ciência Agrotécnica**, v.28, p.381-388, 2004.

LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; LÔBO, A.M.B.O.; PASSOS, J.R.S.; OLIVEIRA, A.A. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.1012-1019, 2006. Supl.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; SANTOS, P.F.; AZEVEDO, D.M.M.; SOUZA, J.C.; AFFONSO, P.R.M. Curva de crescimento em ovinos mestiços Santa Inês x Texel criados no Sudoeste do Estado da Bahia. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, n.2, p. 210-218, 2008.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; AFFONSO, P.R.A.M.; SOUZA JR., A.A.O.; SARMENTO, J.L.R. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brazilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo, and Santa Inês. **Small Ruminant Research**, v.84, p.16-21, 2009.

MCMANUS, C.; EVANGELISTA, C.; FERNANDES, L.A.C.; MIRANDA, R.M.; MORENO-BERNAL, F.E.; SANTOS, N.R. Curvas de crescimento de ovinos Bergamácia criados no Distrito Federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.1207- 1212, 2003.

MELOUN, M.; MILITKY J. Sbírka úloh, Statistické zpracování experimentálnich dat. Pardubice: **Universita Pardubice**. 1996.

NOBRE, P.R.C.; ROSA, A.N; SILVA, A.N.; EVANGELISTA, S.R.M. Curvas de crescimento de gado Nelore ajustadas para diferentes frequências de pesagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.22, p. 1027-1037, 1987.

SARMENTO, J.L.R.; REZAZZI, A.J.; SOUZA, W.H.; TORRES, R.A.; BREDA, F.C.; MENEZES, G.R.O. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p.435-442, 2006.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.

SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I.G. Influência de fatores genéticos e ambientais sobre as estimativas dos parâmetros das funções de crescimento em gado Nelore. **Ciência Agrotecnica**, v.25, n.5, p. 1195-1205, 2001.

SILVA, F.L.; ALENCAR, M.M.; FREITAS, A.R.; PACKER, I.U.; MOURÃO, G.B. Curvas de crescimento em vacas de corte de diferentes tipos biológicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.3, p.262-271, 2011.

SILVA, L.S.A., FRAGA, A.B., SILVA, F.L. Growth curve in Santa Inês sheep. **Small Ruminant Research**, v.105, p.182– 185, 2012.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PETERNELLI, L.A.; SOUZA JÚNIOR, A.A.O. Classificação Multivariada de modelos de crescimento para grupos genéticos de ovinos de corte. In: **54ª Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade Internacional de Biometria e 13º Simpósio de Estatística Aplicada à Experimentação Agronômica**, 2009, São Carlos.

SILVEIRA, F.G.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, P.L.S.; Malhado, C.H.M; Muniz, J.A. Análise de agrupamento na seleção de modelos de regressão não-lineares para curvas de crescimento de ovinos cruzados. **Ciência Rural**, v.41, n.4, p.692-698, 2011.

SOUZA, L.A.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; PAIVA, S.R.; CAÍRES, D.N.; BARRETO, D.L.F. Curvas de crescimento em ovinos da raça morada nova criados no estado da Bahia. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.8, p.1700-1705, 2011.

TORAL, F.L.B. Número e intervalo de pesagens para estimação de parâmetros de curvas de crescimento em bovinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.37, n.12, p. 2120–2128, 2008.

CAPÍTULO II

PARÂMETROS POPULACIONAIS DA RAÇA OVINA SANTA INÊS NO BRASIL*

RESUMO

Objetivou-se com este estudo analisar a estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês criados no Brasil. Foram utilizados dados de *pedigree* de 13.216 animais, pertencentes a 53 rebanhos de oito estados brasileiros, nascidos no período de 1976 a 2010, registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO). Na análise dos *pedigrees* e estimação dos parâmetros populacionais, foi utilizado o programa Endog. Do total de animais estudados, 80,86%, 73,78%, 67,75%, 61,89% e 53,82% possuíam *pedigree* na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. O número máximo de gerações conhecidas foi de 19, enquanto que a média de gerações equivalentes para os 35 anos estudados foi de 4,67. A média do intervalo de gerações foi de 3,22 ± 1,77. O tamanho efetivo da população apresentou média de 172,5 animais, tendo alcançado maior valor de 807,0 em 2003. O número efetivo de rebanhos que forneceram machos reprodutores foi 14,55 para pais, 12,29 para avôs, 9,87 para bisavôs e 8,57 para tetravôs. O número de animais fundadores foi 829, mas o número efetivo de fundadores foi apenas 50. Os 17 principais ancestrais explicaram 50% da variabilidade genética total. O coeficiente médio de relação entre os indivíduos da população e o coeficiente médio de endogamia foram 3,87% e 6,92%, respectivamente. As estatísticas F de Wright, obtidas pelos parâmetros Fis, Fit e Fst, foram -0,0050, 0,0556 e 0,0509, respectivamente. O controle de informações genealógicas do rebanho Santa Inês é de boa qualidade, haja vista que existe número expressivo de animais com ancestrais conhecidos até a quinta geração. Por outro lado, os baixos coeficientes de relação e endogamia devem-se à ausência de estruturação da população e ao aumento do tamanho efetivo, mostrando a existência de considerável variabilidade genética.

Palavras-chave: *Pedigree*, consanguinidade, fundadores, ancestrais, variabilidade genética.

* Enviado para publicação na revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

CHAPTER II

POPULATION PARAMETERS OF SANTA INES SHEEP IN BRAZIL

ABSTRACT

This study aimed at analyzing the population structure of Santa Inês sheep in Brazil. Data from 13,216 animals belonging to 53 herds from eight Brazilian states, born in the period between 1976 and 2010, registered at Brazilian Association of Sheep Breeders (ARCO). In the analysis of pedigrees and estimation of population parameters was used the Endog program. Of the total number of animals evaluate, 80.86%, 73.78%, 67.75%, 61.89% e 53.82% had genealogical information on the first, second, third, fourth e fifth ascendancy, respectively. The maximum number of generations was 19, whereas, the mean average equivalent of generations for the 35 years evaluated was 4.67. The average generation interval was 3.22 ± 1.77 years. The mean of effective population size was 172.5 animals reaching higher value of 807.0 in 2003. The effective number of herds that provided breeding rams was 14.55 for fathers, 12.29 for grandfathers, 9.87 for great-grandparents and 8.57 for great-great-grandparents. The number of founder was 829 animals, but the effective number founders were only 50 animals. The effective number of ancestors explaining the genetic variability of the population was 812 and only 17 ancestors accounted for 50% of the genetic variability. The average relatedness coefficient between individuals of the population and coefficient of inbreeding were 3.87% and 6.92%, respectively. The Wright's F statistics, obtained by parameters Fis, Fit and Fst , were 0.0050, 0.0556 and 0.0509, respectively. The genealogical information control of Santa Ines herd is of good quality, since there is a significant number of animals with known ancestors up to the fifth generation. On the other hand, the low coefficients of relationship and inbreeding are due to lack of structuring of the population and to the increase effective size, the existence of considerable genetic variability at Santa Inês.

Keywords: Pedigree, inbreeding, founders, ancestors, genetic variability.

4.1 INTRODUÇÃO

A análise genealógica pode fornecer importantes informações a respeito da história e estrutura genética das raças, e ainda sobre a evolução da variabilidade demográfica e genética da população (GOYACHE et al., 2010). O conhecimento da estrutura populacional, por sua vez, pode ser utilizado como elemento norteador de ações futuras em programas de melhoramento genético (MALHADO et al., 2008).

O estudo da estrutura populacional, baseado em informações de *pedigree*, embora apresente algumas desvantagens, tais como a baixa integridade ou imprecisão dos dados, comuns em animais de produção (GELDERMANN et al, 1986; RON et al, 1996), tem sido realizado em diferentes populações ovinas de diversas partes do mundo (MAIWASHE; BLACKBURN, 2004; TAHMOORESPUR; SHEIKHLOO, 2011; CERVANTES et al., 2011; SAFÁRI; JAMES, 2002; PAIVA et al., 2011; CHALH et al., 2012).

As informações de *pedigree* constituem-se em uma ferramenta importante para o estudo da estrutura genética das populações dada a sua simplicidade e baixo custo, quando comparada ao uso de marcadores moleculares (MALHADO et al., 2009), fornecendo detalhes a respeito da variabilidade genética e demográfica populacional (GOYACHE et al., 2010).

A manutenção da diversidade genética é fundamental para sobrevivência das populações e, no caso dos programas de melhoramento genético, a garantia de que se possa estabelecer pressão de seleção e aumento de produção em função do sistema de criação. Quanto maior a diversidade, mais fácil e rápida será a adaptação às mudanças necessárias para o desenvolvimento dos sistemas de produção (DELGADO et al., 2001, DOSSA et al., 2007).

No Brasil, apesar da raça Santa Inês constituir o grupo genético ovino mais difundido e economicamente expressivo, com o maior número de animais registrados (ARCO, 2008), o conhecimento sobre sua estrutura populacional é bastante limitado. Cientes da sua importância para a ovinocultura brasileira, alguns pesquisadores de órgãos oficiais (SOUSA; MORAIS, 2000; LÔBO, 2003) têm proposto o estabelecimento de um programa de melhoramento genético específico

para a raça Santa Inês. Nesse contexto, o conhecimento a respeito dos seus parâmetros populacionais contribuirá para a definição das metas e estratégias a serem propostas para a raça. Dessa forma, objetivou-se com este estudo analisar a estrutura populacional dos ovinos da raça Santa Inês criados no Brasil.

4.2 MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados foram provenientes de informações de *pedigree* de 13.216 animais da raça Santa Inês, nascidos no período entre 1976 e 2010, e registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO), pertencentes a 53 rebanhos, criados em oito estados brasileiros: Bahia (29), Ceará (4), Paraíba (9), Pernambuco (3), Piauí (1), Rio Grande do Norte (1), Sergipe (5) e São Paulo (1). Na análise dos *pedigrees* e estimação dos parâmetros populacionais, foi utilizado o programa Endog (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Para estimação da origem do gene, foi calculado o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais. O número efetivo de fundadores representou o número de animais com igual contribuição que produziram a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada. Para determinação do número efetivo de fundadores, foi utilizada a equação $f_e = 1/\sum_{k=1}^{f} q_k^2$, em que f_e é o número efetivo de fundadores e q_k a probabilidade de o gene ser originado do fundador *k*.

O número efetivo de ancestrais, representando o número mínimo de animais (fundadores ou não), necessários para se explicar a diversidade genética total da população estudada foi estimado pela equação $f_a = 1/\sum_{j=1}^{a} q_j^2$, em que f_a é o número efetivo de ancestrais e q_j a contribuição marginal de um ancestral *j*.

Para o cálculo do coeficiente de consanguinidade individual (*F*), utilizou-se o algoritmo proposto por Wright (1931). Também foi calculado o F para todo o *pedigree,* utilizando-se o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992).

A taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia (ΔF) entre gerações sucessivas foi calculada através da equação $\Delta F = (F_t - F_{t-1})/(1 - F_{t-1})$, em que Ft é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração e Ft -1 o coeficiente médio de endogamia estimado para a geração anterior.

As estatísticas F de Wright (1978) foram obtidas pelos coeficientes Fst, Fis e Fit. O Fst expressa a correlação entre os genes da subpopulação em relação aos genes da população total; o Fis, a correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes de sua

subpopulação; e o Fit, a correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes da população total. Para determinação desses parâmetros, foram utilizadas as equações:

$$Fis = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}} \qquad Fst = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \qquad Fit = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$$

Em que: $\tilde{f}$ e $\tilde{F}$ são, respectivamente, o coeficiente médio de relação e o coeficiente de endogamia para a metapopulação e $\bar{F}$ o coeficiente médio de relação dentro de subpopulações.

O coeficiente médio de relação (CR) foi calculado usando o algoritmo proposto por Quaas (1976): $C' = \left(\frac{1}{n}\right) 1' A$, em que A é a matriz de parentesco de tamanho n x n, 1' é um vetor de um de ordem 1 x n, sendo n o número de animais.

O intervalo médio de gerações foi calculado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, de acordo a equação: L = ¼ (LPM + LPF + LMM + LMF), em que: LPM = intervalo médio entre pais e filhos; LPF = intervalo médio entre pais e filhas; LMM = intervalo médio entre mães e filhos; LMF = intervalo médio entre mães e filhas.

O número de gerações equivalentes foi obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O tamanho efetivo da população (Ne) foi calculado por meio da variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações ($N_e = 1/2\Delta F$), conforme sugerido por Wright (1931).

O número efetivo de rebanhos que produziram carneiros pais, avós, bisavós e avós foi calculado pelo inverso da probabilidade de dois animais escolhidos aleatoriamente serem do mesmo rebanho (ROBERTSON, 1953).

Para verificação da ocorrência de efeito gargalo, os 500 principais fundadores e /ou ancestrais foram ordenados de maneira decrescente com base nos seus valores de CR e contribuição, respectivamente, pelo procedimento SORT do SAS (versão 9.1). Para fins de comparação das classificações de fundadores e ancestrais, foi efetuada a análise de correlação através da equação de Spearman do PROC CORR do SAS (versão 9.1).

4.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 13.216 animais estudados, 80,86%; 73,78%; 67,75%, 61,89% e 53,82% possuíram *pedigree* na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. As informações de *pedigree* foram semelhantes para as linhas paternas e maternas (Figura 1). Da primeira para a segunda geração ocorreu perda de informação, uma vez que 19,14% dos animais não possuíam informações de pai e mãe e 26,22% de avós no *pedigree*. A perda de informações ocorrida na raça Santa Inês foi menor do que as verificadas nas raças espanholas Mallorquina (GOYACHE et al., 2010) e Navajo-Churro (MAIWASHE; BLACKBURN, 2004), em cujos *pedigrees* 65,70% e 49,50% dos animais não possuíam registro de pais e 92,45% e 78,00% de avós, respectivamente.

A quantidade de informações de *pedigree* foi menor entre os anos de 1976 e 1987, quando 73,79% dos animais não possuíam registro dos pais. No entanto, o volume de informações apresentou incremento expressivo ao longo dos anos, sendo que, no período entre 1988 e 2010, apenas 16,38% dos animais não apresentaram registro dos ascendentes.

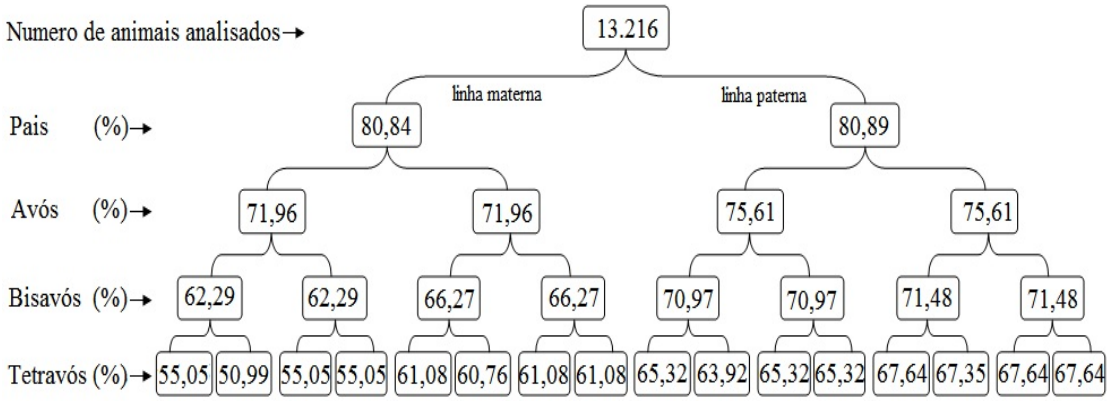

Figura 1 - Estrutura do *pedigree* da raça Santa Inês com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.

As informações de registros genealógicos da raça Santa Inês, avaliada em 35 anos, indicaram um máximo de 19 gerações em alguns casos, no entanto, a média de gerações equivalentes foi de 4,67, com valor zero nos anos de 1976 a 1980 e maior média anual em 2008 (7,87). O maior número de gerações equivalentes é de grande importância, visto que, quanto mais completo for o *pedigree*, mais confiáveis serão as estimativas dos parâmetros.

Considerando-se que até a quinta geração mais de 50% dos animais apresentaram genealogia conhecida, pode-se afirmar que o controle de informações genealógicas do rebanho Santa Inês é de boa qualidade.

Os intervalos de gerações para as quatro passagens gaméticas, para todo o *pedigree,* foram 3,05 ± 1,42 (pai-filho), 3,20 ± 1,54 (pai-filha), 3,18 ± 2,08 (mãe-filho), 3,28 ± 1,97 anos (mãe-filha), sendo que o intervalo médio foi de 3,22 ± 1,77 anos. A similaridade dos intervalos em todas as passagens gaméticas pode ser consequência da reposição simultânea de reprodutores e matrizes nos rebanhos. No entanto, o intervalo de geração pode ser influenciado pelo tempo de permanência dos animais no rebanho, idade de início da atividade reprodutiva e intervalo entre partos. Esses fatores podem explicar o maior intervalo (3,70 anos) descrito por Pedrosa et al. (2010) para a raça Santa Inês. Ressalta-se que quanto menor o intervalo de geração maior é o ganho genético anual das características selecionadas (CARNEIRO et al., 2009).

Os dez principais fundadores, dos quais seis eram machos, foram responsáveis por 30,61% da variabilidade inicial da população (Tabela 1). Na raça Mallorquina, os dez primeiros fundadores contribuíram apenas com 8,8% da variabilidade genética inicial (GOYACHE et al., 2010), o que foi consideravelmente menor que o verificado no presente estudo. Para a raça Santa Inês, a contribuição de cada fundador variou em função do número e expressividade de seus descendentes na população.

Tabela 1 - Descrição dos fundadores de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês no Brasil.

Fundador	Ano	CR (%)	sexo	N° de filhos
6	1980	4,99	macho	6
1	1980	4,85	macho	11
2	1980	4,45	fêmea	3
70	1985	2,94	macho	7
7	1978	2,74	fêmea	1
72	1984	2,61	fêmea	2
36	1982	2,20	macho	9
271	1985	1,98	macho	6
176	1986	1,90	macho	18
281	1982	1,85	fêmea	2

CR = Coeficiente de relação

O número efetivo de 50 fundadores foi muito baixo em relação aos 829 animais

pertencentes à população fundadora, assim como em relação aos 1.766 componentes da população base. Isso pode ser resultado do baixo número de linhagens paternas utilizadas ao longo dos anos. Em situações como essa, quanto menor o número de animais fundadores, maior a necessidade de monitoramento e controle da endogamia do rebanho, como, por exemplo, promovendo a introdução de animais que não possuam parentesco direto com os principais fundadores (MARCONDES et al., 2010).

Os 17 principais ancestrais foram responsáveis por mais de 50% de toda a variabilidade genética da população (Tabela 2). A variabilidade genética verificada foi próxima à relatada em ovinos iranianos da raça Afshari por Ghafouri-Kesbi (2012), os quais verificaram que 50% da variabilidade genética daquela raça foi proporcionada pelos 13 principais ancestrais.

A contribuição expressiva dos 17 principais ancestrais foi devido ao elevado número de descendentes deixados por esses animais, quando comparados à média dos demais ancestrais da população (19,9 vs. 7,8 e 4,0 vs. 1,6 progênies por reprodutor e por matriz, respectivamente). Dentre os 17 principais ancestrais, apenas seis também foram fundadores, cujo número médio de descendentes foi de 8,7, enquanto que os ancestrais não fundadores tiveram em média 24,6 descendentes.

Tabela 2 - Descrição dos ancestrais de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês no Brasil.

Ancestral	Pai	Mãe	Ano	Contribuição (%)	Sexo	N° de filhos
321	85	19	1987	9,69	macho	44
189	99	101	1986	6,89	macho	27
289	70	72	1986	6,07	macho	26
648	126	245	1982	4,26	macho	29
620	379	281	1990	3,49	macho	14
36			1982	2,71	macho	9
271			1985	2,44	macho	6
480	256	257	1989	2,38	macho	16
524	307	317	1989	2,36	macho	21
87			1984	1,83	macho	8
2598	1854	1025	2001	1,58	macho	51
178			1985	1,30	macho	7
89			1984	1,26	fêmea	4
1208	826	472	1994	1,24	macho	22
15	6	7	1981	1,18	macho	10
176			1986	1,16	macho	18
716	403	409	1990	1,14	macho	10

contribuição = contribuição para a variabilidade genética.

A correlação entre as classificações dos animais fundadores e ancestrais foi alta e positiva (0,90), indicando que a maior parte dos animais fundadores também foi ancestral, o que, em adição ao pequeno número efetivo de fundadores, evidencia a ocorrência do efeito fundador na população. Essa situação pode ser compreendida como desfavorável, uma vez que o efeito fundador contribui para a redução do tamanho efetivo, da variação genética e, consequentemente, perdas de alelos pela oscilação genética (TEIXEIRA NETO et al, 2012). Entretanto, a incorporação aos rebanhos de animais puros por cruza, no decorrer das gerações, contribuiu para minimizar o efeito fundador e, dessa forma, manter a variabilidade genética da raça em nível satisfatório.

O coeficiente médio de relação (CR) entre os indivíduos da população apresentou alterações expressivas ao longo dos anos, com valores mais baixos no período de 1976 a 1990 (1,37%). No período subsequente, o CR apresentou incrementos graduais, alcançando valor máximo de 5,64%. Em todo o período estudado, o CR médio foi de 3,87%, com maior coeficiente individual de 12,13% (Figura 2).

Os baixos valores de CR verificados nos primeiros anos de formação da raça foram, provavelmente, consequência do reduzido número de gerações conhecidas. O coeficiente de relação pode mostrar diferentes tendências e evolução ao longo das gerações em função da quantidade de informações do *pedigree* (ORAVCOVÁ; MARGETÍN, 2011), sendo que os incrementos verificados para o CR, após 1990, foram devidos à utilização de elevada proporção (48,28%) de reprodutores provenientes de apenas quatro rebanhos.

O coeficiente médio de endogamia (F) para toda a população foi 6,92% e a média dos animais endogâmicos foi 12,57%, sendo que 29,65% dos animais apresentaram F superior a 10,0% e um animal alcançou valor de 54,83%. No período de 1976 a 1983, o F foi nulo, aumentando gradualmente de 1984 a 1990 para 3,07%. No ano de 1991, ocorreu aumento expressivo e abrupto, alcançando o valor máximo de 12,22% e, no período de 1992 a 2010, o F apresentou relativa estabilização com média de 7,49%.

Admitindo que valor de F superior a 10,0% representa risco elevado para ocorrência de depressão por endogamia (PAIVA et al., 2011), a raça Santa Inês, com exceção do ano de 1991, apresentou médias anuais dentro de limites satisfatórios. A ausência de endogamia, verificada nos primeiros sete anos de formação da raça, não foi resultante da inexistência de animais endogâmicos na população, mas, sim, devido ao número reduzido

de ancestrais conhecidos até então, o que impossibilitou a determinação deste parâmetro. A elevação da endogamia em 1991 foi devido ao uso marcante de dois reprodutores, os quais contribuíram com 45,30% das progênies deste ano. Por outro lado, a posterior estabilização da endogamia, de 1992 a 2010, deveu-se, provavelmente, ao controle dos acasalamentos endogâmicos.

Em relação ao gênero, o valor médio de F para os machos foi de 8,20% e de 6,55% para as fêmeas. Essa diferença, de acordo com Oliveira et al. (2011), pode ser consequência da maior pressão de seleção exercida sobre os machos, a qual promove o aumento de laços genéticos entre os reprodutores.

Por outro lado, o aumento da endogamia e do coeficiente de relação apresentou relação direta com o aumento do número de gerações equivalentes. Esse achado, de acordo com Queiroz et al. (2000), pode ser justificado pelo o melhor conhecimento e controle da genealogia, haja vista que, no decorrer das gerações, a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no *pedigree* é maior.

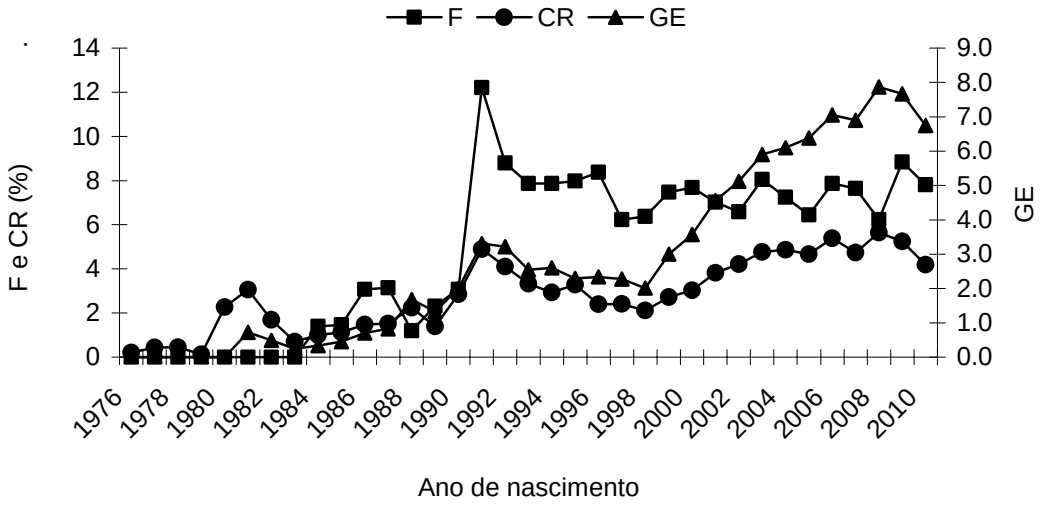

Figura 2 - Variação da endogamia (F) e coeficiente médio de relação (CR) e valores médios de gerações equivalentes (GE) em ovinos da raça Santa Inês.

As estatísticas F de Wright, para toda a população, dadas pelos parâmetros Fis, Fst e Fit, apresentaram valores de -0,0050, 0,0556 e 0,0509, respectivamente. O Fis, que mede o desvio da casualidade nos acasalamentos, foi negativo e próximo a zero, e revelou um

pequeno predomínio de acasalamentos entre subpopulações, o que contribuiu para minimizar a endogamia. O valor negativo para Fis foi, provavelmente, devido ao consórcio de reprodutores, prática utilizada por produtores dos rebanhos trabalhados para redução de custo na aquisição de animais melhoradores. Esse procedimento, se bem conduzido, pode constituir-se em estratégia para a conectabilidade entre os rebanhos e favorecer o melhoramento genético da raça. O baixo valor de Fst encontrado no presente estudo é indício de ausência de estruturação da população, uma vez que 100% das fazendas analisadas utilizaram reprodutores externos (Tabela 3).

A maioria dos rebanhos (79,0%) foi classificada como rebanho multiplicador, haja vista que utilizavam reprodutores externos e próprios, e também vendiam reprodutores. Os demais (21%) foram classificados como rebanhos comerciais, uma vez que utilizavam reprodutores externos ou próprios e não vendiam reprodutores. Nenhum rebanho foi classificado como núcleo, ou seja, não foi encontrado nenhum rebanho isolado dos demais ou que não utilizava reprodutores externos, mas fornecia reprodutores para outros rebanhos.

Considerando que a migração limitada e o pequeno fluxo gênico entre rebanhos podem levar à formação de subpopulações totalmente isoladas (CARNEIRO et al., 2009), a utilização frequente de reprodutores próprios, verificada em 87% dos rebanhos multiplicadores e comerciais, poderá contribuir para elevação da endogamia para nível indesejável na raça Santa Inês, o que deve ser monitorado e evitado.

Tabela 3 - Tipo de rebanho segundo a utilização de reprodutores.

Tipo de rebanho	Número de rebanhos	Usa reprodutores comprados	Usa os próprios reprodutores	Vende reprodutores ou sêmen	Porcentagem de reprodutores comprados
Núcleo	0	não	sim	sim	0
Multiplicador 1	39	sim	sim	sim	53,00
Multiplicador 2	3	sim	não	sim	100,00
Comercial 1	7	sim	sim	não	91,84
Comercial 2	4	sim	não	não	100,00
Isolado	0	não	sim	não	0

O tamanho efetivo (Ne) apresentou valor zero nos três primeiros anos de formação da raça Santa Inês, mas, no decorrer das gerações, houve incremento gradual, alcançando valor máximo de 539 animais na última geração (Figura 3). Esse incremento pode ser atribuído à baixa ocorrência do acasalamento endogâmicos, bem como ao aumento da relação reprodutor/matriz, verificada nas quatro últimas gerações (2,33; 2,63; 2,60 e 3,14,

respectivamente).

Parece haver controvérsias quanto ao valor mínimo para o tamanho efetivo. Enquanto Goddard e Smith (1990) sugerem um mínimo de 40 animais para aumentar o retorno econômico, Meuwissen e Woolliams (1994) recomendam 31 animais para prevenir decréscimos no valor adaptativo da população. Por outro lado, Frankham (1995) sugere um mínimo de 50 para a prevenção da depressão por endogamia, mas um mínimo de 500 animais para manutenção do potencial evolutivo. Para populações sob conservação, um tamanho efetivo mínimo de 50 também é recomendado pela FAO (1998).

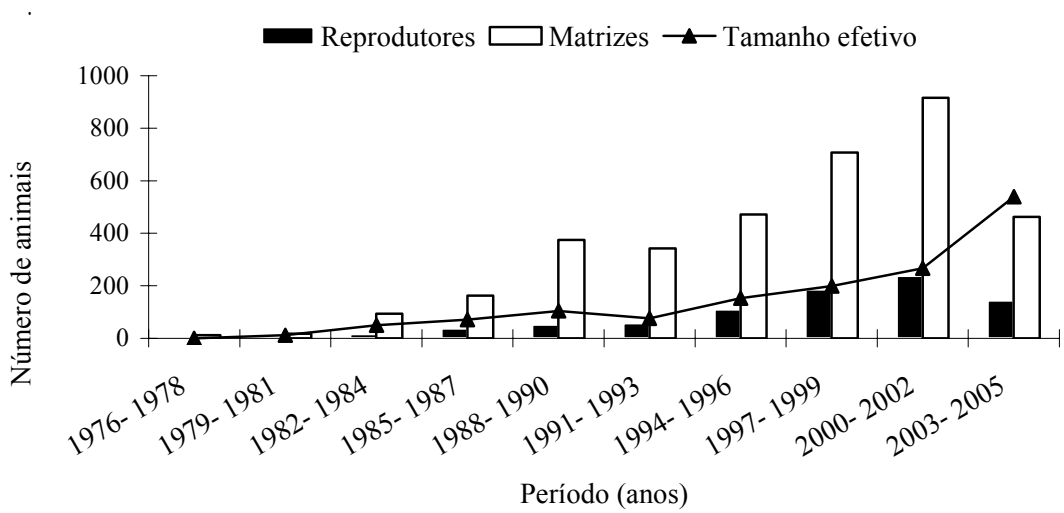

Figura 3 - Variação do tamanho efetivo, número de reprodutores e número de matrizes da raça Santa Inês.

Os rebanhos que forneceram reprodutores apresentaram número efetivo de 14,55 para pais, 12,29 para avôs, 9,87 para bisavôs e 8,57 para tetravôs, representando 27,45%, 23,19%, 18,63% e 16,17% do número total de rebanhos. Esses números sugerem menor risco de elevação da endogamia que aqueles verificados em ovinos da raça Mallorquina, cujo número efetivo de rebanhos que forneceram reprodutores para as três primeiras gerações representaram 18,72%, 8,09% e 7,87% do número total de rebanhos (GOYACHE et al., 2010). O desejável é que o número efetivo de rebanhos seja mais próximo do número real de rebanhos, uma vez que baixo número efetivo de rebanhos pode levar, a médio e longo prazo, ao aumento da endogamia e redução do tamanho efetivo da população (MUNIZ et al., 2012).

4.4 CONCLUSÕES

O controle de informações genealógicas do rebanho Santa Inês é de boa qualidade, haja vista que existe número expressivo de animais com ancestrais conhecidos até a quinta geração.

Os baixos coeficientes de relação e endogamia da raça Santa Inês podem ser atribuídos à ausência de estruturação e da tendência de elevação do tamanho efetivo, os quais têm assegurado considerável variabilidade genética a despeito da raça Santa Inês ter sido desenvolvida a partir de base genética estreita.

REFERÊNCIAS

ARCO. **Jornal ARCO** - Órgão Informativo da Associação Brasileira de Criadores de Ovinos. Ano 2, n. 3, 2008. Disponível em: <www.arcoovinos.com.br>. Acessado em: 10/10/2012.

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

CERVANTES, I.; GOYACHE, F.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GUTIÉRREZ, J.P. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.128, p.56–63, 2011.

CHALH, A.; MANSOURI, D.; HAMOUDA, M. B.; EL GAZZAH, M. Assessment of mating management effect on genealogical parameters highlighting the genetic variability in a not closed fat-tailed Barbarine sheep pedigree. **Archiv Tierzucht**, v.55, n.6, p.612-625, 2012.

DELGADO, J.V.; BARBA, C.; CAMACHO, M.E.; SERENO, F.T.P.S.; MARTÍNEZ, A.; VEGA-PLA, J.L. Caracterización de los animales domésticos en España. **Animal Genetic Resources Information**, v. 29, p.7-18, 2001.

DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. **Small Ruminant Research**, v.73, p.150–159, 2007.

FAO. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. **FAO**, Rome, Italy, 1998.

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v.29, p.305-327, 1995.

GELDERMANN, H.; PIEPER, U.; WEBER, W.E. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. **Journal of Animal Science**, v.63, p.1759-1768, 1986.

GHAFOURI-KESBI, F. Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. **Archiv Tierzucht**, v.55, n.4, p.375-384, 2012.

GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.1113-1122, 1990.

GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ALVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la

raza ovina Mallorquina. **ITEA**, v.106, n.1,p. 3-14, 2010.

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

LÔBO, R.N.B. **Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte**. GENECOC. 2003. Embrapa Caprinos: Sobral, CE. http://srvgen.cnpc.embrapa.br/pagina/principal.php

MAIWASHE, A.N.; BLACKBURN, B.H.D. Genetic diversity in and conservation strategy considerations for Navajo Churro sheep. **Journal Animal Science**, v. 82, p.2900–2905, 2004.

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

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D.M.M.R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordestino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.7, p.713-718, 2009.

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

MEUWISSEN T.I., LUO Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.305–313, 1992.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fi tness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MUNIZ, L.M.S.; SOUZA, L.A.; BARBOSA, A.C.B.; AMBROSINI, D.P.; OLIVEIRA, A.P.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; DUARTE, R.A.B. A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de *pedigree*. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.6, p.1656-1664, 2012.

OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B.; OLIVEIRA, E.C.M; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, n.6, p.639-647, 2011.

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

PAIVA, S.R.; FACÓ, O.; FARIA, D.A. Molecular and pedigree analysis applied to

conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, p.1449–1457, 2011.

PEDROSA, V.B.; SANTANA JR., M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, on line, 2010.

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

QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; LANZONI, N.A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, n.4, p.1014-1019, 2000.

ROBERTSON A. A numerical description of breed structure. **The Journal of Agricultural Science**, v.43, p.334–336, 1953.

RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER J.I. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, v.79, p.676-681, 1996.

SAFARI, E.; JAMES, J.W. Pedigree analysis of selected lines of Merino sheep. 2. Gene contributions. **Australian Journal of Agricultural Research**, v.53, n.8, p.955-964, 2002.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003.

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

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

TEIXEIRA NETO, M.R.; CRUZ, J.F.; RAMOS A.A.; CARNEIRO, P.L.S; AZEVEDO, D.M.M.R; BOZZI, R.; MALHADO, C.H.M. Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis. **Ciência Rural**, v.42, n.11, 2012.

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

WRIGHT, S. Evolution and the Genetics of Populations: v. 4. Variability within and among Natural Populations. **University of Chicago Press**, Chicago, IL, USA, 1978.

CAPÍTULO III

ANÁLISE MULTIVARIADA DA DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE OVINOS SANTA INÊS*

RESUMO

Objetivou-se com este estudo avaliar a diversidade fenotípica de linhagens de ovinos Santa Inês. Doze medidas corporais foram realizadas em 502 fêmeas adultas, descendentes de 15 reprodutores/linhagens da raça Santa Inês, registrados junto à ARCO: altura anterior (AA), posterior (AP), das pernas (PR) e do tórax (AT); circunferência torácica (CT) e da canela (CN); comprimento do corpo (CC), pescoço (CP), orelha (CO), face (CF) e do chanfro (CH); largura da face (LF). Os dados foram submetidos à análise multivariada de variáveis canônicas e análise de agrupamento pelo método UPGMA, adotando-se a distância generalizada de Mahalanobis. Os coeficientes de variação (CV) oscilaram entre 3,25% e 6,85%, sendo o comprimento de pescoço, altura das pernas e comprimento de orelha as medidas que obtiveram maiores CV. As três primeiras variáveis canônicas explicaram 81,01% da variação total, sendo as linhagens 1, 10 e 11 as mais homogêneas; as linhagens 3, 6, 9, 12 e 15, as que apresentaram maior variabilidade intrapopulacional; e as linhagens 5, 11 e 15, as que apresentaram maior distância. Na análise de agrupamento, o método UPGMA mostrou a formação de três grupos, com onze linhagens no primeiro grupo, três linhagens no segundo e apenas uma linhagem (15) no terceiro grupo. As cinco medidas corporais com maior importância relativa (circunferência torácica, circunferência da canela, comprimento da face, comprimento de pescoço e comprimento de chanfro), consideradas conjuntamente foram responsáveis por 76,89% da diversidade fenotípica entre as linhagens. Em conclusão, as linhagens de ovinos Santa Inês apresentam alta diversidade fenotípica, cuja diferenciação é resultante das características produtivas e raciais em grau similar de importância.

Palavras-chave: Biometria corporal, distância de Mahalanobis, ovinos de corte, variáveis canônicas.

---

* Enviado para publicação na revista Pesquisa Agropecuária Brasileira

CHAPTER III

MULTIVARIATE ANALYSIS OF PHENOTYPIC DIVERSITY IN SANTA INÊS SHEEP

ABSTRACT

This study aimed at evaluating the phenotypic diversity of Santa Inês sheep strains. Twelve body measurements were carried out in 502 adult females, the offspring of 15 sires/strains of Santa Inês breed, registered before ARCO: anterior height (AH), posterior (PH), legs (LH) and of chest (CH); thoracic circumference (TC) and of shin (SC); body length (BL), neck (NL), ear (EL), face (FL) and of chamer (CL); face width (FW). The data were submitted to the canonic variable analysis and cluster analysis by means of the UPGMA method, adopting the Mahalanobis generalized distance. The coefficients of variation (CV) ranged between 3.25% and 6.85%, being the neck length, leg height and ear length the measurements that obtained highest CV. The first three canonical variables explained 81.01% of the total variation, being the strains 1, 10 and 11 the most homogeneous, the strains 3, 6, 9, 12 and 15 ones that showed greater intra-population variability and the strains 5, 11 and 15 presented the longer distance. In the cluster analysis, the UPGMA method showed the formation of three groups, with eleven strains in the first group, three strains in second group and only one strain (15) in third group. The five body measurements with higher relative importance (thoracic circumference, shin circumference, face length, neck length, and chamfer length), jointly considered were responsible for 76.89% of the phenotypic diversity among strains. In conclusion, the strains of Santa Inês sheep present show high phenotypic diversity, whose differentiation is the result of productive and racial characteristics in a similar degree of importance.

Keywords: Body measurements, Mahalanobis distance, meat sheep, canonical variables.

5.1 INTRODUÇÃO

A diversidade fenotípica pode ser um indicador de diferenças adaptativas ou seletivas entre populações (TORO; CABALLERO, 2005), sendo que a determinação do nível de diversidade das características quantitativas entre populações permite fazer inferências sobre o grau de adaptação em determinado ambiente ou sobre a especialização produtiva (DARAMOLA; ADELOYE, 2009).

O conhecimento e manutenção da diversidade intra e interpopulação é de fundamental importância para os programas de melhoramento genético, garantindo o processo de seleção e o consequente aumento de produção. A determinação da diversidade é realizada por meio de comparação entre indivíduos ou populações, utilizando artifícios que incluem técnicas estatísticas e marcadores de diversidade, como as medidas corporais (MACHADO et al., 2010).

Em ovinos, as medidas corporais têm mostrado ser adequadas para a discriminação de populações (TRAORÉ et al., 2008), e a análise multivariada, por sua vez, tem sido um instrumento utilizado para descrever a diversidade populacional, quando um grupo de variáveis é considerado simultaneamente (MACHADO et al., 2010).

A raça Santa Inês, formada no nordeste brasileiro, mais especificamente no Estado da Bahia (ARCO, 2007), é resultante de acasalamentos entre ecótipos africanos e as raças Morada Nova, Rabo Largo, Somalis e Bergamácia (SANTOS, 2007). Na fase inicial de sua formação, foram priorizadas as características raciais em detrimento daquelas voltadas para produção, o que limitou o desenvolvimento da raça enquanto produtora de carne no decorrer das gerações.

Apontada como o principal grupo genético brasileiro, a raça Santa Inês é alvo de recentes programas de melhoramento genético voltados para a avaliação de suas características produtivas (CARNEIRO et al., 2006). Considerando que a seleção praticada sob diferentes sistemas de manejo possa ter levado, ao longo das gerações, a formação de subpopulações, objetivou-se com este estudo avaliar a diversidade fenotípica de ovinos da raça Santa Inês por meio de análise multivariada.

5.2 MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo foram mensuradas 502 fêmeas ovinas da raça Santa Inês, registradas junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos, com idade igual ou superior a dois anos, pertencentes a 15 linhagens, localizadas em três regiões do Estado da Bahia: Sudoeste (3), Paraguaçu (9) e Piemonte da Diamantina (3). Considerou-se como linhagens, os grupos de indivíduos descendentes dos principais reprodutores da raça, de acordo com a associação de criadores - ACCOBA.

Foram realizadas 12 medidas corporais, sendo seis relacionadas à produção: altura anterior (AA), posterior (AP) e do tórax (AT), circunferência torácica (CT) e da canela (CN) e comprimento do corpo (CC), e seis medidas relacionadas ao padrão racial: altura das pernas (PR), comprimento do pescoço (CP), orelha (CO), face (CF) e do chanfro (CH) e largura da face (LF).

A aferição das medidas CC, AA, AP, AT e CF foram realizadas com o auxílio da Bengala de Lydtin, enquanto que a aferição da CT, CN, CP e CH foram feitas com o auxílio de uma fita métrica. Para obtenção da LF, foi utilizado um paquímetro, e para CO, uma régua milimetrada, conforme sugerido por Searle et al. (1989).

Os dados biométricos das diferentes linhagens foram submetidos à análise de variância, e comparação das médias pelo teste Scott-knott ($p<0,05$). As correlações entre as medidas corporais foram avaliadas através da correlação linear de Pearson ($p<0,05$). Ambas as análises realizadas mediante o programa GENES (versão 6.0).

Para determinar a diversidade fenotípica entre linhagens, foi utilizada a análise discriminante, mediante o procedimento CANDISC do programa estatístico SAS (versão 9.1) e o agrupamento pelo método hierárquico *Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean* – UPGMA, mediante o programa GENES (versão 6.0).

A identificação e descarte das medidas redundantes (aquelas que explicaram a mesma variação entre linhagens) foram realizados através de análise discriminante, sendo descartadas todas as medidas com maior autovetor nas variáveis canônicas de autovalor < 0,70, conforme sugerido por Jollife (1973). Ainda como critério de descarte, foram considerados os coeficientes de correlação de Pearson entre as medidas. Após o descarte das medidas redundantes, procedeu-se nova análise discriminante com as medidas

selecionadas.

Para o agrupamento das linhagens pelo método UPGMA, adotou-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade. O ponto de corte do dendrograma foi definido pela média da matriz da D^2 e, para avaliar a consistência do agrupamento, calculou-se o coeficiente de correlação cofenética.

A importância relativa das características para a divergência foi obtida por meio da partição dos componentes D^2, relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada, conforme sugerido por Singh (1981).

5.3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação (CV) para as características analisadas oscilaram entre 3,25% e 6,85%, sendo que as medidas que obtiveram maiores CV foram o: comprimento de pescoço, altura das pernas e comprimento de orelha (Tabela 1).

Tabela 1 - Valores médios e coeficientes de variação das medidas corporais de 15 linhagens de ovinos da raça Santa Inês.

Linhagem	Altura (cm)				Circunferência (cm)	
	Anterior	Tórax	Posterior	Pernas	Torácica	Canela
L1	70,00e	32,25d	70,20e	37,75b	87,83d	8,54b
L2	72,17d	33,90b	72,12d	38,26b	92,24c	8,54b
L3	70,17e	31,95d	71,11d	38,22b	86,59d	7,74d
L4	73,29c	33,27c	73,48c	40,01a	90,98c	8,39c
L5	72,85c	32,30d	73,07c	40,54a	87,20d	8,43c
L6	70,84e	33,02c	71,52d	37,82b	89,84c	8,30c
L7	69,96e	31,03e	71,33d	38,92b	83,64e	7,87d
L8	74,98b	33,87b	75,17b	41,10a	91,10c	8,31c
L9	74,05c	34,67b	74,28b	39,37a	96,14b	8,64b
L10	69,78e	31,75d	71,42d	38,00b	85,58d	7,85d
L11	66,87f	30,14f	68,94e	36,79c	80,35f	7,38e
L12	71,65d	33,48c	71,90d	38,12b	91,54c	8,46b
L13	72,26d	34,01b	73,18c	38,25b	91,76c	8,38c
L14	68,43f	32,22d	69,12e	36,20c	87,48d	8,27c
L15	77,10a	36,47a	78,27a	40,77a	104,22a	9,35a
CV (%)	4,34	5,04	4,06	6,55	5,75	5,49
	Comprimento (cm)					Largura da face (cm)
	Corpo	Orelha	Face	Pescoço	Chanfro	
L1	72,29d	18,07a	22,00d	34,11d	17,30b	13,78a
L2	73,95c	16,82c	22,56c	33,45d	17,19b	13,67b
L3	73,91c	16,33c	21,77d	36,04c	16,83b	13,26c
L4	74,91b	17,55a	22,21c	38,43a	16,66c	13,35c
L5	73,58c	17,67a	21,42e	38,16a	16,04d	13,00d
L6	72,28d	17,03b	22,00d	35,06c	17,15b	13,83a
L7	72,83c	17,00b	21,48e	33,61d	16,46c	13,19c
L8	75,27b	16,52c	22,27c	38,91a	16,67c	13,66b
L9	77,07b	17,20b	23,08b	35,37c	16,60c	13,66b
L10	72,03d	16,73c	21,42e	35,16c	16,98b	13,45c
L11	70,61d	16,81c	20,27f	33,05d	15,88d	13,02d
L12	73,54c	17,51a	22,71c	35,34c	17,66a	13,83a
L13	76,05b	17,14b	22,61c	34,88c	16,40c	13,54b
L14	71,93d	17,16b	22,00d	34,12d	17,20b	13,70b
L15	79,85a	17,72a	23,58a	36,56b	17,31b	13,99a
CV (%)	4,72	6,02	4,26	6,85	4,93	3,25

Médias seguidas de letras diferentes na coluna diferem pelo teste Scott-knott (P<0,05).

Os maiores CV verificados para estas três medidas refletem, provavelmente, a variabilidade dos genótipos que deram origem à raça Santa Inês. Os ovinos Santa Inês são resultantes do acasalamento entre ecótipos africanos e as raças Morada Nova, Rabo Largo e Somalis (SANTOS, 2007), todas caracterizadas por possuírem orelhas pequenas, pescoço curto e porte pequeno ou mediano. Por outro lado, houve contribuição significativa da raça Bergamácia, a qual apresenta orelhas longas, pescoço comprido e grande porte.

A linhagem 15 foi a mais alta e a mais comprida, sugerindo influência da raça Bergamácia, enquanto que a linhagem 11 foi a de menor estatura e corpo mais curto, denotando influência da raça Somalis. A linhagem 3 apresentou porte mediano, porém com orelhas pequenas, o que pode ser indicativo de influência das raças Rabo Largo e Morada Nova. As demais linhagens alternaram-se nas diferentes medidas, evidenciando grande diversidade fenotípica dentro da raça Santa Inês (Tabela 1).

As medidas que expressam o padrão racial (CP, CH, CO, LF, CF e PR) apresentaram, em sua maioria, correlações baixas (0,00< r <0,30) ou não significativas (P>0,05). Por outro lado, as demais medidas (AA, AT, AP, CC, CT e CN) apresentaram correlações moderadas ou elevadas (0,50≤Pearson<0,91) (Tabela 2).

Tabela 2 - Correlações entre medidas corporais de ovinos da raça Santa Inês.

	AT	AP	CC	CT	CN	CP	CH	CO	LF	CF	PR
AA	0,69*	0,91*	0,69*	0,64*	0,51*	0,50*	0,20*	0,22*	0,25*	0,57*	0,84*
AT		0,65*	0,66*	0,85*	0,61*	0,31*	0,32*	0,16*	0,48*	0,68*	0,18*
AP			0,71*	0,64*	0,52*	0,50*	0,21*	0,23*	0,25*	0,56*	0,75*
CC				0,63*	0,49*	0,33*	0,18*	0,22*	0,28*	0,58*	0,44*
CT					0,70*	0,28*	0,34*	0,17*	0,55*	0,67*	0,22*
CN						0,25*	0,39*	0,35*	0,53*	0,63*	0,23*
CP							0,10ns	0,14*	0,08ns	0,24*	0,44*
CH								0,29*	0,54*	0,61*	0,02ns
CO									0,18*	0,33*	0,18*
LF										0,58*	0,02ns
CF											0,26*

AA – altura anterior, AP – altura posterior, CC – comprimento do corpo, CT – circunferência torácica, CN – circunferência de canela, CP – comprimento de pescoço, CH – chanfro, CO – comprimento de orelha, LF – largura da face, CF – comprimento da face, PR – altura das pernas.
*Valores significativos (p<0,01)
ns Não significativo

Em estudo com bovinos de corte, foram encontradas correlações moderadas e elevadas entre CN e peso da carcaça quente (0,42), PV (0,60), CT (0,72) e CC (0,63) (GILBERT et al., 1993). De forma semelhante, em estudo com a espécie caprina, foram

encontradas correlações elevadas entre CN e PV (0,80), CT (0,69) e CC (0,72) (YAKUBU; MOHAMMED, 2012). No processo de melhoramento de uma raça, é imprescindível que todas as medidas biométricas e as suas possíveis inter-relações sejam consideradas na definição dos critérios de seleção (PESMEN; YARDIMCI, 2008).

Na primeira análise discriminante, as seis últimas variáveis canônicas (VC) apresentaram autovalor inferior a 0,7, sugerindo que, até seis medidas, poderiam ser descartadas. No entanto, foram descartadas apenas três medidas (altura anterior, altura das pernas e comprimento do corpo).

Das três medidas relacionadas à estatura animal, apenas a altura posterior foi mantida, indicando que, em futuros estudos, apenas essa medida será suficiente para caracterização da estatura. O descarte das medidas altura anterior, altura das pernas e comprimento do corpo não provocou perda de informação, devido às elevadas correlações ($r > 0,7$) com algumas das medidas mantidas (CT e AP).

Após o descarte, as três primeiras VC representaram, de forma conjunta, 81,0% da diversidade fenotípica entre linhagens. O descarte das medidas altura anterior e altura das pernas levou ao acréscimo de 2,97% em relação as três VC, obtidas anteriormente. Individualmente, as três primeiras VC representaram 36,51%, 32,02% e 12,47% da variância total, respectivamente.

A importância da VC depende das heterogeneidades inter (variâncias e covariâncias fenotípica) e intrapopulacional (variâncias e covariâncias residuais), haja vista que 100% da variância total entre os ovinos locais em Burkina Faso foi explicada pelas duas primeiras VC (TRAORÉ et al., 2008), enquanto que, em ovinos espanhois, as três primeiras VC explicaram apenas 60,20% da variância total (LEGAZ et al., 2011). Assim, quanto menor a heterogeneidade interpupulacional e maior a intrapopulacional, maior será o número de VC, necessárias para explicar a diversidade total.

Em relação à variabilidade intrapopulacional, a linhagem 15, apesar de concentrar 91% dos seus indivíduos em um único quadrante, apresentou maior dispersão que as linhagens 1, 10 e 11, as quais mostraram maior homogeneidade. As linhagens 3, 6, 9 e 12 também apresentaram grande variabilidade, sendo que a linhagem 6 foi a mais dispersa, uma vez que apresentou número semelhante de indivíduos em todos os quadrantes (Figura 1).

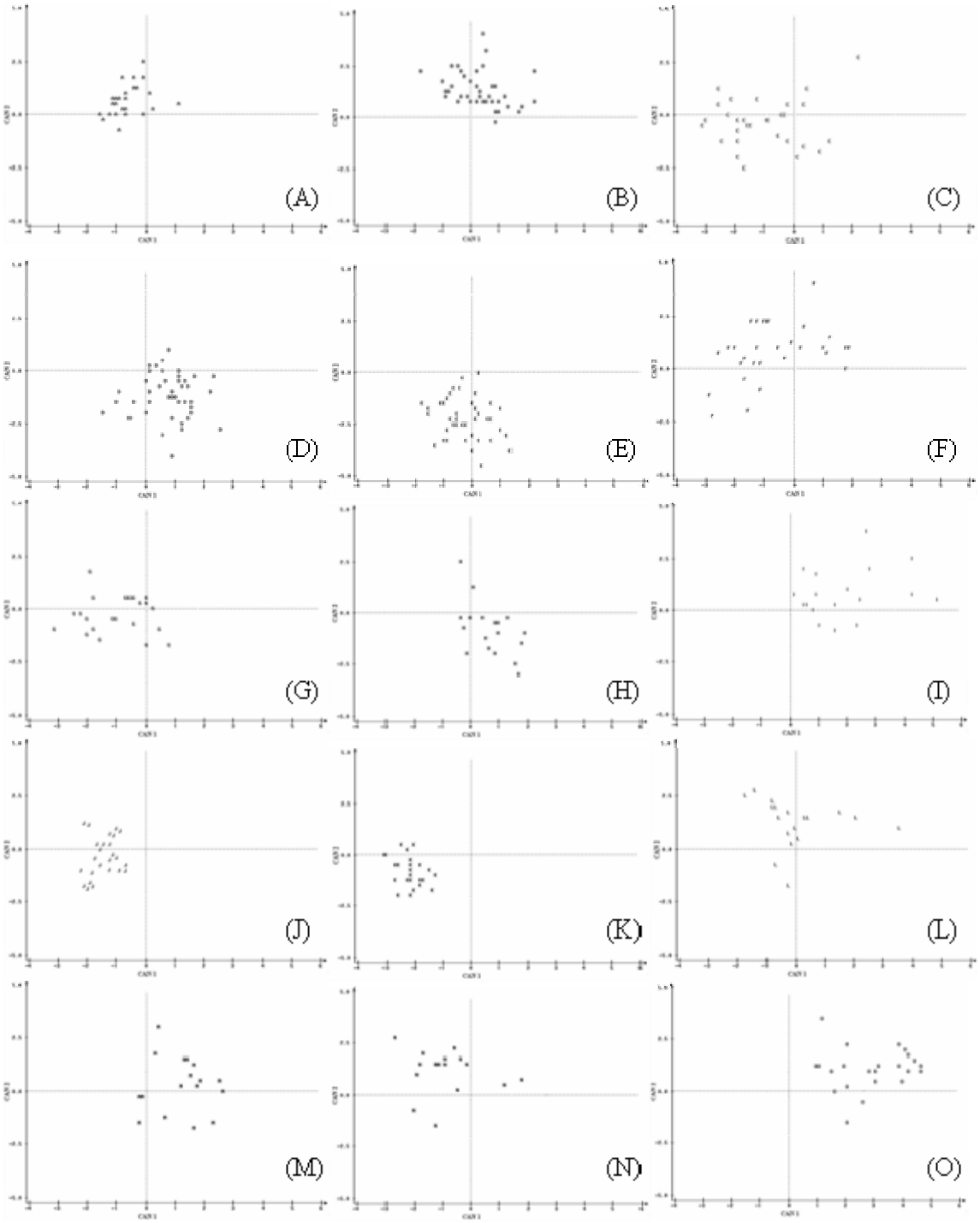

Figura 1 - Dispersão gráfica dos indivíduos das 15 linhagens de ovinos da raça Santa Inês em relação às variáveis canônicas 1 e 2.

As letras, em ordem alfabética, indicam as linhagens de 1 a 15, respectivamente.

Dentre todas as linhagens, as maiores distâncias ocorreram entre a 5, 11 e 15, enquanto que as linhagens 6 e 12 apresentaram as menores médias de distância em relação às demais linhagens (Tabela 3). Essa heterogeneidade entre as linhagens não deve ser compreendida como reflexo exclusivo da diversidade de genótipos que deram origem à raça Santa Inês, mas, também, como consequência de fatores ambientais e de seleção a que os animais foram submetidos por diferentes criadores ao longo das gerações.

Considerando que genitores de bom desempenho, com certo grau de diversidade, possam apresentar constituição genética complementar que proporciona maior produtividade a F_1 (CRUZ et al., 2011), o acasalamento de indivíduos entre as linhagens 5, 11 e 15, pode proporcionar a obtenção de animais mais produtivos. Evidentemente que esse procedimento demanda definição prévia de critérios norteadores do processo de seleção, bem como do mérito genético de cada genitor em relação às características de importância econômica.

Tabela 3 - Matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2) entre as linhagens de ovinos da raça Santa Inês.

	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15
L1	4,49	9,04	7,68	10,60	2,40	5,63	11,01	9,69	5,14	8,67	2,27	7,15	1,44	15,46
L2		7,14	7,86	13,23	2,53	6,01	8,19	3,60	5,95	12,00	1,83	2,88	2,94	8,46
L3			5,41	10,59	4,92	3,03	5,25	8,91	2,11	5,27	5,29	6,15	4,92	19,55
L4				2,13	6,11	6,44	3,24	5,24	6,58	10,77	5,63	4,28	7,26	11,03
L5					11,03	8,64	6,98	10,55	10,50	11,93	11,61	8,52	12,09	16,39
L6						4,43	5,26	7,03	2,00	7,22	1,05	4,80	1,34	13,13
L7							7,31	8,67	1,98	2,41	5,55	5,05	4,49	18,68
L8								6,90	5,36	11,68	6,81	5,12	8,96	12,88
L9									10,85	16,32	5,58	1,02	8,17	4,45
L10										3,08	3,75	7,18	3,28	19,47
L11											10,41	10,76	7,31	28,88
L12												4,38	1,24	11,03
L13													5,63	8,16
L14														16,57

O ponto de corte do dendrograma, definido pela média da matriz de dissimilaridade (7,50), possibilitou a formação de três grupos (Figura 2). No que se refere à acurácia do agrupamento das linhagens, o coeficiente de correlação cofenética foi de 74,38%. Considerando que o coeficiente de correlação cofenética equivale à correlação de Pearson

entre a matriz de dissimilaridade original e aquela obtida após a construção do dendrograma, quanto mais próximo de um, menor será a distorção provocada pelo agrupamento das linhagens.

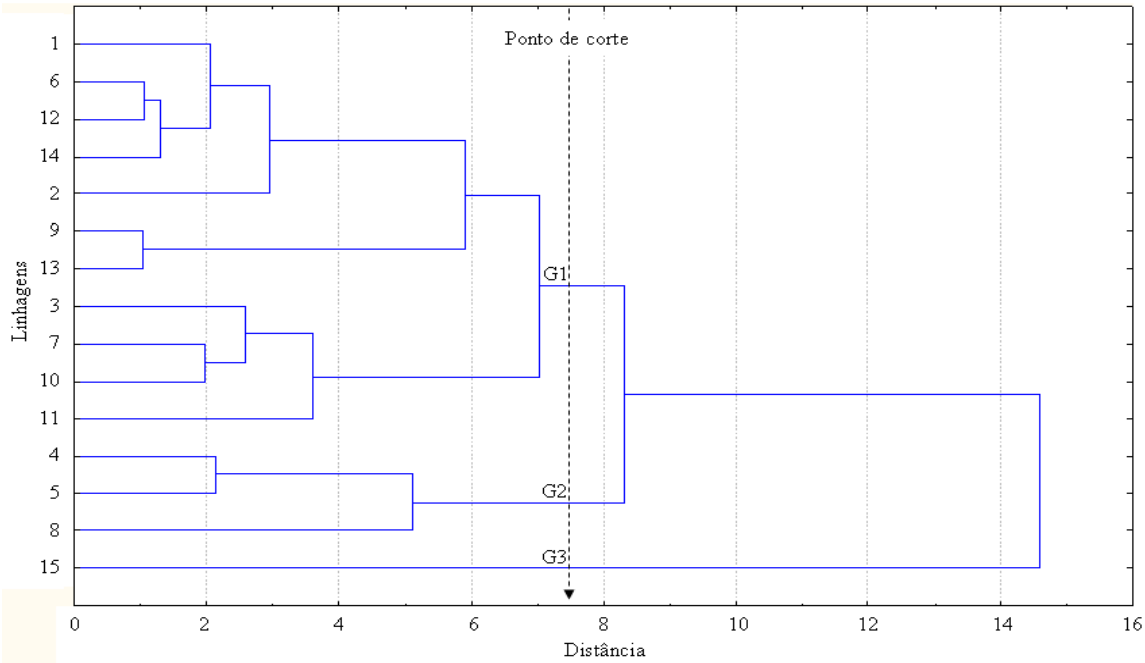

Figura 2 - Dendrograma das linhagens de ovinos da raça Santa Inês, obtido pelo método UPGMA. G1 – grupo um, G2 – grupo dois, G3 – grupo três.

O primeiro grupo foi formado por onze linhagens (1, 2, 3, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13 e 14), contendo indivíduos de tamanho pequeno, com cabeça mediana e pescoço curto. O segundo grupo foi constituído por três linhagens (4, 5 e 8), cujos indivíduos apresentaram tamanho corporal mediano, com cabeça pequena, mas pescoço grande. O terceiro grupo, composto pela linhagem 15, caracterizou-se por apresentar indivíduos de tamanho grande, com pescoço mediano e cabeça grande (Tabela 4).

Considerando que animais altos tendem a ser tardios (COSTA JÚNIOR et al., 2006), os animais integrantes do grupo três devem ser utilizados com objetivo claro em futuros programas de seleção da raça, uma vez que essa característica pode constituir-se em limitação para alcance de maior produtividade de carne.

Por outro lado, enquanto o maior tamanho corporal do terceiro grupo suscita maiores necessidades nutricionais, o menor porte do primeiro grupo pode ser indicativo de maior precocidade no crescimento (MALHADO et al., 2008). Dessa forma, o acasalamento

criterioso entre as linhagens do primeiro com o terceiro grupo pode ser proposto como diretriz para compatibilizar produtividade e adaptabilidade em função das condições ambientais e do sistema de produção.

Por outro lado, a despeito das linhagens dos grupos dois e três apresentarem grande distância quanto às características raciais, o acasalamento entre essas linhagens deve ser evitado, uma vez que ambos são constituídos por indivíduos de porte alto e o acasalamento entre essas linhagens pode levar à obtenção de animais com maior tamanho corporal à idade adulta, podendo comprometer a eficiência reprodutiva em condições não ótimas de alimentação.

Tabela 4 – Classificação das medidas corporais em função do tamanho, obtidos pelo método UPGMA, para os três grupos de linhagens de ovinos da raça Santa Inês.

Medidas corporais	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3
Altura tórax	pequeno	médio	grande
Altura posterior	pequeno	médio	grande
Circunferência torácica	pequeno	médio	grande
Circunferência canela	pequeno	médio	grande
Comprimento orelha	pequeno	médio	grande
Comprimento face	médio	pequeno	grande
Comprimento pescoço	pequeno	grande	médio
Comprimento do chanfro	médio	pequeno	grande
Largura da face (cm)	médio	pequeno	grande

Todas as medidas corporais contribuíram, em maior ou menor proporção, para a determinação da divergência fenotípica entre as linhagens. Enquanto que as medidas ligadas à produção contribuíram com 53,50% da diversidade entre as linhagens, aquelas relacionadas ao padrão racial contribuíram com 46,50%. As cinco medidas de maior importância contribuíram com 77,29% da diversidade entre as linhagens, das quais, três relacionadas ao padrão racial e duas à produção (Tabela 5).

Apesar de o padrão racial ser utilizado como importante parâmetro na avaliação dos animais controlados nos livros de registro, a seleção baseada apenas nas características relacionadas ao aspecto racial não, necessariamente, promovem elevação da produção de carne. Nesse sentido, Cezar e Sousa (2010) salientam que a utilização das medidas ligadas à produção, como critério de seleção, promove o incremento no rendimento de carcaça.

Tabela 5 - Importância relativa das medidas corporais ($S_{.j}$) para diversidade fenotípica em linhagens de ovinos da raça Santa Inês.

Medidas corporais	S.j (%)
Circunferência torácica	20,80
Circunferência de canela	19,69
Comprimento de face	14,87
Comprimento de pescoço	14,30
Comprimento de chanfro	7,63
Altura posterior	7,21
Altura do tórax	5,80
Comprimento de orelha	5,22
Largura de face	4,48

5.4 CONCLUSÕES

A raça Santa Inês apresenta elevada diversidade fenotípica, sendo que as características relacionadas à produção e à caracterização racial apresentam importância semelhante na diferenciação das linhagens.

O elevado grau de importância das características raciais na diferenciação das linhagens sugere dissonância na busca do padrão fenotípico da raça e ocorrência de pressões seletivas distintas, remetendo à necessidade de definição de objetivos e critérios de seleção para os indivíduos da raça Santa Inês.

A existência de grupos fenotipicamente distintos dentro da raça Santa Inês deve ser considerada no direcionamento dos acasalamentos, servindo como critério de seleção no momento de aquisição dos reprodutores. O acasalamento entre os indivíduos do primeiro com os do segundo e terceiro grupos pode contribuir para alcance de maior produtividade, enquanto que o acasalamento entre indivíduos do segundo e terceiro grupos pode proporcionar a obtenção de animais de tamanho adulto exagerado.

REFERÊNCIAS

ARCO, Assistência aos Rebanhos Criadores de Ovinos; **Associação Brasileira de Criadores de Ovinos**. Disponível em: http://www.arcoovinos.com.br Acessado em: 10/10/2012.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AZEVEDO, D.M.M.R.; SOUZA, L.G.R.; SILVA, D.C.; ALVES, A.A.; CAMPELO, J.E.G.; COSTA JÚNIOR, G.S. Estudo de populações de Ovinos Santa Inês utilizando técnicas de análise multivariada. **Revista Científica de Produção Animal**, v.8, n.1, 2006.

CEZAR, M.F.; SOUSA, W.H. Proposta de avaliação e classificação de carcaças de ovinos deslanados e caprinos. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, v.4, n.4, p.41-51, 2010.

COSTA JUNIOR, G.S.; CAMPELO, J.E.G.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; CAVALCANTE, R.R.; LOPES, J.B.; OLIVEIRA, M.E. Caracterização morfométrica de ovinos da raça Santa Inês criados nas microrregiões de Teresina e Campo Maior, Piauí. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.6, p.2260-2267, 2006.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética**. Viçosa: UFV, versão 6.0, 2008.

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

DARAMOLA, J.O.; ADELOVE, A.A. Physiological adaptation to the humid tropics with special reference to the West African Dwarf (WAD) goat, **Tropical Animal Health and Production**, v.41, p.1005–1016, 2009.

GILBERT, R.P.; BAILEY, D.R.; SHANNON, N.H. Body dimensions and carcass measurements of cattle selected for postweaning gain fed two different diets. **Journal Animal Science**, v.71, p.1688-1698, 1993.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Applied Statistics**, London, v.22, p.21-31, 1973.

LEGAZ, E.; CERVANTES, I.; PEREZ-CABAL, M.A.; FUENTE, L.F.; MÁRTINEZ, R.; GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ J.P. Multivariate characterisation of morphological traits in Assaf (Assaf.E) Sheep. **Small Ruminant Research**, v.100, 122– 130, 2011.

MACHADO, T.M.M.; PIRES, L.C.; ARAÚJO, A.M. "Conservação e melhoramento genético de caprinos com o auxílio de caracteres morfológicos e biométricos" in Ximenes, L.J.F. (coordenador), **Ciência e tecnologia na pecuária de caprinos e ovinos**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil, 2010. p.363-379.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; CRUZ, J.F.; OLIVEIRA, D.F.; AZEVEDO, D.M.M.R.; ROCHA, J.L. Curvas de crescimento para caprinos da raça Anglo-Nubiana

criados na caatinga: rebanho de elite e comercial. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.9, n.4, p. 662-671, 2008.

PESMEN, G.; YARDIMCI, M. Estimating the live weight using some body measurements in Saanen goats. **Archiva Zootechnica**, v.11, n.4, p.30-40, 2008.

SANTOS, R. **SANTA INÊS: a raça fundamental**. Uberaba. Agropecuária Tropical, 2007, 568p.

SAS Institute Inc. **Statistical Analysis System user's guide**. Version 9.1 ed. Cary: SAS Institute, USA, 2003..

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

TORO, M.A.; CABALLERO, A. Characterization and conservation of genetic diversity in sub-divided populations, **Philosophical Transactions of the Royal Society**, v.360, p.1367–1378, 2005.

TRAORÉ, A.; TAMBOURA, H.H.; KABORÉ, A.; ROYO, L.J.; FERNÁNDEZ, I.; ÁLVAREZ, I.; SANGARÉ, M.; BOUCHEL, D.; POIVEY, J.P.; FRANCOIS, D.; TOGUYENI, A.; SAWADOGO, L.; GOYACHE, F. Multivariate characterization of morphological traits in Burkina Faso sheep. **Small ruminant research**, v. 80, p.62-67, 2008.

YAKUBU, A.; MOHAMMED, G. L. Application of path analysis methodology in assessing the relationship netween body weight and biometric traits of Red Sokoto goats in Northern Nigeria. **Biotechnology in Animal Husbandry**, v.28, n.1, p.107-117, 2012.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de agrupamento é um método adequado para definição do modelo mais adequado para descrever o crescimento de ovinos Santa Inês, sendo que os modelos Mitscherlich, Meloun I e Brody são adequados e equivalentes para descrição do crescimento de ovinos Santa Inês;

A despeito da taxa de crescimento ser semelhante para ambos os sexos, as fêmeas alcançam a maturidade com menor peso que os machos. Por outro lado, o padrão de crescimento e o peso a maturidade também sofre influência do tipo de parto, sendo que os animais oriundos de parto simples apresentam maior velocidade de crescimento e menor peso à maturidade;

O controle de informações genealógicas do rebanho Santa Inês é de boa qualidade, haja vista que existe número expressivo de animais com ancestrais conhecidos até a quinta geração, sendo possível identificar que a raça foi desenvolvida a partir de um pequeno número efetivo de fundadores, caracterizando uma base genética estreita;

Os baixos coeficientes de relação e endogamia da raça Santa Inês podem ser atribuídos à ausência de estruturação e à tendência de elevação do tamanho efetivo, os quais têm assegurado considerável variabilidade genética a despeito da raça Santa Inês ter sido desenvolvida a partir de base genética estreita;

A raça Santa Inês apresenta elevada diversidade fenotípica, sendo que as características produtivas e raciais apresentam importância semelhante na diferenciação entre linhagens;

A variabilidade existente entre as linhagens não deve ser compreendida como reflexo exclusivo da diversidade de genótipos que deram origem à raça Santa Inês, mas, também, como consequência de fatores ambientais e de seleção a que os animais foram submetidos por diferentes criadores ao longo das gerações;

O elevado grau de importância das características raciais na diferenciação das linhagens sugere dissonância na busca do padrão fenotípico da raça e ocorrência de pressões seletivas distintas, remetendo à necessidade de definição de objetivos e critérios de seleção para os indivíduos da raça Santa Inês;

As medidas de circunferência torácica, circunferência de canela, comprimento de face, comprimento de pescoço, comprimento de chanfro, altura posterior, altura do tórax, comprimento de orelha e largura de face são suficientes para estudo da diversidade fenotípica de ovinos da raça Santa Inês. Por outro lado, a altura anterior e altura das pernas apresentaram pouca importância na diferenciação entre as linhagens;

A existência de grupos fenotipicamente distintos dentro da raça Santa Inês deve ser considerada no direcionamento dos acasalamentos, servindo como critério de seleção no momento de aquisição dos reprodutores. O acasalamento entre indivíduos do primeiro, segundo e terceiro grupos pode contribuir para alcance de maior produtividade, enquanto que o acasalamento entre indivíduos do segundo e terceiro grupos pode proporcionar a obtenção de animais de tamanho adulto exagerado.