



**PARÂMETROS POPULACIONAIS DA RAÇA OVINA
SOMALIS BRASILEIRA**

JENNIFER SOUZA FIGUEREDO

2018

UESB

JENNIFER SOUZA FIGUEREDO

MESTRADO

2018



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

PARÂMETROS POPULACIONAIS DA RAÇA OVINA
SOMALIS BRASILEIRA

Autor: Jennifer Souza Figueredo
Orientador: Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2018

JENNIFER SOUZA FIGUEREDO

**PARÂMETROS POPULACIONAIS DA RAÇA OVINA
SOMALIS BRASILEIRA**

Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia.

Orientador: Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

Co-orientadores: Prof. Dr. Milton Rezende Teixeira Neto
Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2018

636.31 Figueredo, Jennifer Souza.
F495p Parâmetros populacionais da raça ovina Somalis Brasileira. / Jennifer Souza Figueredo. - Itapetinga: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2018.
50fl.

Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Sob a orientação do Prof. D. Sc. Jurandir Ferreira da Cruz e coorientação do Prof. D.Sc. Milton Rezende Teixeira Neto e Prof. D.Sc. Paulo Luiz Souza Carneiro.

1. Ovinos – Somalis Brasileira - Estrutura populacional. 2. Ovinos – Endogamia - Intervalo de geração. 3. Somalis Brasileira – Pedigree. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. II. Cruz, Jurandir Ferreira da. III. Teixeira Neto, Milton Rezende. IV. Carneiro, Paulo Luiz Souza. V. Título.

CDD(21): 636.31

Catálogo na fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB/5-535
Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para Desdobramento por Assunto:

1. Ovinos – Somalis Brasileira - Estrutura populacional
2. Ovinos – Endogamia - Intervalo de geração
3. Somalis Brasileira – Pedigree

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

Campus Itapetinga-BA

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: "Parâmetros populacionais da raça ovina Somalis Brasileira".

Autor (a): Jennifer Souza Figueredo

Orientador (a): Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

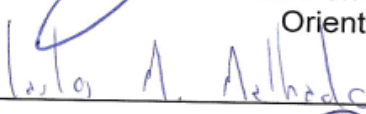
Co-orientador (a): Prof. Dr. Milton Rezende Teixeira Neto

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

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



Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz – UESB
Orientador



Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado - UESB



Prof. Dr. Valdemiro Conceição Júnior - UESB

Data de realização: 08 de março de 2018.

“Embora ninguém possa voltar atrás e fazer um novo começo, qualquer um pode
começar agora e fazer um novo fim.”

Chico Xavier

A

minha mãe, pelo
amor incondicional

A

minha irmã,
pelo apoio

A

minha tia Tinda pelo
incentivo

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida e por me dar determinação para conseguir alcançar meus objetivos.

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia e ao Programa de Pós-graduação em Zootecnia, por ter me possibilitado desenvolver este trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela bolsa de estudos.

Aos professores e funcionários do Programa de Pós-graduação em Zootecnia, pela disposição em ajudar sempre e pela contribuição ao meu crescimento profissional.

Ao meu orientador, professor Dr. Jurandir Ferreira da Cruz, por toda a dedicação, ajuda, compreensão, paciência, disponibilidade e conselhos no decorrer desta jornada, ensinando-me a ganhar uma batalha por vez.

Aos meus co-orientadores, Paulo Luiz Souza Carneiro e Milton Teixeira Neto, pela contribuição para melhoria do trabalho.

À equipe do Laboratório de Reprodução de Caprinos e Ovinos – professor Jurandir, Lorena, Natália, Rosilene, Kaíke, Milton, Vanessa, Dalmar, Gilmar e Adriano –, pelo apoio e amizade nos momentos de aflição, sempre disposta a ajudar.

Aos amigos em iniciação científica – Natália, Rosilene e Kaíke –, por toda ajuda dispensada. Sem vocês tudo seria mais difícil!

Aos amigos do PPZ-UESB, em especial Lorena, Vanessa, Ana Cássia, Maria Luíza, Yasmim, Yann e Jéssica.

Aos meus primos Jeferson, pelo auxílio nas referências e por compartilhar as aflições, e Alécio, por ser peça fundamental nessa caminhada.

Aos amigos Lorena, Victor, Ceres, Alessandra e Ana Cássia, que compartilharam as aflições diárias, tornaram essa jornada mais leve e nos momentos de dificuldade deram-me apoio, conselhos e broncas, quando necessárias.

A Rafael e seus familiares, por vibrarem comigo a cada etapa vencida.

À minha mãe Nailza, minha irmã Talita e minha tia Tinda, por todo o amor que nos une e nos colocam em movimento. Muito obrigada pelo auxílio e incentivo para que eu pudesse crescer no universo acadêmico e na vida.

BIOGRAFIA

Jennifer Souza Figueredo, filha de Alcivando Figueredo Moura e Nailza Souza dos Santos Figueredo, nasceu em Vitória da Conquista, no dia 28 de março de 1989.

Em maio de 2016, concluiu o curso de Engenharia Agrônoma, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Durante a graduação foi bolsista de iniciação científica pela Fapesb e Uesb além de ser voluntário na iniciação científica.

Em abril de 2016, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em nível de Mestrado, área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia sob a orientação do professor Dr. Jurandir Ferreira da Cruz, realizando estudos na área de melhoramento genético animal.

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

ARCO	Associação Brasileira de Criadores de Ovinos
CR	Coefficiente de relação
ENDOG	<i>Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information</i>
ΔF	Taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações
F	Coefficiente de consanguinidade
Fa	Número efetivo de ancestrais
FAO	<i>Food and Agriculture Organization</i>
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
ICG	Índice de Conservação Genética
IG	Intervalo de Gerações
Ne	Tamanho efetivo da população
SAS	<i>Statistical Analysis System</i>

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
I – REFERENCIAL TEÓRICO	01
1.1. Introdução	01
1.2. A raça Somalis Brasileira	02
1.3. Estrutura Populacional.....	04
1.3.1. Integralidade do pedigree.....	05
1.3.2. Probabilidade de origem de gene.....	06
1.3.2.1. <i>Número efetivo de fundadores</i>	07
1.3.2.2. <i>Número efetivo de ancestrais</i>	08
1.4. Tipo de rebanho.....	09
1.5. Coeficiente de relação.....	11
1.6. Coeficiente de endogamia.....	12
1.7. Estatística F de Wright.....	13
1.8. Tamanho efetivo.....	15
1.9. Intervalo de gerações.....	16
1.10. Índice de conservação genética.....	17
Referências.....	19
II – OBJETIVO GERAL.....	28
III – MATERIAL E MÉTODOS.....	29
IV – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	33
V – CONCLUSÕES.....	45
REFERÊNCIAS	46

LISTA DE FIGURAS

	Página
FIGURA 1. Reprodutores e matrizes da raça Somalis Brasileira (Fazenda Invernada (CE)).....	03
FIGURA 2. Estrutura populacional (piramidal) desejável dos rebanhos núcleos, multiplicadores e comerciais.....	10
FIGURA 3. Estrutura populacional (moringa) das raças ovinas brasileiras, estratificadas em rebanhos elite (núcleos), multiplicadores e comerciais.....	11
FIGURA 4. Esquema representativo da estatística F de Wrigth.....	14
FIGURA 5. Distribuição geográfica de ovinos da raça Somalis Brasileira.....	29
FIGURA 6. Integralidade do <i>pedigree</i> da raça Somalis Brasileira com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5 ^a ascendência.....	33
FIGURA 7. Número de animais da raça Somalis Brasileira registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) no período de 1972 a 2015.....	35
FIGURA 8. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F(END) em ovinos da raça Somalis Brasileira no período de 1972-2015.....	39
FIGURA 9. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais de maior importância para a variabilidade genética da raça Somalis Brasileira.....	41
FIGURA 10. Tamanho efetivo da população de ovinos da raça Somalis Brasileira no período de 1979-2013.....	43
FIGURA 11. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Somalis Brasileira.....	44
FIGURA 12. Índice de Conservação Genética por ano de nascimento da raça Somalis Brasileira.....	44

LISTA DE TABELAS

	Página
TABELA 1. Número de gerações completas, número de gerações equivalentes e número máximo de gerações em diferentes raças de ovinos.....	06
TABELA 2. Número de ancestrais responsáveis por mais de 50% da variabilidade genética em suas respectivas populações	07
TABELA 3. Total de fundadores e número efetivo de fundadores em diferentes raças de ovinos.....	08
TABELA 4. Total de ancestrais e número efetivo de ancestrais em diferentes raças de ovinos.....	09
TABELA 5. Coeficiente de relação em diferentes raças de ovinos.....	12
TABELA 6. Média de intervalo de gerações em diferentes raças de ovinos.....	16
TABELA 7. Classificação dos rebanhos da raça Somalis Brasileira em função da origem e formas de utilização de reprodutores.....	36
TABELA 8. Coeficiente de relação (CR) dos fundadores e contribuição dos ancestrais de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Somalis Brasileira.....	40

RESUMO

FIGUEREDO, Jennifer Souza. Parâmetros Populacionais da raça ovina Somalis Brasileira. Itapetinga, BA: UESB, 2013. 50 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes). *

RESUMO – Objetivou-se descrever e analisar, por meio de informações de *pedigree*, a estrutura populacional dos ovinos da raça Somalis Brasileira. Dados de *pedigree* de 8.610 indivíduos nascidos no período de 1972 a 2015 foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente médio de relação, coeficiente de endogamia e índice de conservação genética utilizando o programa ENDOG 4.8. Para determinação da ocorrência ou não do efeito gargalo foi utilizada correlação de Spearman (PROC CORR do SAS, versão 9.1). Do total de indivíduos estudados, 69,12%, 55,87%, 47,74%, 41,60% e 32,52% possuíam *pedigree* na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. O número médio de gerações equivalentes, completas e máximas para os 44 anos estudados foi de 2,83, 2,05 e 3,84, respectivamente. A média do intervalo de gerações foi $3,46 \pm 1,82$. O número de fundadores e ancestrais foram 780 e 785, respectivamente, enquanto que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram 26 e 23, respectivamente. Os oito principais ancestrais explicaram 50,66% da variabilidade genética total. O coeficiente médio de relação foi 3,94 e o coeficiente médio de endogamia 8,55. Os valores de *Fis*, *Fit* e *Fst* (F de Wright) foram -0,028657, 0,067157 e 0,093144, respectivamente. O índice de conservação genética variou de 1,00 a 17,43, com valor médio de 3,98, sendo que três indivíduos apresentaram valor acima de 17. Em conclusão, os indivíduos da raça Somalis Brasileira apresentam coeficientes de endogamia consideravelmente altos especialmente nas últimas duas décadas cujos valores têm se mantido acima do nível recomendável. Por outro lado, existem indivíduos portadores de alelos da maioria dos fundadores efetivos que podem ser utilizados para manutenção da diversidade genética da raça.

Palavras-chave: endogamia, intervalo de geração, *pedigree*

* Orientador: Jurandir Ferreira da Cruz, Dr. UESB e Co-orientadores: Milton Rezende Teixeira Neto, Dr. UESB e Paulo Luiz Souza Carneiro, Dr. UESB

ABSTRACT

FIGUEREDO, Jennifer Souza. Population Parameters of the Brazilian Somalis sheep. Itapetinga, BA: UESB, 2013. 50 p. Dissertation (Master in Zootechny, Area of Concentration in Ruminant Production). *

ABSTRACT: The aim of this study was to describe and analyze, based on pedigree information, the populational structure of the Brazilian Somalis sheep. Pedigree data from 8,610 individuals were born in the period from 1972 to 2015 analyzed to the integrity, average generation interval, gene origin probability, average relatedness coefficient, inbreeding coefficient and genetic conservation index were evaluated by using the ENDOG 4.8 program. To determine the occurrence or not of the bottleneck effect, Spearman correlation (SAS PROC CORR, version 9.1) was used. From the total of studied individuals, 69.12%, 55.87%, 47.74%, 41.60% and 32.52% had pedigree in the first, second, third, fourth and fifth ancestry, respectively. The average number of equivalent, complete and maximum generations for the 44 years studied was 2.83, 2.05 and 3.84, respectively. The average of the generation interval was 3.46 ± 1.82 . The number of founders and ancestors was 780 and 785, respectively, while the effective number of founders and the effective number of ancestors were 26 and 23, respectively. The eight major ancestors explained 50.66% of the total genetic variability. The average relatedness coefficient was 3.94 and the mean inbreeding coefficient was 8.55. F_{is} , F_{it} and F_{st} (Wright F) values were -0.028657, 0.067157 and 0.093144, respectively. The genetic conservation index ranged from 1.00 to 17.43, with 3.98 as medium value, and three individuals presenting value above 17. In conclusion, individuals of the Brazilian Somalis sheep have considerably high inbreeding coefficients, especially in the last two decades whose values have remained above the recommended level. On the other hand, there are individuals with alleles from most of the effective founders that can be used to maintain the genetic diversity of the breed.

Keywords: inbreeding, average generation interval, *pedigree*

*Adviser: Jurandir Ferreira da Cruz, D.Sc., UESB . Co-adviser: Milton Rezende Teixeira Neto, D.Sc., FTC e Paulo Luiz Souza Carneiro, D.Sc., UESB.

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1.1. INTRODUÇÃO

No final do século XIX e início do século XX, várias raças ovinas foram introduzidas no Brasil, as quais, sob efeito da seleção natural, adquiriram adaptações específicas, passando a ser consideradas raças locais, como foi o caso da raça Somalis (Mariante et al., 2009, 2011). A raça Somalis ou *Blackhead Persian*, originária da Somália, faz parte do grupo dos ovinos de garupa gorda (Porter, 2002). O pequeno porte e a reserva de gordura em algumas partes do corpo, especialmente na região da garupa, dotam os ovinos Somalis de enorme capacidade de sobrevivência em regiões áridas (Magalhães et al., 2010).

Nos anos 1930, ovinos da raça Somalis chegaram ao Brasil trazidos por fazendeiros do Rio de Janeiro, no entanto esses animais se adaptaram melhor as condições climáticas do Nordeste (Paiva et al., 2011). Devido a acasalamentos aleatórios e ao processo de seleção natural ao longo das gerações, os indivíduos adquiriram características diferentes do seu biótipo original, como menor acúmulo de gordura na garupa, maior prolificidade e presença de lã no corpo (Santos, 2007). Esse grupo genético naturalizado, então denominado de Somalis Brasileira apresenta elevada rusticidade e menor exigência nutricional quando comparados aos ovinos exóticos, o que resulta em menor custo de produção (Magalhães et al., 2010).

Os ovinos da raça Somalis Brasileira encontram-se distribuídos em núcleos fechados, pertencentes a instituições de pesquisa ou a alguns poucos criadores (Mariante et al., 2011; Silva & Lôbo, 2006). Devido a sua pequena população, distribuída em rebanhos pequenos e dispersos, a raça Somalis Brasileira apresenta risco de depressão endogâmica e perda de variabilidade e, portanto, em processo de extinção (Armstrong et al., 2006).

O processo de extinção de uma raça, em decorrência da substituição por outras com maiores taxas de produção, pode impossibilitar futuras avaliações sobre a sua potencialidade enquanto grupo genético. A partir da percepção que os recursos

genéticos se constituem em patrimônio cultural e biológico únicos, a adoção de medidas voltadas para a conservação desses recursos se faz necessária (Barros et al., 2011).

Considerando que a manutenção da diversidade genética deve ser uma das principais estratégias para a conservação de grupos genéticos em risco de extinção (Biagiotti et al., 2014), o estudo de parâmetros populacionais pode prover informações norteadoras de ações futuras de programas de melhoramento genético (Malhado et al., 2008), bem como de estratégias de conservação. As informações de *pedigree* são ferramentas importantes para estudos da estrutura populacional, tendo em vista que, quando comparadas ao uso de marcadores moleculares, apresentam maior facilidade e menor custo de obtenção (Gowane et al., 2013; Malhado et al., 2009), além de clarear importantes circunstâncias que influenciaram a história genética das populações (Valera et al., 2005). Dessa forma, objetivou-se descrever e analisar a estrutura genética populacional em nível nacional, por meio de *pedigree*, dos ovinos da raça Somalis Brasileira.

1.2. A RAÇA SOMALIS BRASILEIRA

A origem geográfica da raça Somalis também conhecida por *Blackhead Persian* é na região formada pela Etiópia e a Somália (Acoomig, 2017), embora, também seja encontrada no Quênia e Tanzânia (Magalhães et al., 2010).

A raça Somalis faz parte do grupo dos ovinos de “garupa gorda” proveniente do ovino Urial (Arco, 2017). A reserva de gordura na garupa é uma característica da raça e serve como reserva, para ser utilizada em épocas de escassez alimentar, como estratégia energética, o que mostra rusticidade e adaptação a regiões de clima adverso (Magalhães et al., 2010; Tino, 2016).

A introdução da raça no Brasil se deu por criadores do Estado do Rio de Janeiro, porém os animais não se adaptaram ao clima e foram levados para o Nordeste, mais especificamente, aos Estados do Rio Grande do Norte e Ceará (Silva & Lobo, 2006). Ainda ocorreu importação de exemplares na década de 1970, principalmente, para criadores do Rio Grande do Norte e ainda foi importado um reprodutor do Chile para o Ceará (Santos, 2007).

Em cruzamentos aleatórios entre os genarcas da raça Somalis e fêmeas de outros grupos genéticos presentes no Nordeste do Brasil surgiu a raça Somalis Brasileira. No entanto, essa raça “naturalizada” mostra diferenças do tronco genético original, uma vez

que apresenta menor quantidade de gordura na garupa e também apresenta lã pelo corpo, características que sugerem participação de raças lanadas e sem garupa gorda na sua formação (Arco, 2017; Santos, 2007).

Os animais da raça Somalis Brasileira, de acordo com a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos, apresentam porte médio, com peso adulto dos machos 40/60 Kg e fêmeas 30/50 Kg; cabeça de tamanho médio, sem chifres, chanfro curto e perfil retilíneo; orelhas curtas de forma cônica com terminação lanceolada; pelagem branca, com cabeça e pescoço pretos, todo o corpo é coberto de pelos curtos, admitindo-se a presença de lã em pequena quantidade; cauda curta, com densa camada de gordura na base e terminação afilada e cascos pretos (Figura 1); são rústicos, adaptam-se bem às condições climáticas da região semiárida com aptidão para produção de carne e pele (Arco, 2017).



Figura 1. Reprodutores e matrizes da raça Somalis Brasileira (Fazenda Invernada-CE)

Quando comparados às raças especializadas, os ovinos da raça Somalis Brasileira apresentam crescimento mais lento; o menor porte, no entanto, lhes confere maior eficiência de produção, visto que as matrizes na fase adulta apresentam menor exigência nutricional para manutenção que as ovelhas de maior porte pertencentes a outras raças (Magalhães et al., 2010).

No que se refere às características reprodutivas, as marrãs Somalis Brasileira manifestam o primeiro estro clínico sempre acompanhado de ovulação, sendo que 87,5% das borregas ovulam antes do primeiro estro clínico, com taxas de ovulação média de 1,05 e 1,13 na primeira e segunda ovulação, respectivamente; as borregas alcançam a puberdade entre 307,2 (Silva et al., 1988) e $334,4 \pm 12,96$ dias, com $18,3 \pm 0,46$ kg de peso vivo (Simplício et al., 1982). As ovelhas da raça Somalis Brasileira apresentam baixa prolificidade, mais elevada habilidade materna, o que resulta em crias viáveis e com bom desenvolvimento corporal (Magalhães et al., 2010).

Atualmente, os rebanhos da raça Somalis Brasileira encontram-se distribuídos nos estados nordestinos, em instituições de pesquisa, em núcleos fechados e alguns criadores de elite, e são comercializados em feiras e exposições agropecuárias (Silva & Lôbo, 2006).

1.3. ESTRUTURA POPULACIONAL

População, do ponto de vista genético, é um conjunto de indivíduos com genótipos diferentes que vivem em sistema de acasalamento que possibilita a formação de descendentes proporcionais à contribuição genética de seus ancestrais (Barros, 2009). A estrutura de uma população, por sua vez, é a frequência dos alelos que compõem os diversos genótipos dos diferentes indivíduos que a constituem (Cruz, 2005). Portanto, a compreensão dessa estrutura pode esclarecer os aspectos relevantes que afetam o histórico genético da população em estudo (Valera et al., 2005).

Dentre as formas de estudo de populações constam: as técnicas de genética molecular e a análise de *pedigree*. Apesar da precisão das técnicas moleculares, os estudos baseados em informações de *pedigree* apresentam importância estratégica para a avaliação dos parâmetros populacionais, pois além de maior simplicidade apresentam menor custo na obtenção dos dados populacionais quando comparados ao uso de marcadores moleculares (Carneiro et al., 2009).

A análise dos *pedigrees*, além de fornecer relevantes informações no que tange a história e estrutura genética da população, possibilita o estudo da evolução da variabilidade genética e demográfica populacional (Goyache et al., 2010); essa análise permite ainda verificar a ocorrência de uso intensivo de determinados indivíduos, o que leva a redução da diversidade genética (Santana Júnior et al., 2012). Considerando a crescente atenção voltada ao conhecimento da variabilidade genética nas populações, torna-se imprescindível entender os diferentes fatores que afetam a estrutura das populações, especialmente, daquelas que fazem parte de patrimônio genético de uma região (Barros, 2009). Nesse sentido, a compreensão de parâmetros populacionais como: integralidade dos *pedigrees*, intervalo de gerações, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia, tipo de rebanho, índice de conservação genética, determinação da existência ou não do efeito gargalo e tamanho efetivo pode guiar as futuras ações dos programas de melhoramento genético (Carneiro et al., 2009).

1.3.1. Integralidade de *pedigree*

A integralidade de *pedigree* é o parâmetro mais importante dentro da estrutura genética das populações, pois indica a quantidade de genealogia conhecida em cada geração na população estudada (Pezzini, 2010). Essas informações são ilustradas graficamente em forma de “árvore genealógica” contendo informações de pais, avós, bisavós e demais ancestrais (Gutiérrez et al., 2003).

A qualidade e a exatidão das estimativas dos parâmetros populacionais dependem de modo direto da integralidade dos *pedigrees* disponíveis (Barros, 2012), sendo que quanto maior a profundidade melhor para determinação dos parâmetros avaliados (Paiva, 2016). *Pedigrees* incompletos podem subestimar ou superestimar esses parâmetros (Boichard et al., 1997).

A quantidade de informações genealógicas varia com o decorrer das gerações, o que foi verificado nas raças Mallorquina (Goyache et al., 2010), Guilan (Eteqadi et al., 2014), Navajo-Churro (Maiwashe & Blackburn, 2004), Valachian (Oravcová & Margetín, 2011), Segureña (Barros, 2012), Santa Inês (Pedrosa et al., 2010; Teixeira Neto et al., 2013) e Merino Bharat (Gowane et al., 2013).

O nível de integralidade do *pedigree* pode ser avaliado através do número de gerações completas, número máximo de gerações e o número de gerações equivalentes (Carneiro, 2012).

O número de gerações completas pode ser definido como a quantidade de gerações entre o indivíduo e a geração mais distante no qual todos os ancestrais são conhecidos (Gutiérrez & Goyache, 2005). O número máximo de gerações indica o número de gerações que separam o indivíduo do seu ancestral mais distante (Barros, 2012; Gutiérrez & Goyache, 2005). O número de gerações completas equivalentes corresponde à profundidade do *pedigree* levando em conta que não há sobreposição de gerações (Goyache et al., 2010), o qual é obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos; onde n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (Goyache et al., 2010; Maignel et al., 1996). Considerando que as informações obtidas pelo número máximo de gerações não fornecem informações seguras sobre as lacunas no *pedigree*, o número equivalente de gerações é mais adequado para descrever a qualidade dos *pedigrees* (Baumung & Sölkner, 2003), uma vez que esses parâmetros apresentam variações consideráveis nas diferentes raças (Tabela 1).

Tabela 1. Número de gerações completas, número de gerações equivalentes e número máximo de gerações em diferentes raças de ovinos

Raça	Geração completa	Geração equivalente	Maximo de geração	Fonte
Segureña	0,91	1,23	1,78	Barros, 2012
Zandi	1,92	3,15	4,78	Ghafouri-Kesbi, 2010
Somalis Brasileira*	1,11	1,34	1,64	Paiva et al., 2011
Xalda	-	1,09	1,80	Goyache et al., 2003
Afshari	-	1,42	4,00	Ghafouri-Kesbi, 2012
Baluchi	-	5,47	11,00	Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011
Santa Inês	-	4,67	19,00	Teixeira Neto et al., 2013
Mallorquina	-	0,43	-	Goyache et al., 2010
Santa Inês	-	2,26	12	Pedrosa et al., 2010
Valachian	-	4,70	-	Oravcová & Margetín, 2011
Malpura	-	7,21	16	Gowane et al., 2014

*Rebanho mantido pela Embrapa

1.3.2. Probabilidade de origem do gene

Um alelo autossômico amostrado aleatoriamente de qualquer indivíduo tem 50% de probabilidade de ter sido herdado do seu pai ou mãe e 25 % de ter sido herdado de qualquer um dos seus avós. Com base nessa premissa, pode-se estimar a probabilidade de origem de um dado alelo para qualquer um dos seus antepassados (Vozzi, 2004).

Os genes presentes numa população são herdados de seus ancestrais ao longo das gerações e, portanto, as informações de genealogia possibilitam a identificação dos animais que contribuíram primeiro para a formação da população estudada, os quais são denominados de fundadores (Barros, 2009). A representação dos animais tomados como referência varia consideravelmente por conta da utilização preferencial de certos reprodutores. Assim, a probabilidade de origem dos genes fornece informação de grande relevância sobre o fluxo gênico e, conseqüentemente, da estrutura genética da população (Navarro, 2008). Vale ressaltar que os animais fundadores são aqueles indivíduos, sem genealogia conhecida (Gutiérrez & Goyache, 2005); os ancestrais, por sua vez, são aqueles indivíduos que apresentam maior contribuição que seus ascendentes para a variabilidade total da população; um dado ancestral também pode ser um fundador (Navarro, 2008).

A análise da contribuição dos fundadores e ancestrais é relevante para medir a variabilidade genética e verificar o direcionamento dos acasalamentos na população

(Vozzi, 2004). O número de animais que contribuem geneticamente para mais de 50% da variabilidade nas diferentes raças é bastante variável (Tabela 2). Por outro lado, a contribuição dos dez principais fundadores nas raças Mallorquina (Goyache et al., 2010) e Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013) foram de 8,8% e 30,51%, na mesma ordem.

Tabela 2. Número de ancestrais responsáveis por mais de 50% da variabilidade genética em suas respectivas populações

Raça	Número de animais que contribuíram com mais de 50% da variabilidade	Fonte
Galega	5	Adán et al., 2007
Morada Nova variedade branca	10	Rodrigues et al., 2009
Xalda	13	Goyache et al., 2003
Afshari	13	Ghafouri-Kesbi, 2012
Baluchi	17	Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011
Mallorquina	50	Goyache et al., 2010
Merino	304	Azor et al., 2008
Segureña	425	Barros et al., 2017

A genealogia relativamente completa é primordial para análise precisa da população, já que os dados oriundos dela influenciam diretamente a estimativa dos parâmetros que permitem definir a estrutura dessa população, tais como coeficiente de relação e endogamia e índice de conservação genética (Barros, 2009).

1.3.2.1. Número efetivo de fundadores

O número efetivo de fundadores (f_e) é definido como o número de animais, cuja contribuição produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (Lacy, 1989), sendo que a contribuição genética é maior à medida que se produzem mais descendentes (Albuquerque, 2010). O ideal é que o número efetivo de fundadores seja o mais próximo possível do tamanho da população fundadora. (Oliveira, 2012), sendo que isso ocorre quando cada um dos fundadores expressa a contribuição esperada; nesse caso o f_e passa a ser igual ao número real de fundadores. Em qualquer outra situação, o f_e é menor que o número real de fundadores (Tabela 3).

Teoricamente, quanto maior o fe, maior será a variabilidade genética da população (Boichard et al., 1997). A variabilidade genética de uma população está relacionada de modo direto com o número de animais fundadores (Laat, 2001).

Tabela 3. Total de fundadores e número efetivo de fundadores em diferentes raças de ovinos

Raça	Número total de		Fonte
	Fe	fundadores	
Bergamacia Brasileira	42	229	Carneiro et al., 2014
Merino Bharat	55	430	Gowane et al., 2013
Malpura	58	199	Gowane et al., 2014
Baluchi	80	347	Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011
Xalda	81	329	Goyache et al., 2003
Mallorquina	704	3961	Goyache et al., 2010

Nas situações em que o número efetivo de fundadores for muito baixo em comparação à população fundadora, a necessidade de monitoramento da endogamia do rebanho é maior (Marcondes et al., 2010). Nas raças Merino (Azor et al., 2008), Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013) e Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012) a relação entre o número efetivo de fundadores e o número total de fundadores foi 0,35%, 6,03% e 16,46%, respectivamente.

1.3.2.2. Número efetivo de ancestrais

O número efetivo de ancestrais (f_a) representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética total da população estudada. Normalmente, o número efetivo de ancestrais é significativamente menor que o número total de ancestrais (Tabela 4); 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). O efeito gargalo refere-se à redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra (Jobling et al., 2013), mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja restabelecido (Figueiró, 2012).

Tabela 4. Total de ancestrais e número efetivo de ancestrais em diferentes raças de ovinos

Raça	Fe	Total de Ancestrais	Fonte
Morada Nova variedade branca	20	477	Rodrigues et al., 2009
Afshari	34	148	Ghafouri-Kesbi, 2012
Bergamacia Brasileira	34	215	Carneiro et al., 2014
Merino Bharat	40	418	Gowane et al., 2013
Baluchi	47	263	Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011
Santa Inês	161	3253	Rego Neto et al., 2017
Segureña	985	11635	Barros et al., 2017
Somalis Brasileira*	16	151	Paiva et al., 2011

*Mantida pela Embrapa

O desejável é que o número efetivo de animais fundadores seja igual ao número efetivo de animais ancestrais, ou que ocorra a menor diferença possível entre eles, pois quanto maior a distância entre fa e fe, menor é a participação dos animais fundadores na população ao longo das gerações (Albuquerque, 2010). A contribuição marginal de todos os ancestrais é sempre menor ou igual à contribuição dos fundadores (Mackinnon, 2003). Quanto mais próximos esses parâmetros, menor será o impacto do efeito gargalo sobre a diversidade genética da população (Feely et al, 2017). Nas raças Santa Inês (Pedrosa et al., 2010) e Merino (Azor et al., 2008) foram observados valores de fe 211 e 442 e fa 156 e 213, respectivamente.

1.4. TIPO DE REBANHO

Os grupos de animais que apresentam o mesmo tipo e que são manejados conjuntamente, denominados de rebanhos, podem ser classificados como núcleo, multiplicador, comercial e isolado, a depender da origem e forma de utilização de seus reprodutores. Os rebanhos do tipo núcleo são aqueles que utilizam reprodutores próprios, nunca os compra, mas comercializam os reprodutores excedentes; rebanhos multiplicadores são aqueles que utilizam reprodutores próprios e adquiridos de outros rebanhos e vendem os excedentes; os rebanhos comerciais são aqueles que utilizam reprodutores adquiridos e não comercializam os excedentes e os rebanhos isolados são aqueles que utilizam reprodutores do próprio rebanho, mas que não os comercializam (Vassallo et al., 1986).

A relevância de um dado rebanho pode ser determinada em função da sua contribuição quanto à disponibilização de reprodutores para a população (Oliveira, 2012). É desejável que a organização dos tipos de rebanhos apresente uma estrutura piramidal, em que, no ápice da pirâmide, se encontrem os rebanhos núcleos, dentro dos quais se realiza o melhoramento genético por meio da seleção. No estrato intermediário se encontram os rebanhos multiplicadores, nos quais há pouca ou quase nenhuma seleção; no entanto, por adquirirem animais dos rebanhos núcleos, detêm rebanhos de razoável qualidade genética e, por isso, vendem animais para reprodução, puros ou cruzados. Na base da pirâmide se encontram os rebanhos comerciais, os quais adquirirem os reprodutores dos rebanhos multiplicadores e elite (Alves et al., 1999).

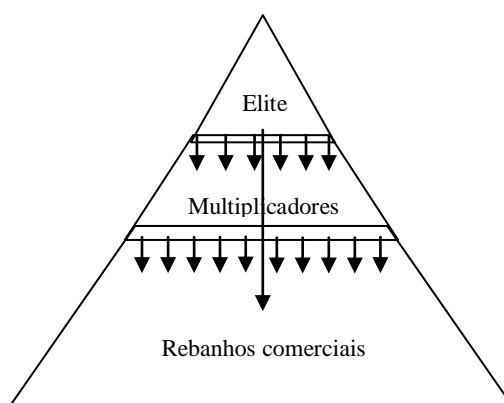


Figura 2 - Estrutura populacional (piramidal) desejável dos rebanhos núcleos, multiplicadores e comerciais. Adaptado de Rego Neto et al. (2014).

No Brasil, a estrutura da população ovina não está organizada conforme a pirâmide clássica e sim em formato de uma “moringa”, que devido ao estrangulamento em nível dos rebanhos multiplicadores, representa melhor o fluxo de genes entre os estratos dos rebanhos (Figura 3). O repasse da evolução genética dos rebanhos núcleos para os rebanhos comerciais, por meio da disponibilização de reprodutores tem sido comprometido pelo o custo elevado desses animais; como consequência, a maioria dos reprodutores considerados “de elite” permanece nos rebanhos núcleos e aqueles que são transferidos para os rebanhos multiplicadores, normalmente não são repassados aos rebanhos comerciais (Lôbo, 2017; Morais, 2000).

Estudos similares realizados com as raças Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013; Rego Neto et al., 2014), Xalda na Espanha (Goyache et al., 2003) e Mallorquina na Espanha (Goyache et al., 2010) mostraram a existência de rebanhos do tipo comercial (21,00%, 43,20%, 50,00% e 77,27%) e do tipo multiplicador (79,00%, 56,80%, 50,00%

e 22,73%, respectivamente); não tendo sido detectados rebanhos dos tipos núcleo e isolado.

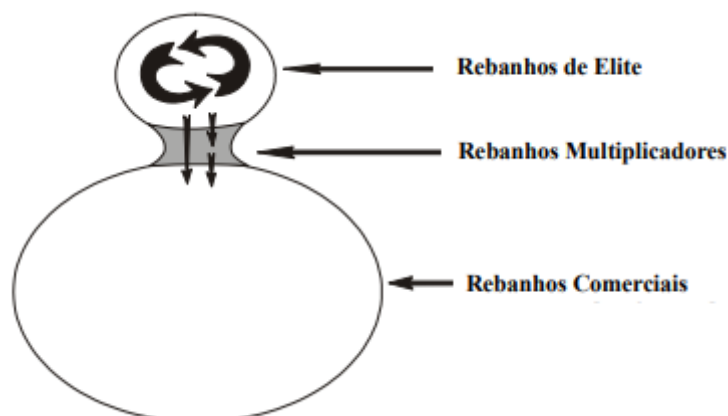


Figura 3 - Estrutura populacional (moringa) das raças ovinas brasileiras, estratificadas em rebanhos elite (núcleos), multiplicadores e comerciais. Adaptado de Morais, 2000.

1.5. COEFICIENTE DE RELAÇÃO

O coeficiente de relação (CR) de um indivíduo é a probabilidade de um alelo selecionado ao acaso dentro de uma população pertencer a esse animal (Barros, 2012; Navarro, 2008). Indivíduos correlacionados são aqueles que possuem pelo menos um ancestral comum em sua genealogia, dessa forma se estes indivíduos forem acasalados a probabilidade de ocorrência de homozigose na descendência é maior; essa probabilidade extra é chamada de coeficiente médio de relação (Oliveira, 2012).

O CR possibilita conhecer as relações de parentesco entre indivíduos, sendo elemento significativo para o gerenciamento dos programas de seleção (Oliveira, 2012). Como a consequência do acasalamento entre indivíduos parentes é a endogamia, embora o CR médio não esclareça a razão para esse tipo de acasalamento (Gutiérrez et al., 2003), esse parâmetro pode ser usado como critério de seleção de reprodutores (com CR mais baixo) e assim, manter o estoque genético de origem (Gutiérrez & Goyache, 2005). O direcionamento dos acasalamentos pode promover redução nos níveis de endogamia e equilibrar a representação genética dos fundadores (Valera et al., 2005). Por essa razão, o coeficiente de relação (Tabela 5) e de endogamia tem sido utilizados como ferramentas para a avaliação da variabilidade genética de populações submetidas a programas de conservação (Barros, 2012).

Tabela 5. Coeficiente de relação em diferentes raças de ovinos

Raça	Coeficiente de relação	Fonte
Mallorquina	0,17%	Goyache et al., 2010
Santa Inês	0,49%	Rego Neto et al., 2017
Moghani	0,74%	Mokhtari et al., 2015
Elsenburg Dorner	0,99%	Wyk et al., 2009
Kermani	1,04%	Mokhtari et al., 2013
Bergamacia Brasileria	1,52%	Carneiro et al., 2014
Xalda	1,79%	Goyache et al., 2003
Afshari	2,10%	Ghafouri-Kesbi, 2012
Santa Inês	3,87%	Teixeira Neto et al., 2013
Merino Bharat	4,23%	Gowane et al., 2013

1.6. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA

A endogamia é o processo de acasalamento entre indivíduos parentes e, quanto maior for esse parentesco, maior será a endogamia dos filhos (Briquet Júnior, 1967). A endogamia tem como principal efeito genético o aumento da homozigose e a expressão de genes recessivos que, geralmente, provocam alteração na média do mérito individual, perda parcial do ganho genético obtido pela seleção e redução do valor fenotípico médio, cujos reflexos podem ser observados nos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica; esse fenômeno é denominado depressão endogâmica (Breda et al., 2004).

O coeficiente de endogamia (F) de um indivíduo é a probabilidade de que o par de alelos carregados pelos gametas que o produzirão seja idêntico por descendência (Falconer, 1960). O F de um indivíduo pode ser estimado como a metade do parentesco entre seus pais, o que, por sua vez, representa a porcentagem provável de genes em comum entre esses progenitores (Carvalho & Pimentel, 2004).

Nas raças Mallorquina (Goyache et al., 2010), Moghani (Mokhtari et al., 2015), Kermani (Mokhtari et al., 2013), Segureña (Barros et al., 2017), Santa Inês (Rego Neto et al., 2017), Lori-Bakhtiari (Sheikhlou & Abbasi, 2016), Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Xalda (Goyache et al., 2003), Merino Bharat (Gowane et al., 2013) e Elsenburg Dorner (Wyk et al., 2009) foram encontrados valores médios de endogamia de 0,24%, 0,40%, 0,51%, 0,60%, 0,97%, 1,02%, 1,20%, 1,46%, 1,54%, 2,32% e 16,00%, respectivamente.

Tem sido sugerido que os valores médios de F devem ser inferiores a 10%, visto que valores mais altos podem predispor a população à ocorrência de depressão endogâmica (Paiva et al., 2011; Thompson et al., 2000), o que leva a redução do valor médio de caracteres quantitativos (Barros, 2012). Na raça Altamurana, as ovelhas endogâmicas produziram 5% menos leite e a duração da lactação foi reduzida em 38 dias quando comparadas às ovelhas não-endogâmicas (Dario & Bufano, 2003). Na raça Churra Badana, a endogamia afetou todos os caracteres de crescimento analisadas com efeito depressor a cada 1% de acréscimo na endogamia (Carolino et al., 2004). Na raça Leccese, a cada 1% de aumento da endogamia houve redução de 19 e 31 gramas nos pesos ao nascimento e à desmama, respectivamente (Selvaggi et al., 2010). Da mesma forma, na raça Thalli, foi observado que a cada 1% de aumento no nível de endogamia o peso aos 270 dias, aos 12 meses de idade e o ganho de peso diário pós-desmame apresentaram redução de 0,013, 0,019 e 0,098 kg, respectivamente (Hussain et al., 2006).

1.7. ESTATÍSTICA F DE WRIGHT

Nos anos 1940-50, foi descrita a teoria dos índices de fixação, também denominada de Estatísticas F (Wright, 1965), a qual parte do princípio da existência de uma metapopulação definida como o conjunto total de animais pertencentes a uma raça, constituído por sua vez de várias subpopulações (Barros, 2012).

A estatística F engloba os níveis individuais (F_{is}), das subpopulações (F_{st}) e da população total (F_{it}) (Long, 1986). Por meio desses parâmetros é possível estudar a estrutura populacional (Wright, 1978), admitindo-se uma metapopulação constituída de subpopulações definidas de acordo com, por exemplo, aspectos geográficos, de rebanho e sexo (Navarro, 2008).

O F_{it} é a correlação entre gametas que se fundem para gerar os indivíduos em relação aos gametas da população total (Wright, 1965). Em estudos com ovinos das raças/tipos Morada Nova variedade branca (Rodrigues et al., 2009), Merino (Azor et al., 2008); Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), nativas Tunisianas (Sassi-Zaidy et al., 2014), nativas Nigerianas (Agaviezor et al., 2012) e nativas Chinesas (Wei et al., 2011) foram verificados valores para F_{it} de -0,007, 0,027, 0,050, 0,132, 0,394 e 0,523, respectivamente.

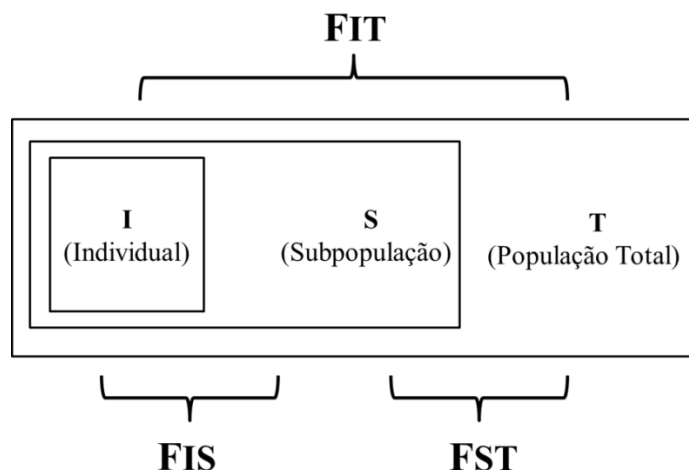


Figura 4 - Esquema representativo da estatística F de Wright. Adaptado de McManus et al. (2011).

O F_{IS} é a média de todas as correlações entre os gametas unitários e as suas respectivas subpopulações (Wright, 1965). Em populações de ovinos sob seleção, são comuns valores negativos de F_{IS} (Teixeira Neto, 2013). Trabalhos realizados com ovinos das raças/tipos Morada Nova variedade branca (Rodrigues et al., 2009), nativas Chinesas (Niu et al., 2011), Merino (Azor et al., 2008), nativas Sicilianas (Tolone et al., 2012) e nativas Tunisianas (Sassi-Zaidy et al., 2016) encontraram valores para F_{IS} de -0,259, -0,172, -0,007, 0,032 e 0,112, respectivamente. Em um rebanho da raça Somalis Brasileira mantido pela Embrapa, foi verificado F_{IS} de -0,095 (Paiva et al., 2011).

O F_{ST} é a correlação entre gametas aleatórios dentro das subpopulações e os gametas da população total (Wright, 1965). Nas raças/tipos ovina Segureña (Barros et al., 2017), nativas Tunisianas (Sassi-Zaidy et al., 2014), Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), nativas Nigerianas (Agaviezor et al., 2012), nativas Chinesas (Wei et al., 2011) e várias raças espanholas (Arranz et al., 2001) foram encontrados valores para F_{ST} de 0,018, 0,030, 0,055, 0,088, 0,363 e 0,770, respectivamente.

Quanto aos valores de referência dos parâmetros F, o $F_{IT} < 0$ indica seleção a favor dos heterozigotos e $F_{IT} > 0$ indica diferenciação genética entre subpopulações e a seleção contra heterozigotos (Paiva, 2016); enquanto que o $F_{IS} > 0$ indica que a endogamia real supera o nível esperado em acasalamentos ao acaso, resultante de acasalamentos entre animais mais aparentados que a média; o $F_{IS} < 0$ significa que há predomínio dos acasalamentos entre indivíduos de subpopulações diferentes ou a endogamia está sendo evitada (Carneiro et al., 2009). Valores do F_{ST} entre 0 e 0,05

indicam pequena diferenciação genética na população; entre 0,05 e 0,15 é indicativo de moderada diferenciação, valores entre 0,15 e 0,25 indicam grande diferenciação e valores $>0,25$ indicam forte diferenciação genética (Wright, 1978 *apud* Hartl & Clark, 2010).

1.8. TAMANHO EFETIVO

A definição do termo tamanho efetivo (N_e) varia com os autores, ainda que seja mantida a sua essência conceitual. O N_e expressa o número de indivíduos de ambos os sexos que contribuem geneticamente para uma dada população (Wright, 1931), ou o tamanho de uma população idealizada, que daria origem à taxa de endogamia (ΔF) (Gutiérrez et al., 2003), ou ainda, o N_e expressa o número de animais reprodutores que levaria ao atual nível na endogamia caso eles contribuíssem igualmente para a próxima geração (Gutiérrez & Goyache 2005).

Considerando que o N_e permite inferir sobre a taxa de endogamia e conseqüentemente a perda da variabilidade genética dentro da população (Boichard et al. 1997; Groeneveld et al., 2010), esse parâmetro tem sido usado para monitorar e determinar o risco de extinção de populações em conservação (Gandini et al., 2004; Carneiro, 2012). Em programas de seleção, populações que apresentam N_e muito baixo podem apresentar grandes variações nos ganhos genéticos devido a influência da oscilação genética (Carneiro et al., 2006).

O N_e ideal de uma população parece ser um ponto de controvérsia. Valores entre 31 e 250 tem sido sugerido para prevenir declínio no valor adaptativo da população (Meuwissen & Woolliams, 1994) ou mesmo N_e de 500 a 1.000 para que seja assegurada a manutenção do potencial evolutivo (Franklin & Frankham, 1998). A FAO (1998) sugere que um N_e de 50 indivíduos seria suficiente para a prevenção de depressão endogâmica em populações sob conservação.

Nas raças Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Santa Inês (Pedrosa et al., 2010), Merino Bharat (Gowane et al., 2013), Malpura (Gowane et al., 2014), Lori-Bakhtiari (Sheikhloo & Abasi, 2016), Baluchi Iraniana (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011) e Baluchi (Gholizadeh & Ghafouri-Kesbi, 2016) foram descritos N_e de 50,00, 71,00, 76,00, 89,29, 91,74, 101,00, 134,00 e 166,00, respectivamente.

1.9. INTERVALO DE GERAÇÕES

O intervalo de gerações (IG), definido como a idade média dos pais no momento do nascimento dos filhos, é calculado para as quatro passagens gaméticas, sendo pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha (Gutiérrez & Goyache, 2005). Barros (2012) salienta que o manejo e o objetivo da criação dos animais possibilita a ocorrência de variação no IG nas diferentes populações (Tabela 6).

Tabela 6. Média de intervalo de gerações em diferentes raças de ovinos

Raça	Intervalo de geração	Fonte
Guilan	2,38	Eteqadi et al., 2014
Finnsheep	2,85	Li et al., 2009
Xalda	2,97	Goyache et al., 2003
Santa Inês	3,22	Teixeira Neto et al., 2013
Baluchi	3,33	Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011
Santa Inês	3,70	Pedrosa et al., 2010
Segureña	3,79	Barros et al., 2017
Navajo Churro	4,00	Maiwashe & Blackburn, 2004
Morada Nova variedade branca	4,98	Rodrigues et al., 2009

Em programas de melhoramento genético é desejável que o IG seja mantido em torno de 3,0 anos (Ghafouri-Kesbi, 2012), visto que há redução do ganho genético anual quando este intervalo é maior, ocasionando perdas econômicas (Vercesi Filho, 2002; Bonifácio et al., 2010). No entanto, a diminuição acentuada do IG pode resultar, também, em perdas de variabilidade genética, devido a pouca contribuição desses reprodutores para a população; portanto, o equilíbrio entre manutenção da variabilidade genética e ganhos genéticos anuais deve ser procurado por aqueles que têm em vista uma maior eficiência a longo prazo (Barros, 2012).

Por outro lado, em programas de conservação genética, devido à pequena quantidade de animais disponíveis, a permanência e utilização dos animais em reprodução são prolongadas pelo maior período possível. Nesses casos, os intervalos de geração tendem a ser mais longos (Barros, 2009). De maneira geral, o IG tende a reduzir quando a população está aumentando numericamente, e tende a aumentar quando a população está diminuindo em número (Meirelles, 2018).

Os IGs que envolvem os reprodutores geralmente são mais curtos que os das matrizes, visto que os machos podem produzir maior quantidade de filhos em um espaço de tempo curto, enquanto as fêmeas produzem número limitado de progênes (Meirelles, 2018). Essas diferenças foram observadas nas raças Xalda (Goyache et al., 2003), Malpura (Gowane et al., 2014), Lori-Bakhtiari Iraniana (Sheikhloo & Abbasi, 2016), Mallorquina (Goyache et al., 2010), Baluchi Iraniana (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011), Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012), Segureña (Barros et al., 2017), Bergamacia Brasileira (Carneiro et al., 2014) e Moghani (Mokhtari et al., 2015) com intervalos de 2,76 e 3,17; 2,78 e 4,05; 2,99 e 3,81; 3,00 e 4,20; 3,07 e 3,58; 3,33 e 4,17; 3,40 e 4,12; 3,53 e 3,75 e 4,28 e 4,68 para as linha paterna e materna, respectivamente. Em um rebanho da raça Somalis Brasileira, mantido pela Embrapa, os valores verificados foram 2,79 e 4,72 para linha paterna e materna (Paiva et al., 2011). Embora IGs mais longos na linha paterna tenham sido relatados nas raças Kermani (Mokhtari et al., 2013), Morada Nova variedade branca (Rodrigues et al., 2009) e Santa Inês (Rego Neto et al., 2017), cujos valores foram 4,72 e 4,39; 5,97 e 3,95 e 6,05 e 5,30 para as linha paterna e materna respectivamente.

1.10. ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA

O índice de conservação genética (ICG) é um parâmetro que faz uma estimativa do número efetivo médio de fundadores encontrados no *pedigree* de um dado animal (Pezzini, 2010). Para determinação do ICG, são considerados fundadores os animais sem genealogia conhecida da população em estudo (Gutiérrez & Goyache, 2005). Em essência, portanto, o ICG expressa a contribuição dos fundadores no decorrer das gerações (Barros, 2009).

O ICG está fundamentado no propósito dos programas de conservação em manter o máximo possível da variedade de alelos que estavam presentes na população inicial (Carneiro, 2012). Nesse sentido, o ideal seria que os animais recebessem contribuições iguais de todos os fundadores, uma vez que, quanto mais elevado o ICG de um dado animal, maior a sua importância para a manutenção da variabilidade da raça (Alderson, 1992).

Embora na estimativa do ICG não sejam considerados os níveis de endogamia existente entre os indivíduos, os valores de ICG são relevantes para os programas de gestão de populações, visto que possibilita o controle da endogamia e a manutenção da

variabilidade genética dentro da população (Barros, 2009). Na prática, os valores de ICG podem ser usados para identificar e selecionar os indivíduos que maximizem a participação dos genes dos fundadores nas gerações subsequentes (Faria, 2016; Sheikhlou & Abbasi, 2016).

Os ICGs variam bastante em função da população estudada, sendo que nas raças Bergamácia Brasileira (Carneiro et al., 2014); Santa Inês (Rego Neto et al., 2017) e Olkuska da Polônia (Drobik & Martyniuk, 2014) os valores oscilaram de 0,77 à 5,07; 1,00 à 12,00 e 5,39 à 17,47, respectivamente.

Ressalta-se que o ICG é dependente da extensão da genealogia disponível, de tal forma que se não houver informações dos progenitores até os fundadores, o ICG será igual a metade do número efetivo da população e, portanto, idêntico para todos os descendentes (Barros, 2009). Quando não se tem o conhecimento da maioria dos progenitores ocorrerá uma equivalência entre ICG e ΔF , o que sugere considerar ΔF como único parâmetro para descrever populações de tamanho pequeno (Almeida, 2007).

REFERÊNCIAS

ACOOMIG- Associação dos Criadores de Caprinos e Ovinos de Minas Gerais. **Ovinos Somalis Brasileira**. Disponível em: < www.caprileite.com.br>. Acesso em: Dezembro. 2017.

ADÁN, S.; FERNÁNDEZ, M.; JUSTO, J.R.; RIVERO, C.J.; ROIS, D.; LAMA, J. Análisis de la información genealógica en la raza ovina ovella Galega. **Archivos de Zootecnia**, v. 56, sup. 1, p. 587-592, 2007.

AGAVIEZOR, B.O.; PETERS, S.O.; ADEFENWA, M.A.; YAKUBU, A.; ADEBAMBO, O.A.; OZOJE, M.; IKEOBI, C.O.; WHETO, M.; AJAYI, O.O.; AMUSAN, S.A.; EKUNDAYO, O.J.; SANNI, T.M.; OKPEKU, M., ONASANYA, G. O.; DONATO, M. de; ILORE, B.M.; KIZILKAYA, K.; IMUMORIN, I.G. Morphological and microsatellite DNA diversity of Nigerian indigenous sheep. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v. 3, p. 2-16, 2012.

ALBURQUERQUE, A.L.S. **Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça Pardo-Suiça no estado do Ceará**. 2010. 48p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal), Universidade Federal do Ceara, 2010.

ALDERSON, G.L.H. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In: ALDERSON, L.J.; BODÓ, I. (Eds.). **Genetic Conservation of Domestic Livestock**. Cab International, Wallingford, p. 18–29, 1992.

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

ALVES, R.G.O.; SILVA, L.O.C.; EUCLIDES FILHO, K.; FIGUEIREDO, G.R. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 6, p. 1219-1225, 1999.

ARCO - Associação Brasileira de Criadores de Ovinos. **Padrões Raciais**. Disponível em: <www.arcoovinos.com.br>. Acesso em: Dezembro. 2017.

ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLEZ, S. Population viability analysis of the Uruguayan Creole cattle genetic reserve. **Animal Genetic Resources Information**, n. 38, p. 19-33, 2006.

ARRANZ, J.; BAYÓN, Y.; PRIMITIVO, F.S. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 529-529, 2001.

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. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 104, n. 2, p. 295-302, 2008.

BARROS, E.A. **Estrutura populacional da raça ovina Segurenã e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento**. 2012. 70p. Tese (Doutorado

Integrado em Zootecnia) Universidade Federal Rural de Pernambuco / Universidade Federal da Paraíba / Universidade Federal do Ceará. 2012.

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

BARROS, E.A.; BRASIL, L.H. de.; TEJERO, J.P.; DELGADO-BERMEJO, J.V.; RIBEIRO, M.N. Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, v. 149, p. 128-133, 2017.

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.

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

BIAGIOTTI, D.; GUIMARÃES, F.F.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, G.V. dos; REGO NETO, A. A. dos; SANTOS, N.P.S.; SARAIVA, T.T.; FIGUEIREDO FILHO, L.A.S.; SENA, L.S. Uso de estatística multivariada para estudo de caracterização racial em ovinos. **Acta Tecnológica**, v. 9, n. 1, p. 16 - 26, 2014.

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

BONIFÁCIO, A.S.; LEITE, J.F.; RAYMUNDO, A.; FARIA, L.C.; BEZERRA, L.A.F.; OLIVEIRA, H.N. ; LOBO, R.B. Progresso genético e intervalo de gerações na raça Brahman no Brasil. In: XV Congresso Mundial da Raça Brahman, 2010, Uberaba. **Anais**. XV Congresso Mundial da Raça Brahman, 2010.

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

BRIQUET JUNIOR, R. **Melhoramento Genético Animal**. Editora da Universidade de São Paulo. São Paulo, p. 269, 1967.

CARNEIRO, H. **Metodologias para Otimizar a variabilidade Genética de Núcleos de conservação de raças localmente adaptadas**. 2012. 125p. Tese (Doutorado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2012.

CARNEIRO, H.; PAIVA, S.R.; LAVANDINI, H.; MIRANDA, R.M.; MCMANUS, C. Genealogical and population viability analysis of a conservation nucleus of Brazilian Bergamasca sheep. **Animal Genetic Resources**, v. 54, p.103-113, 2014.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F. e.; 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.; EUCLIDES, R.F. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 84-91, 2006.

CAROLINO, N.; LOPES, S.; GAMA, L.T. Consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo ovino da raça Churra Badana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p.229-232, 2004.

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.

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

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

DROBIK, W.; MARTYNIUK, E. Practical aspects of genetic management of small populations – The Olkaska sheep example. **Acta Agriculturae Scand Section A**, v. 64, n. 1, p. 36-48, 2014.

ETEQADI, B.; HOSSEIN-SADEH, N.G.; SHADPARVAR, A.A. Population structure and inbreeding effects on body weight traits of Guilan sheep in Iran. **Small Ruminant Research**, v. 119, p. 45-51, 2014.

FALCONER, D.S. **Introduction to Quantitative Genetics**. New York: The Ronald Press Company, 1960. 364p.

FAO. **Secondary Guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at site**. Rome FAO, p. 215, 1998.

FARIA, R.A.S. **Estrutura populacional e parâmetros genéticos da característica classe de tempo em corridas de equinos da Raça Quarto de Milha**. 2016. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Animal). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. Universidade Estadual Paulista. 2016.

FEELY, D.B.; BROPHY, P.M.V.B.; QUINN, K.M. **Characterisation of the Connemara pony population in Ireland**. International Committee of Connemara Pony Societies. Kildare St., Dublin 2. Disponível em: <<<http://www.connemarapony.org/site/characterisation-of-the-connemara-pony-population-in-ireland/>>> Acesso em 02 de dezembro de 2017.

FIGUEIRÓ, R. **Noções Básicas de Ecologia para Engenheiros**. Rio de Janeiro: Volta Redonda. 1º Ed, 2012.

FRANKLIN, I.R.; FRANKHAM, R. How large must populations be to retain evolutionary potential?. **Animal Conservation**, v. 1, n. 1, p. 69-70, 1998.

GANDINI, G.C.; OLLIVIER, L.; DANELL, B.; DISTL, O.; GEORGOUDIS, A.; GROENEVELD, E.; MARTYNIUK, E.; VAN ARENDONK, J.A.M.; WOOLLIAMS, J.A. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. **Livestock Production Science**, v. 91, p. 173–182, 2004.

GHAFOURI-KESBI, F. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi sheep using genealogical information. **Journal of Genetics**, v. 89, p. 479-483, 2010.

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

GHOLIZADEH, M.; GHAFOURI-KESBI, F. Inbreeding depression in growth traits of Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v. 144, p. 184-190, 2016.

GOWANE, G.R.; CHOPRA, A.; MISRA, S.S.; PRINCE L.L.L. Genetic diversity of a nucleus flock of Malpura sheep through pedigree analyses. **Small Ruminant Research**, v. 120, p. 35-41, 2014.

GOWANE, G. R.; PRAKASH, V.; CHOPRA, A.; PRINCE, L.L.L. Population structure and effect of inbreeding on lamb growth in Bharat Merino sheep. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 72–79, 2013.

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. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 106, n. 1, p. 3-14, 2010.

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.

GROENEVELD, L.F.; LENSTRA, J.A.; EDING, H.; TORO, M.A.; SCHERF, B.; PILLING, D.; NEGRINI, R.; FINLAY, E.K.; JIANLIN, H.; GLOBALDIV CONSORTIUM, Genetic diversity in farm animals – a review. **International Society for Animal Genetics**, v. 41, p. 6-31, 2010.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, p. 1-21, 2003.

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

HARTL, D.; CLARK L., ANDREW G. **Princípios de Genética de Populações**, 4ª EDIÇÃO – Porto Alegre: ARTMED, 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.

JOBLING, M.; HOLLOX, E.; HURLES, M.; KIVISILD, T.; TYLER-SMITH, C. **Human evolutionary genetics: origins, peoples & disease**. 2. ed. New York and London: Garland Science, p. 690, 2013.

LAAT, D.M. **Contribuição Genética de Fundadores e Ancestrais na Raça Campolina**. 2001. 44p. Dissertação (Mestrado em Genética). Universidade Federal de Minas Gerais. 2001.

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

LI, M.H.; STRANDÉN, I.; KANTANEN, J. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. **Journal Animal Science**, v. 87, p. 1598-1605, 2009.

LÔBO, R.N.B. Programas de seleção para caprinos e ovinos no Brasil. Disponível 23em:<http://www.sbpnet.org.br/livro/57ra/programas/CONF_SIMP/textos/raimund20bragalobo.htm>. Acesso em: 21. dez. 2017

LONG, J.C. The allelic correlation structure of gainj-and kalam- speaking people. I .The estimation and interpretation of Wright's F-statistics. **Genetics Society of America**, v. 112, p. 629-647, 1986.

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

MAGALHÃES, A.F.B.; FACO, O.; LOBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V. Raça Somalis Brasileira: origem, características reprodutivas e desenvolvimento ponderal. **Dados Eletrônicos**. Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, p. 29, 2010.

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

MAIWASHE, A.N.; BLACKBURN, 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.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D.M. M.R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 7, p. 713-718, 2009.

MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, J.C. Melhoramento e estrutura populacional em

- bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 43, n. 2, p. 215-220, 2008.
- 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.
- MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO A.A.; MCMANUS, C.; LOPES, M.A.; PAIVA, S.R. Present status of the conservation of livestock genetic resources in Brasil. **Livestock Science**, v. 120, p. 204-212, 2009.
- MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; RAMOS, A.F. Criopreservação de recursos genéticos animais brasileiros. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v. 35, n. 2, p. 64-68, 2011.
- MCMANUS, C.; PAIVA, S. CORRÊA, P.S.; SEIXAS, L.; MELO, C.B. de. Estatísticas para descrever genética de populações. **Informação Genético-Sanitária da Pecuária Brasileira**. Série técnica: genética. 2011.
- MEIRELLES, S.L.C. **Material de apoio para disciplina: Melhoramento genético animal**. Universidade Federal de Lavras. 2018. (Apostila de Melhoramento Animal). Disponível: <<<https://www.passeidireto.com/arquivo/4599337/melhoramento-animal---prof-sarah>>> Acesso em: 3 jan. 2018.
- MEUWISSEN, T.H.E; WOOLLIAMS, J.A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theory Applied Genetic**, v.89, p.1019-1026, 1994.
- MOKHTARI, M.S.; MARAEI-ASHTIAM.; JAFAROGHLI, M.; GUTIÉRREZ, J. P.Studying Genetic Diversity in Moghami Sheep Using Pedigree Analysis. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 17, p. 1151-1160, 2015.
- MOKHTARI, M.S.; MORADI SHAHRBABA, M.; ESMAILIZABDEH, A.K.; ABDOLLAHI-ARPANAHI, R.; GUTIÉRREZ, J.P. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 202-205, 2013.
- MORAIS, O.R.O. Melhoramento genético dos ovinos no Brasil: situação atual e perspectivas para o futuro. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: FEPMVZ, p. 266-272, 2000.
- NAVARRO, I.C. **Estructura genética del caballo de pura raza árabe español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo**. 2008. 181p. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Facultad de Veterinária/ Universidad Computense de Madrid. 2008.
- NIU, L.L.; LI, H.B.; MA, Y.H.; DU, L.X. Genetic variability and individual assignment of Chinese indigenous sheep populations (*Ovis aries*) using microsatellites. **Genetic assignment of Chinese local sheep**, v. 43, p. 108-111, 2011.

OLIVEIRA, R.R. **Demografia e estrutura populacional da raça caprina murciano-granadina na Espanha com base em análise de pedigree**. 2012. 86f. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia). Universidade Federal Rural de Pernambuco, Universidade Federal da Paraíba e Universidade Federal do Ceará, 2012.

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

PAIVA, R.D.M. **Endogamia em rebanhos caprinos da raça Saanen**. 2016. 47p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal). Universidade Federal Rural do Semi-Árido. 2016.

PAIVA, S.R.; FARIA, D.A.; LACERDA, T.; FACÓ, O.; LOBO, R.N.B.; BARRETTO, G.B.; CARNEIRO, P.L.S.; MCMANUS, C. 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, n.7, p. 1449-1457, 2011.

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

PEZZINI, T.G. **Análise da estrutura genética, da biometria e da viabilidade populacional da raça bovina Crioula Lageana**. 2010. 93p. Tese (Doutorado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2010.

PORTER, V. **Mason's World dictionary of livestock breeds, types and varieties**. 5^o Edition, CABI Publishing, 2002.

REGO NETO, A.A.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, N.P.S.; CAMPELO, J.E.G.; SENA, L.S.; BIAGIOTTI, D.; SANTOS, G.V. Population genetic structure of Santa Inês sheep in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**. v. 49, p. 1-6, 2017.

REGO NETO, A.A.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, N.P.S.; BIAGIOTTI, D.; SANTOS, G.V. dos; CAMPELO, G.E.G.; SENA, L.S.; FIGUEIREDO FILHO, L.A.S. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no Estado do Piauí. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 272-280, 2014.

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, p. 568, 2007.

SASSI-ZAIDY, Y.B.; MARETTO, F.; CHARFI-CHEIKROUHA, F.; CASSANDRO, M. Genetic diversity, structure, and breed relationships in Tunisian sheep. **Small Ruminant Research**, v. 119, p. 52-56, 2014.

SASSI-ZAIDY, Y.B.; MARETTO, F.; CHARFI-CHEIKROUHA, F.; MOHAMED-BRAHMI, A.; CASSANDRO, M. Contribution of microsatellites markers in the clarification of the origin, genetic risk factors, and implications for conservation of Tunisian native sheep breeds. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-11, 2016.

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

SHEIKLOU, M.; ABBASI, M.A. Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v. 141, p. 99-105, 2016.

SILVA, A.E.D.F.; NUNES, J.F.; RIERA, G.S.; FOOTE, W.C. Idade, peso e taxa de ovulação a puberdade em ovinos deslanados no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 23, n. 3, p.271-283, mar. 1988.

SILVA, F.L.R. da; LÔBO, R.N.B. **Raça Somalis Brasileira**. Sobral: Embrapa Caprinos, 2006. 1 folder.

SIMPLÍCIO, A.A.; RIERA, G.S.; FIGUEIREDO, E.A.P.; NUNES, J. F. Desempenho produtivo de ovelhas da raça Somalis brasileira no Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.17, n.12, p.1795-1803, 1982.

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. **Crescimento, estrutura populacional e diversidade fenotípica dos ovinos da raça Santa Inês**. 2013. 101p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2013.

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

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. Effects of Inbreeding on Production and Survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 83, n. 8, p. 1856-1864, 2000.

TINO, C.R.S. **Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros**. 2016. 82p. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia Animal) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências Agrárias e Tecnológicas de Dracena. 2016.

TOLONE, M.; MASTANGELO, S.; ROSA, A.J.M.; PORTOLANO, B. Genetic diversity and population structure of Sicilian sheep breeds using microsatellite markers. **Small Ruminant Research**, v. 102, p. 18-25, 2012.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, 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.

VASSALLO, J.M.; DÍAZ, C.; GARCÍA-MEDINA, J.R. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. **Livestock Science**, v. 15, p. 285-288, 1986.

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

VOZZI, P.A. Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da raça Nelore. 2004.58 f. **Dissertação** (Mestrado em Ciências - Área de concentração em Genética). Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo 2004.

WEI, S.; HONG, C.; HASSAN, M.H.; XIN-JUN, L.; MING-XING, C; JAMES, K. Microsatellite-Based Genetic Differentiation and Phylogeny of Sheep Breeds in Mongolia Sheep Group of China. **Agricultural Sciences in China**, v. 10, n. 7, p. 1080-1087, 2011.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution** (Nova York). v. 19, p. 395-420, 1965.

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

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

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**, v. 120, p. 218-224, 2009.

II – OBJETIVO GERAL

Objetivou-se descrever, por meio de informações dos *pedigrees*, a estrutura populacional dos ovinos da raça Somalis Brasileira.

III - MATERIAL E MÉTODOS

Os dados deste estudo, obtidos junto ao banco de dados da Associação Brasileira de Criadores de Ovinos, foram provenientes de 8.610 *pedigrees* de ovinos da raça Somalis Brasileira, nascidos no período de 1972 a 2015, pertencentes a 127 rebanhos criados em 18 estados brasileiros (Figura 5).



Figura 5. Distribuição geográfica de ovinos da raça Somalis Brasileira (Mcmanus et al., 2014)

Para a análise dos *pedigrees* e a estimação dos parâmetros populacionais foi utilizado o programa ENDOG 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005). Os parâmetros analisados foram nível de integridade do *pedigree*, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente médio de relação, coeficiente de endogamia, tamanho efetivo, índice de conservação genética e determinação da existência ou não do efeito gargalo.

O nível de integridade do *pedigree* foi caracterizado pelo cálculo do número de gerações completas, número máximo de geração e o número de gerações equivalentes. O número de gerações completas foi definido como o número de gerações que separaram o indivíduo analisado da ascendência mais distante em que os dois progenitores eram conhecidos; o número máximo de gerações, como o número de gerações que separa o indivíduo do seu ancestral mais distante e o número de gerações equivalentes foi obtido pelo somatório $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos; em que

n foi o número de gerações que separavam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

O intervalo médio de gerações foi calculado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, utilizando a equação: $L = \frac{1}{4} (LPM + LPF + LMM + LMF)$, 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.

A probabilidade de origem do gene foi estimada com base no número efetivo de fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a). O f_e , que expressou a quantidade de fundadores cuja contribuição produziu a mesma variabilidade genética encontrada na população em estudo (Verceis Filho et al., 2002), foi determinado pela equação:

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

Em que: f_e é o número efetivo de fundadores e q_k a probabilidade de o gene ser originado do fundador k e f é o número de fundadores.

O número efetivo de ancestrais (f_a), que expressou o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética total da população em estudo (Sölkner et al., 1998), foi determinado por meio da equação:

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

Em que: f_a é o número efetivo de ancestrais e q_j a contribuição marginal de um ancestral j e a é o número de ancestrais.

Para o cálculo do coeficiente de endogamia individual (F), utilizou-se o algoritmo $F_x = [\sum (1/2)^n (1+FA)]/2$; em que n é o número de gerações que ligam os dois pais do indivíduo ao ancestral comum, e FA é o coeficiente de endogamia de cada ancestral comum (Wright, 1931). Para o cálculo do coeficiente de endogamia para todo o *pedigree*, definido como a probabilidade de dois indivíduos apresentarem cópia do mesmo alelo por conta de um ascendente em comum, foi utilizado o algoritmo $F = A_i - 1$, em que A é a matriz de relação genética aditiva dos indivíduos da população (Meuwisen & Luo, 1992).

As estatísticas F , que possibilitaram analisar a mudança na frequência gênica entre as subpopulações, foram obtidas pelos coeficientes F_{is} , F_{st} e F_{it} (Wright, 1965). O F_{is} representa a probabilidade de que os dois alelos de um locus presente no mesmo indivíduo sejam idênticos por descendência; o F_{is} mede a correlação média dos genes do indivíduo com os genes da subpopulação da qual integra. O F_{st} representa a probabilidade de que dois indivíduos pertencentes a subpopulações diferentes tenham alelos idênticos por descendência; o F_{st} mede a correlação dos genes da subpopulação com os genes da população total. O F_{it} representa o desvio da frequência genotípica da população em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg; o F_{it} mede correlação dos genes do indivíduo com os genes da população total. Para determinação desses parâmetros, foram utilizadas as equações:

$$F_{is} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}} \quad F_{st} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad F_{it} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$$

Em que: \tilde{f} e \tilde{F} são, respectivamente, o coeficiente médio de relação e o coeficiente de endogamia das subpopulações; \bar{f} o coeficiente médio de relação dentro de subpopulações.

O coeficiente médio de relação (CR) foi considerado como a possibilidade de um dado gene de dois indivíduos diferentes serem oriundos de um único ancestral; o CR foi calculado por meio do algoritmo proposto por Quaas (1976): $C' = \left(\frac{1}{n}\right) 1' A$, em que A é a matriz de parentesco de tamanho $n \times n$, $1'$ é um vetor de um de ordem $1 \times n$, sendo n o número de animais.

O tamanho efetivo da população (N_e) expressou a quantidade de animais de ambos os sexos que contribuiriam para gerar a geração seguinte; o N_e foi calculado por meio da variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações, conforme sugerido por Wright (1931):

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

Em que: ΔF é o incremento relativo de endogamia por geração.

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 determinar a existência ou não do 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 utilizada a correlação de Spearman do PROC CORR do SAS, versão 9.1 ($\alpha= 0,01$).

A classificação dos rebanhos quanto a sua estrutura organizacional foi realizada conforme sugerido por Vassallo et al. (1986), com base na origem e uso dos reprodutores, em: i) Núcleo, aquele rebanho que utilizou reprodutores próprio e que ainda os comercializava; ii) Multiplicador, aquele rebanho que utilizou reprodutores próprios, adquiridos e também os comercializava; iii) Comercial, rebanho que utilizou reprodutores adquiridos ou próprios e não os comercializava e rebanho Isolado, rebanho que utilizou reprodutores do próprio rebanho, mas que não os comercializa.

O índice de conservação genética (ICG) foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores sendo estimado conforme indicado por Alderson (1992).

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

Em que: P_i é a proporção de genes do animal fundador i no *pedigree* do animal em análise.

IV - RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 8.610 *pedigrees* analisados, 69,12% apresentaram ancestrais conhecidos na primeira, 55,87% na segunda, 47,74% na terceira, 41,60% na quarta e 32,52% na quinta ascendência. A taxa de acréscimo de ancestrais conhecidos nos *pedigrees* foi de 27,92%; 14,76%; 17,03% e 23,72% da quinta à primeira ascendência, respectivamente (Figura 6).

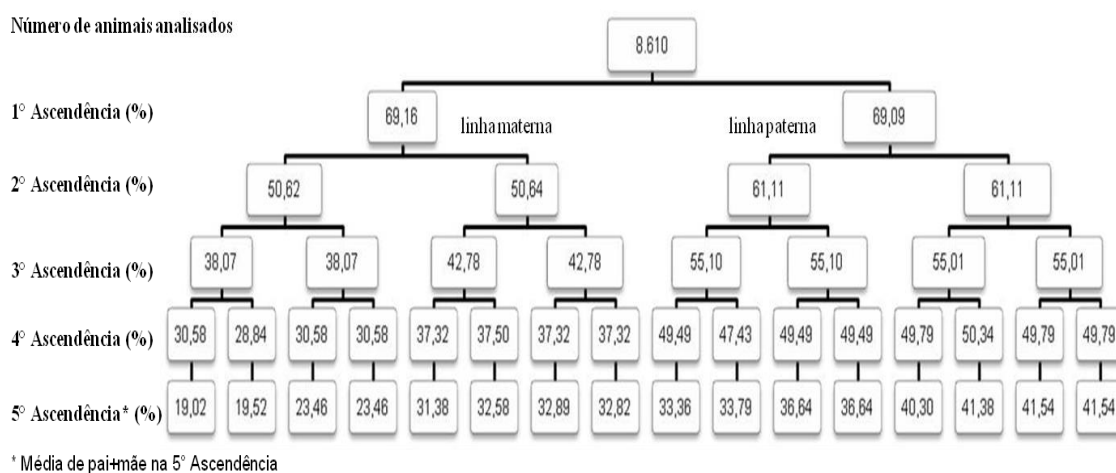


Figura 6. Integralidade do *pedigree* da raça Somalis Brasileira com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5ª ascendência.

A menor disponibilidade de informações dos ascendentes mais distantes é um fato comum nos *pedigrees* de animais de produção e pode afetar a estimação dos parâmetros populacionais. Em um estudo com a raça Santa Inês, a raça ovina com maior número de animais registrados no Brasil, foi observado que 19,14% e 46,18% dos animais não possuíam ancestrais conhecidos, na primeira e quinta ascendência, respectivamente (Teixeira Neto et al., 2013). Em outro estudo, também com a raça Santa Inês, 23,00% (1ª ascendência) e 85,00% (5ª ascendência) dos animais não possuíam ancestrais conhecidos (Pedrosa et al., 2010). No presente estudo, os percentuais de ancestrais desconhecidos verificados na primeira (30,88%) e quinta ascendência (67,48%), na raça Somalis Brasileira, foram similares ou intermediários quando comparados aos observados na raça Santa Inês.

Ao analisar os *pedigrees* ao longo dos anos foi verificado que o menor percentual de genealogia conhecida (0,27%) ocorreu no período de 1972 a 1988. No período subsequente de 1989 a 2015, o percentual foi significativamente maior, quando

75,37% dos animais apresentaram genealogia completa; sendo que 0,14% apresentaram apenas a paternidade conhecida, 0,21% apenas a maternidade e 24,28% não possuíam informações dos ascendentes. Dentro da linha paterna, o percentual de ancestrais paternos e maternos conhecidos foi diferente apenas na 5ª ascendência. Na linha materna, a partir da 3ª ascendência, o percentual de ancestrais paternos conhecidos foi maior que a de ancestrais maternos, cujas médias na 3ª, 4ª e 5ª ascendência foram 42,78% vs 38,07%; 37,36% vs 30,14% e 32,41% vs 21,36%, respectivamente. Considerando a linha materna e paterna conjuntamente, constatou-se maior percentual de ancestrais conhecidos na linhagem paterna a partir da 2ª ascendência (Figura 6).

A desuniformidade das informações contidas em linhas de ascendência materna e paterna é comumente encontrada nas análises de *pedigree*, conforme verificado na raça Mallorquina criada na região mediterrânea, na qual foi observada maior número de informações na linha paterna (Goyache et al., 2010). As diferenças no volume de informações das linhas de ascendência é, obviamente, resultante de maior ou menor controle no registro dos acasalamentos nas diferentes gerações.

O nível de integralidade do *pedigree* da raça Somalis Brasileira foi superior quando comparado a raça Mallorquina, também sob conservação, cujos valores foram 34,3%; 7,6% é praticamente nula, na primeira, segunda e quinta ascendência, respectivamente (Goyache et al., 2010). As informações de *pedigree* são importantes e estratégicas, uma vez que é a partir desses dados que são estimados os parâmetros populacionais, sendo que quanto mais completo for o *pedigree*, mais precisas serão essas estimativas (Teixeira Neto et al., 2012).

As médias do número máximo de gerações, gerações completas e gerações equivalentes de 3,84, 2,05 e 2,83, respectivamente, foram superiores às observadas na raça Segureña (Barros, 2012). No que se refere ao número de gerações equivalentes foram observados valores de 4,67 em Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), 4,70 em Valachian (Oravcová & Margetín, 2011) e 5,47 em ovinos Baluchi (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011). Desta forma conforme observado na maioria das raças sob conservação (Adán et al., 2007; Barros et al., 2017 e Rodrigues et al., 2009), fica evidente a necessidade de esforços para aumentar o conhecimento da genealogia da população da raça Somalis Brasileira.

Nos primeiros 13 anos de formação da raça (1972-1984) a quantidade de animais registrados foi pequena, com uma média de 27,30 registros anuais; ao longo de

todo período analisado (44 anos), o maior número de animais registrados/ano (488) ocorreu em 2001. Entretanto, nos últimos quatro anos houve expressiva redução no número de animais registrados com média de 90,25, sendo que no ano de 2012 apenas 57 animais foram registrados. O número de fêmeas registradas não foi superior ao número de machos exceto no ano 2012. Considerando o registro de toda população 65,74% dos animais registrados foram fêmeas e 34,26% machos; cuja proporção foi mais expressiva no ano 2000, quando 72,10% dos animais registrados foram fêmeas (Figura 7). A maior proporção de fêmeas registradas tem sido comum em outras raças da espécie ovina (Barros et al., 2017; Rodrigues et al., 2009), assim como, em outras espécies como a equina (Navarro, 2008) e bovina (Rezende et al., 2017). O desequilíbrio de número de registros em favor das fêmeas é, provavelmente, consequência da maior pressão de seleção exercida sobre os machos, uma vez que estes são utilizados em menor proporção nos sistemas de acasalamentos. Este fato torna-se preocupante no presente estudo, devido a tendência de redução expressiva no número de animais machos registrados.

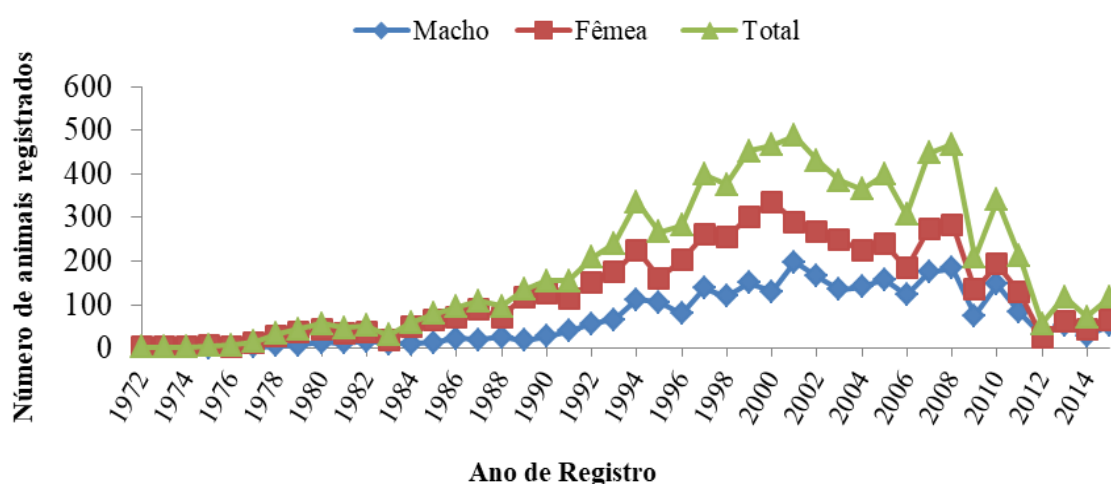


Figura 7. Número de animais da raça Somalis Brasileira registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) no período de 1972 a 2015.

A maior parte dos rebanhos, 81,10%, foi classificada como rebanhos comerciais, sendo 21,36% como comerciais I, os quais utilizaram reprodutores adquiridos ou do próprio rebanho, porém não os comercializavam e 78,64% como rebanho comerciais II, os quais utilizaram somente reprodutores adquiridos de outros rebanhos e não os

comercializavam. Os demais rebanhos (18,90%) foram classificados como multiplicadores, sendo destes 75,00% multiplicadores do tipo I, visto que utilizaram reprodutores do próprio rebanho e adquiridos de terceiros e os comercializavam e 25,00% multiplicadores do tipo II, devido ao fato que utilizaram reprodutores comprados de terceiros e os comercializavam. Não foram detectados rebanhos dos tipos, isolado e núcleo (Tabela 7).

A classificação dos rebanhos difere daquela descrita na população de ovinos da raça Santa Inês, criados no estado do Piauí, onde 43,20% dos rebanhos foram classificados como comerciais e 56,80% como rebanhos multiplicadores (Rego Neto et al., 2014). Em estudo mais abrangente com a raça Santa Inês, criados em nove estados brasileiros, 21,00% e 79,00% dos rebanhos foram classificados como Comerciais e Multiplicadores, respectivamente (Teixeira Neto et al., 2013).

Tabela 7. Classificação dos rebanhos da raça Somalis Brasileira em função da origem e formas de utilização de reprodutores

Tipo de rebanho	Reprodutores comprados	Quantidade (%)	Reprodutores próprios	Vende reprodutores	Número de rebanhos
Núcleo	Não	0	Sim	Sim	0
Multiplicador I	Sim	14,18	Sim	Sim	18
Multiplicador II	Sim	4,72	Não	Sim	6
Comercial I	Sim	17,32	Sim	Não	22
Comercial II	Sim	63,78	Não	Não	81
Isolado	Não	0	Sim	Não	0

O intervalo de gerações médio (IG) foi de $3,46 \pm 1,82$ anos, havendo similaridade dos IGs nas passagens gaméticas pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, cujos valores foram $3,43 \pm 1,92$; $3,42 \pm 1,81$; $3,37 \pm 2,07$ e $3,51 \pm 1,79$, respectivamente. O IG é influenciado pela idade reprodutiva inicial dos reprodutores e matrizes, intervalo de partos e pelo tempo de permanência desses animais no rebanho (Teixeira Neto et al., 2013). Em programas de melhoramento genético é desejável que o intervalo de geração seja mantido em torno de 3,0 anos (Ghafouri-Kesbi, 2012), visto que há redução do ganho genético anual quando esse valor é maior (Bonifácio et al., 2010). A diminuição da idade ao primeiro parto e do intervalo de partos, bem como a utilização de machos

jovens por curto período tem sido sugerida como ferramenta para a redução do IG médio (Malhado et al., 2008). Ressalta-se que a não comunicação de 100% dos animais junto a associação de controle genealógico pode ter superestimado os valores de IG.

Em populações menores, em risco de extinção, o IG tende a ser maior, a exemplo das raças Segureña com 3,79 (Barros et al., 2017), Morada Nova variedade branca com 4,98 (Rodrigues et al., 2009); Navajo Churro 4,00 (Maiwashe & Blackburn, 2004) e na raça Galega, Asovega 4,56 e Inorde 3,67 (Adán et al., 2007). Entretanto, em populações numericamente mais expressivas, os valores são geralmente mais baixos como é o caso das raças Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), Finnsheep (Li et al., 2009) Guilan (Eteqadi et al., 2014), cujos valores de IG foram 3,22, 2,85 e 2,38, respectivamente. Em raças que se encontram em programas de conservação, o IG mais elevado pode favorecer a manutenção da diversidade genética uma vez que os reprodutores terão maiores chances de deixarem maior número de descendentes (Oliveira et al., 2016), desde que haja controle dos acasalamentos. Assim, os valores médios de IG nas diferentes passagens gaméticas verificados na raça Somalis Brasileira encontram-se em um ponto intermediário que possibilita o melhoramento e a manutenção da variabilidade genética.

O coeficiente de relação médio (CR) apresentou alterações ao longo dos anos, com o valor médio baixo (0,09%) nas duas primeiras décadas de formação da raça. O CR médio em todo período estudado foi 3,94%, sendo que nas três últimas décadas houve elevação gradual de 1,15% para 6,55%, quando foi observado o maior CR (11,35%) individual (Figura 8). Os valores de CR são de grande utilidade em programas de conservação e gerenciamento da diversidade genética de uma população (Rodrigues et al., 2009; Mokhtari et al., 2013; Oliveira et al., 2016), uma vez que possibilitam estimar a endogamia a longo prazo (Goyache et al., 2010), sendo que valores acima de 2,1% são considerados altos (Ghafouri-Kesbi, 2012). Valores de CR médio de 0,17%; 0,63%; 1,8%; 2,1%; 3,87%; 4,08% e 4,23% foram encontrados nas raças Mallorquina (Goyache et al., 2010), Galega Asovega (Adán et al., 2007), Xalda (Goyache et al., 2003), Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012), Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), Galega Inorde (Adán et al., 2007) e Merino Bharat (Gowane et al., 2013) respectivamente.

O valor elevado de CR médio verificado no presente estudo sugere a necessidade de controle mais rigoroso dos acasalamentos, uma vez que o CR alto indica que alguns reprodutores têm sido utilizados de forma mais intensa. A seleção e uso dos

reprodutores com baixos valores de CR possibilitam aumento da variabilidade genética da raça.

A endogamia (F) foi nula no período de 1972 a 1991; no período de 1992 a 2006 ocorreram oscilações com tendência crescente, alcançando o valor de 17,33% em 2006; a partir de 2007, houve decréscimo até atingir o valor de 9,34% em 2011. Em 2012-2013 a endogamia subiu abruptamente, atingindo o patamar mais elevado de todo o período estudado (17,42%) e manteve-se alta nos últimos, acima de 10,00% (Figura 8).

Na fase inicial da formação das raças, a ocorrência de “valores nulos” de endogamia e CR, com subsequente elevação, parece ser uma situação comum. De maneira similar ao verificado no presente estudo, nas raças Morada Nova variedade branca (Rodrigues et al., 2009) e a mediterrânea Mallorquina (Goyache et al., 2010) os valores de endogamia também foram nulos nos primeiros anos de controle genealógico desses grupos genéticos. Ressalta-se que os “valores nulos” de endogamia verificada em estudos dessa natureza não deve ser interpretada como resultante da inexistência de animais endogâmicos na população e sim como consequência da indisponibilidade de informações dos animais ancestrais, o que impossibilita a determinação desse parâmetro.

Analisando todos os indivíduos registrados durante todo os 44 anos foi encontrado o coeficiente médio de endogamia de 8,55%, entretanto, esse parâmetro alcançou o valor médio de 13,69% nos últimos 14 anos. Apesar da baixa disponibilidade de informações sobre os animais ancestrais nos primeiros 20 anos de formação da raça, verificou-se que 43,60% da população (3.754 indivíduos) era endogâmica, com F médio de 19,62%; dentre os indivíduos endogâmicos, 80,42% e 3,49% apresentaram valor de $F > 10,00\%$ e $> 40,00\%$, respectivamente (Figura 8).

Tem sido sugerido que os valores médios de F devem ser inferiores a 10% visto que valores mais altos podem predispor a população à ocorrência de depressão por endogamia (Paiva et al., 2011), o que leva a redução do valor médio de caracteres quantitativos (Barros, 2012). Níveis de endogamia acima de 10% foram associados com maior idade ao parto e redução no comprimento da lactação na espécie bovina (Thompson et al., 2000).

Considerando que o uso intenso de poucos reprodutores pode favorecer elevação de laços genéticos entre esses indivíduos (Santos et al., 2016); os expressivos valores de endogamia verificados nos últimos anos na raça Somalis Brasileira sugerem

ocorrência de acasalamento entre indivíduos com elevado grau de parentesco. Por outro lado, os valores de endogamia podem estar subestimados considerando a ausência de informações no início da formação da raça.

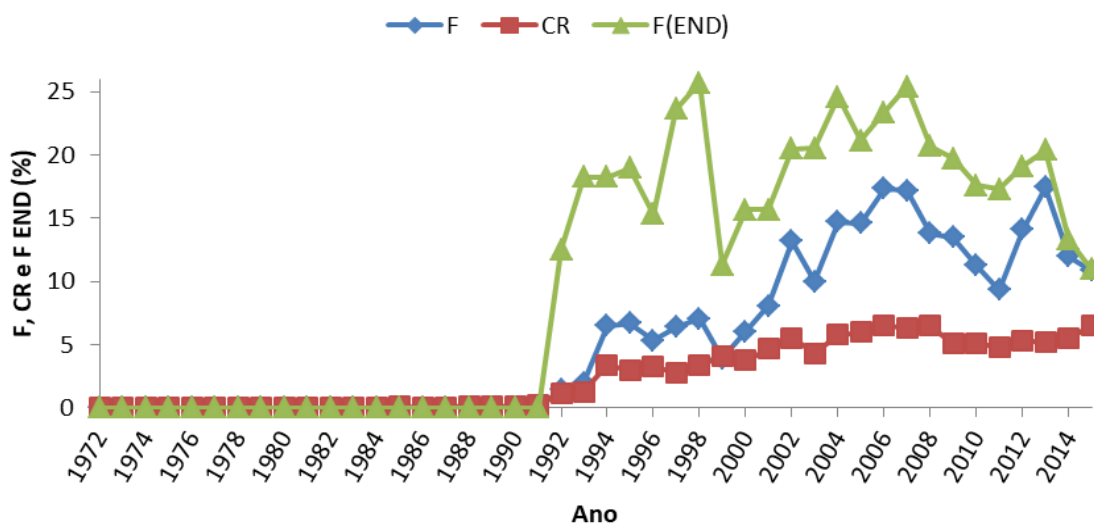


Figura 8. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F(END) em ovinos da raça Somalis Brasileira no período de 1972-2015.

Os valores de F_{it} e F_{is} foram 0,067157 e -0,028657, respectivamente. Já o valor de F_{st} , que expressa a distância genética entre as subpopulações, foi 0,093144, indicando ocorrência de fluxo gênico entre os rebanhos. Quando quantidade expressiva de reprodutores é utilizada em diferentes rebanhos há elevado fluxo de genes e o valor de F_{st} é mais elevado. O valor moderado de F_{st} encontrado sugere que apenas um pequeno número de reprodutores tem sido utilizado em diferentes rebanhos, a despeito do fato que todos os rebanhos analisados utilizaram reprodutores externos.

Nas raças/tipos nativas da Tunísia (Sassi-Zaidy et al., 2016; 2014), Merino (Azor et al., 2008), ovelhas Sicilianas (Tolone et al., 2012), Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013), Bergamacia Brasileira (Carneiro, 2012), ovelhas indígenas da China (Niu et al., 2011), ovelhas indígenas Nigerianas (Agaviezor et al., 2012) e Churra (Calvo et al., 2011) foram encontrados valores moderados de F_{st} : 0,007; 0,030; 0,035; 0,049; 0,055; 0,069; 0,077; 0,088 e 0,121 respectivamente. Na raça Morada Nova variedade branca (Rodrigues et al., 2009) foi encontrado valor alto de F_{st} : 0,200. Por outro lado, valores muito altos variando de 0,363 a 0,77, foram descritos em ovinos nativos da China (Wei

et al., 2011) e nas raças espanholas Churra, Latxa, Castellana, Aragonesa e Merino (Arranz et al., 2001).

Os dez principais fundadores foram responsáveis por 36,99% da variabilidade genética da população, sendo que os quatro principais, todos machos, tiveram 161 progênes e contribuíram com 21,72% da variabilidade total da raça (Tabela 8). A contribuição deixada pelos animais fundadores depende do número de descendentes (Farias et al., 2011), assim, embora o 8º principal fundador tenha tido apenas uma progênie, sua contribuição foi de 2,37% devido ao expressivo número de descendentes.

A análise da contribuição dos fundadores e ancestrais é relevante para medir a variabilidade genética e verificar o direcionamento dos acasalamentos na população (Vozzi, 2004). É oportuno lembrar que os animais fundadores são aqueles indivíduos, com pai e mãe desconhecidos, que formam a população base; os ancestrais, por sua vez, são aqueles indivíduos que apresentam maior contribuição que seus ascendentes para a variabilidade total da população; um dado ancestral também pode ser um fundador (Navarro, 2008).

Tabela 8. Coeficiente de relação (CR) dos fundadores e contribuição dos ancestrais de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Somalis Brasileira

Classificação	Fundador			Ancestral		
	Sexo	CR (%)	Ano de nascimento	Sexo	Contribuição* (%)	Ano de nascimento
1º	Macho	7,77	1988	Macho	11,67	1997
2º	Macho	5,10	1990	Macho	11,26	1988
3º	Macho	4,74	1988	Macho	7,48	1994
4º	Macho	4,11	1990	Fêmea	5,31	1989
5º	Fêmea	3,67	1989	Macho	4,13	1985
6º	Macho	2,86	1985	Macho	3,94	1988
7º	Fêmea	2,61	1992	Macho	3,65	1990
8º	Fêmea	2,37	1989	Macho	3,22	1993
9º	Fêmea	1,98	1989	Fêmea	2,86	1989
10º	Macho	1,78	1987	Macho	2,57	1987

* Contribuição para a variabilidade genética

O número total de fundadores foi 780 indivíduos e o número efetivo de fundadores (fe) foi 26 (3,3%), o que evidencia a ocorrência de efeito fundador. Quando o número efetivo de fundadores é muito pequeno em relação a população base

referência significa que poucos machos foram utilizados como reprodutores e que a raça foi construída a partir de uma base genética estreita (Barros et al., 2011; Gowane et al., 2013). O menor número de fundadores possibilita a ocorrência do efeito fundador, o qual reduz o tamanho efetivo da população e a variação genética dentro da população, aumentando a homozigose e a perda de alelos pela deriva genética (Teixeira Neto et al., 2012).

O número total de ancestrais foi 785 e o número efetivo de ancestrais (f_a) foi 23 (2,9%), sendo que os oito principais (sete machos e uma fêmea) contribuíram com 50,66% da variabilidade genética da raça (Figura 8). A quantidade média de progênie deixadas pelos sete principais e demais ancestrais machos foram 75,3 e 29,1, respectivamente; destacando que os dois principais ancestrais deixaram 3.940 descendentes, correspondendo a uma contribuição de 22,93% para a variabilidade genética total da raça.

Nas raças Merino (Azor et al., 2008) e Segureña (Barros et al., 2017) foram necessários considerar 304 e 425 ancestrais, respectivamente, para explicar 50% da contribuição genética encontrada nas populações. Em comparação com os achados do presente estudo, observa-se expressiva contribuição individual dos principais ancestrais para a variabilidade genética da raça Somalis Brasileira (Figura 9), indicando que em gerações mais atuais houve aumento do uso intensivo de alguns reprodutores.

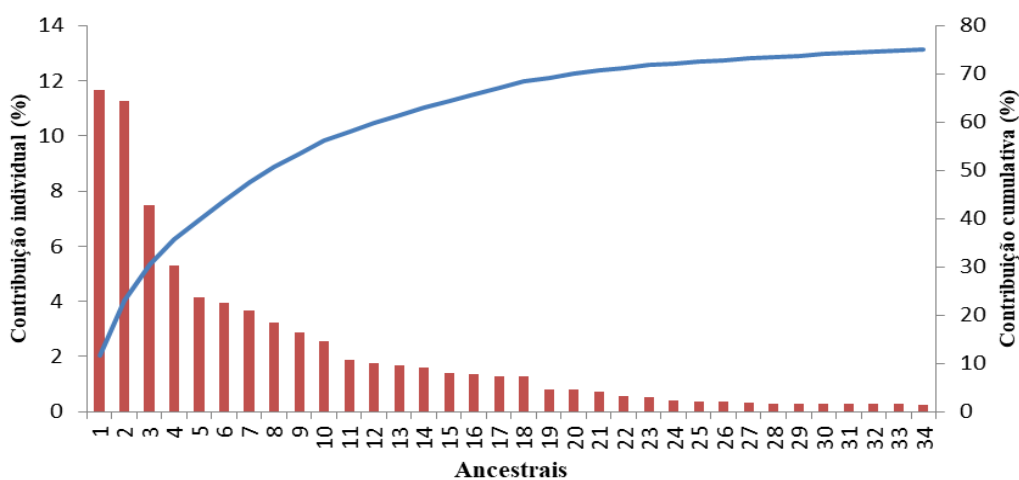


Figura 9. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais de maior importância para a variabilidade genética da raça Somalis Brasileira

Apesar da elevada correlação (0,99) entre animais fundadores e ancestrais ($P < 0,01$), a relação entre número efetivo de fundadores e de ancestrais (f_e/f_a) foi 1,13, sugerindo a ocorrência de discreto efeito gargalo. O f_a complementa o f_e por considerar, adicionalmente, as perdas da variabilidade genética ocasionadas pelo uso desbalanceado de reprodutores (Barros, 2012). Ressalta-se que quanto maior a distância entre f_e e f_a , menor a participação de todos os animais fundadores na população ao longo das gerações, indicando a ocorrência do chamado efeito gargalo; o ideal é que o f_e seja igual ao f_a ($f_e/f_a=1$) ou que esta diferença seja a menor possível (Boichard et al., 1997). Valores de 1,37 na raça Merino Bharat (Gowane et al., 2013) e 2,07 na raça Kermani (Mokhtari et al., 2013) indicaram ocorrência do efeito gargalo em intensidades diferentes, sendo que na última raça, o efeito ocorreu de forma bastante intensa.

O tamanho efetivo (N_e) apresentou valores nulos nos primeiros anos de formação da raça; posteriormente, ocorreram dois períodos de incremento (1985-1993 e 2000-2011), seguidos de períodos de decréscimos expressivos. Os dois maiores valores ocorreram nos períodos de 1991-1993 ($N_e = 35,63$) e 2006-2008 ($N_e = 54,78$), enquanto que os valores mais baixos, após os picos, foram 12,45 e 16,82, respectivamente (Figura 10). Os baixos valores encontrados ao longo do período analisado podem ter sido influenciados pelo pequeno número de reprodutores (machos e fêmeas) e/ou pelo elevado número de progênes de alguns machos.

O N_e é definido como o tamanho de uma população idealizada, composta por reprodutores e matrizes, que perde variação na mesma taxa que a população em estudo em um dado momento (Barros, 2009; Gutiérrez et al., 2003; Wright, 1965). O N_e tem sido usado como indicador da variabilidade genética (Barros, 2012), constituindo-se assim em um parâmetro chave no processo de conservação de um dado grupo genético (Barros, 2009). Na raça Santa Inês foram encontrados N_e de 76,0 (Pedrosa et al., 2010) e 172,5 (Teixeira Neto et al., 2013); nas raças Elsenburg Dormer (Wyk et al., 2009) e Merino Bharat (Gowane et al., 2013), ambas em conservação, os valores foram 32,68 e 89,29, respectivamente. Os valores encontrados na raça Somalis Brasileira requerem atenção visto que N_e menores que 50 possibilitam perda da variabilidade, levando a uma situação de risco de uma população (FAO, 1998).

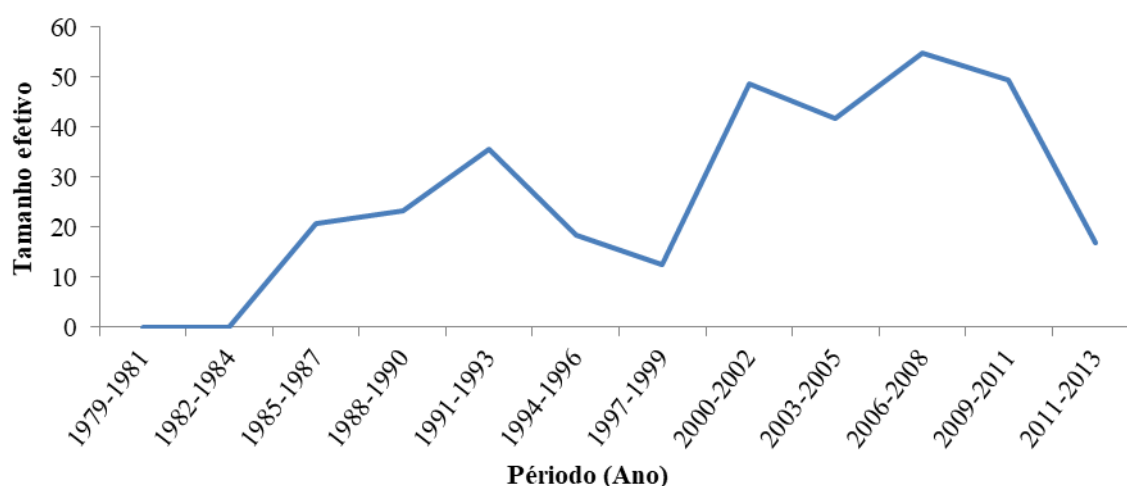


Figura 10. Tamanho efetivo da população de ovinos da raça Somalis Brasileira no período de 1979 a 2013

O índice de conservação genética (ICG) individual variou de 1 a 17,43, com média geral de 3,98; ao considerar toda a população, 30,71% (2.644) dos indivíduos apresentaram ICG igual a 1,0 e quase metade (49,86%) apresentou $ICG \leq 3,0$. Por outro lado, 1,04% (90) dos indivíduos apresentaram $ICG > 13,0$ e desses apenas 0,03% (3), apresentaram $ICG > 17,0$ (Figura 11). Quanto a distribuição dos ICGs em função do sexo verificou-se que 40,02% (2.265) das fêmeas e 12,85% (379) dos machos apresentaram ICG de 1,0. Entretanto os percentuais de machos que apresentaram $ICG > 1,0$ até 12,0 foi superior ao de fêmeas. No que se refere a variação do ICG entre a subpopulações, um achado interessante foi a identificação de um rebanho com ICG médio de 10,43, cujos valores extremos foram 5,72 e 17,43. Os três animais desse rebanho (um macho e duas fêmeas) com maior ICG apresentavam em seus *pedigrees* 65% dos fundadores efetivos (17/26), se constituindo assim em “reprodutores” estratégicos para a manutenção da variabilidade genética da raça.

Os programas de conservação de raças têm como uma das principais metas a manutenção da variedade dos alelos presentes na população inicial (Carneiro, 2012), e o ICG constitui-se em um parâmetro estratégico nesse sentido, uma vez que estima o número efetivo médio de fundadores presentes no *pedigree* dos animais em análise (Pezzini, 2010); quanto maior o valor do ICG de um animal, mais alto é o seu valor para a manutenção da variabilidade genética da raça a que pertence (Paiva et al., 2011).

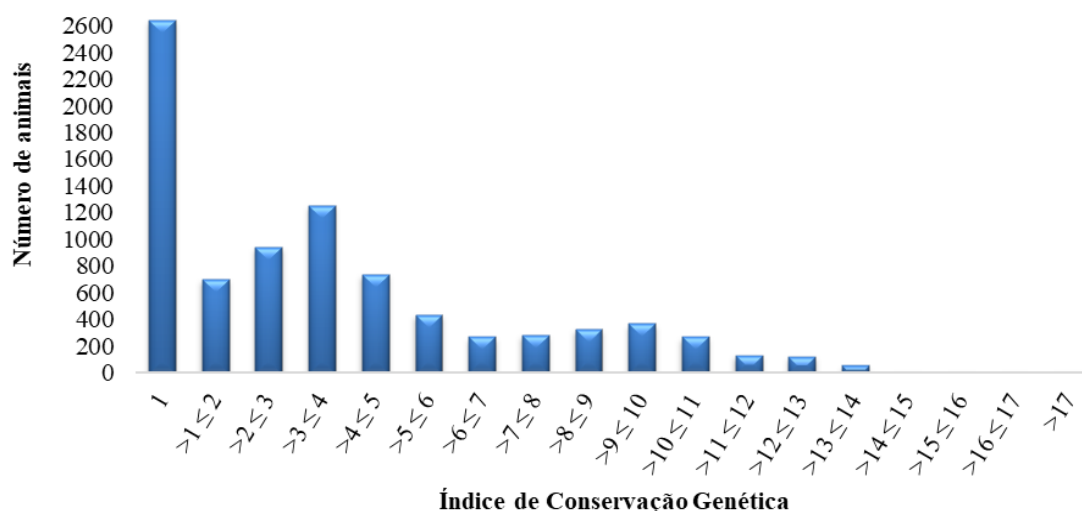


Figura 11. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Somalis Brasileira

Nas primeiras duas décadas de formação da raça, o ICG se manteve relativamente constante, com valor médio em torno de 1,0; na terceira e quarta década o valor médio do ICG foi 2,27 e 5,10, respectivamente. O ICG médio anual variou entre 1 e 10,17, sendo que o valor mais elevado foi observado no ano mais recente. Nos últimos 28 anos, ocorreu uma elevação gradual ICG com incremento médio anual de 0,36 (Figura 12). O aumento gradual do ICG pode estar associado ao rápido crescimento da população e ao incremento dos níveis de troca de reprodutores entre os rebanhos (Drobik & Martyniuk, 2014). Além da influência do aumento expressivo da população da primeira para a segunda década de formação da raça, o incremento progressivo do ICG, provavelmente, foi também resultante do uso de reprodutores de diferentes “linhagens” de fundadores.

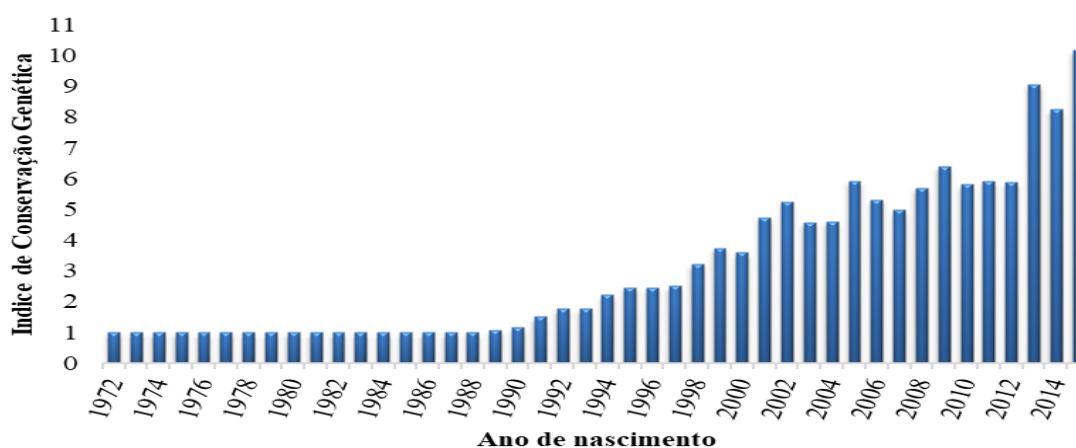


Figura 12. Índice de Conservação Genética por ano de nascimento da raça Somalis Brasileira.

V – CONCLUSÕES

O nível de integralidade do *pedigree* da raça Somalis Brasileira é baixo, entretanto, devem ser envidados esforços no sentido de conscientizar aos criadores sobre a importância do registro das informações genealógicas;

O uso intenso de alguns indivíduos, os quais deixaram quantidade elevada de descendentes, contribuiu para redução do número efetivo de fundadores, tendo sido evidenciado a ocorrência do efeito fundador e, em menor escala, do efeito gargalo;

Parcela expressiva de indivíduos da raça Somalis Brasileira apresenta coeficientes de endogamia consideravelmente altos, especialmente, nas últimas duas décadas, cujos valores têm se mantido acima do nível recomendável;

Existem indivíduos portadores de alelos da maioria dos fundadores efetivos, os quais podem ser utilizados de maneira direcionada para manutenção da diversidade genética da raça Somalis Brasileira.

REFERÊNCIAS

- ADÁN, S.; FERNÁNDEZ, M.; JUSTO, J.R.; RIVERO, C.J.; ROIS, D.; LAMA, J. Análisis de la información genealógica en la raza ovina ovella Galega. **Archivos de Zootecnia**, v. 56, sup. 1, p. 587-592, 2007.
- AGAVIEZOR, B.O.; PETERS, S.O.; ADEFENWA, M.A.; YAKUBU, A.; ADEBAMBO, O.A.; OZOJE, M.; IKEOBI, C.O.; WHETO, M.; AJAYI, O.O.; AMUSAN, S.A.; EKUNDAYO, O.J.; SANNI, T.M.; OKPEKU, M., ONASANYA, G. O.; DONATO, M. de; ILORE, B.M.; KIZILKAYA, K.; IMUMORIN, I.G. Morphological and microsatellite DNA diversity of Nigerian indigenous sheep. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v. 3, p. 2-16, 2012.
- ALDERSON, G.L.H. **A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations**. In: Alderson, L.J., Bodó, I. (Eds.), Genetic Conservation of Domestic Livestock. Cab International, Wallingford, p. 18–29, 1992.
- ARRANZ, J.; BAYÓN, Y.; PRIMITIVO, F.S. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. **Genetics Selection Evolution**, v. 33, p. 529-529, 2001.
- 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. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 104, n. 2, p. 295-302, 2008.
- BARROS, E.A. **Estrutura populacional da raça ovina Segureña e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento**. 2012. 70p. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia) Universidade Federal Rural de Pernambuco / Universidade Federal da Paraíba / Universidade Federal do Ceará. 2012.
- BARROS, E.A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí**. 2009. 63p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia – Produção Animal) Universidade Federal Rural de Pernambuco. 2009.
- BARROS, E.A.; BRASIL, L.H. de.; TEJERO, J.P.; DELGADO-BERMEJO, J.V.; RIBEIRO, M.N. Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, v. 149, p. 128-133, 2017.
- 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.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, p. 5-23, 1997.
- BONIFÁCIO, A.S.; LEITE, J.F.; RAYMUNDO, A.; FARIA, L.C.; BEZERRA, L.A. F.; OLIVEIRA, H.N. ; LOBO, R.B. Progresso genético e intervalo de gerações na raça

Brahman no brasil. In: XV Congresso Mundial da Raça Brahman, 2010, Uberaba. **Anais**. XV Congresso Mundial da Raça Brahman, 2010.

CALVO, J.H. et al. Genetic diversity in the Churra tensina and Churra lebrijana endangered Spanish sheep breeds and relationship with other Churra group breeds and Spanish mouflon. **Small ruminant research**, v. 95, n. 1, p. 34-39, 2011.

CARNEIRO, H. **Metodologias para Otimizar a variabilidade Genética de Núcleos de conservação de raças localmente adaptadas**. 2012. 125p. Tese (Doutorado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2012.

DROBIK, W.; MARTYNIUK, E. Practical aspects of genetic management of small populations – The Olkuska sheep example. **Acta Agriculturae Scand Section A**, v. 64, n. 1, p. 36-48, 2014.

ETEQADI, B.; HOSSEIN-SADEH, N.G.; SHADPARVAR, A.A. Population structure and inbreeding effects on body weight traits of Guilan sheep in Iran. **Small Ruminant Research**, v. 119, p. 45-51, 2014.

FAO. **Secondary Guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at site**. Rome FAO, p. 215, 1998.

FARIAS, T.J.; TEIXEIRA NETO, M.R.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; RAMOS, A.A.; ARAÚJO, A.A. de. Variabilidade Genética de Búfalos da Raça Mediterrâneo do Brasil com Base na Análise de Pedigree. **Revista Científica Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 49-53, 2011.

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

GOWANE, G.R.; PRAKASH, V.; CHOPRA, A.; PRINCE, L.L.L. Population structure and effect of inbreeding on lamb growth in Bharat Merino sheep. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 72-79, 2013.

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. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 106, n. 1, p. 3-14, 2010.

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.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑON, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, p. 1-21, 2003.

- GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on Endog: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p. 172-176, 2005.
- LI, M.-H.; STRANDÉN, I.; KANTANEN, J. Genetic diversity and pedigree analysis of the Finnsheep breed. **Journal Animal Science**, v.87, p.1598-1605, 2009.
- MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of french dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, v. 14, p. 49-54, 1996.
- MAIWASHE, A.N.; BLACKBURN, 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.; 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, 2008.
- MCMANUS, C.M.; HERMUCHE, P.; PAIVA, S.R.; MORAIS, J.C.F.; PAULA, F.; MELO, C.B.; MENDES, C.Q. Distribuição geográfica genética de raças de ovinos no Brasil e sua relação com fatores ambientais e climáticos, como a classificação de risco para a conservação. **Bagé: ARCO**, 2014.
- MEUWISSEN, T.I.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, p. 305-313, 1992.
- MOKHTARI, M.S.; MORADI SHAHRBABAK, M.; ESMAILIZABDEH, A.K.; ABDOLLAHI-ARPANAHI, R.; GUTIÉRREZ, J.P. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 202-205, 2013.
- NAVARRO, I.C. **Estructura genética del caballo de pura raza árabe español y su influencia en razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en el cálculo del tamaño efectivo**. 2008. 181p. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Facultad de Veterinaria/ Universidad Computense de Madrid. 2008.
- NIU, L.L.; LI, H.B.; MA, Y.H.; DU, L.X. Genetic variability and individual assignment of Chinese indigenous sheep populations (*Ovis aries*) using microsatellites. **Genetic assignment of Chinese local sheep**, v. 43, p. 108-111, 2011.
- OLIVEIRA, R.R.; BRASIL, L.H.A.; DELGADO, J.V.; PEGUEZUELOS, J.; LEÓN, J.M.; GUEDES, D.G.P.; ARANDAS, J.K.G.; RIBEIRO, M.N. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. **Small Ruminant Research**, v. 144, p. 170-175, 2016.
- ORAVCOVÁ, M.; MARGETÍN, M. Preliminary assessment of trends in inbreeding and average relatedness of the former Valachian sheep. **Slovak Journal Animal Science**, v. 44, n. 3, p. 90-96, 2011.
- PAIVA, S.R.; FARIA, D.A.; LACERDA, T.; FACÓ, O.; LOBO, R.N.B.; BARRETTO, G.B.; CARNEIRO, P.L.S.; MCMANUS, C. 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, n.7, p. 1449-1457, 2011.

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

PEZZINI, T.G. **Análise da estrutura genética, da biometria e da viabilidade populacional da raça bovina Crioula Lageana**. 2010. 93p. Tese (Doutorado em Ciências Animais). Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2010.

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

REGO NETO, A.A.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, N.P.S.; BIAGIOTTI, D.; SANTOS, G.V. dos; CAMPELO, G.E.G.; SENA, L.S.; FIGUEIREDO FILHO, L.A.S. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no Estado do Piauí. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 15, n. 2, p. 272-280, 2014.

REZENDE, M.P.G.; CONDE, E.A.S.L.; BORGES, A.C.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, P.; MALHADO, C.H.M. Estrutura populacional do rebanho nelore criado no semiárido do Nordeste Brasileiro. **Ciência Animal Brasileira**, v. 18, p. 1-14, 2017.

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

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.

SANTOS, N.P.S; SARMENTO, J.L.R; CARVALHEIRO, R; CAMPELO, J.E.G; SOUSA, W.H; FIGUEIREDO FILHO, L.A.S; REGO NETO, A.A; BIAGIOTTI, D. Contribuição genética ótima aplicada à seleção de ovinos Santa Inês. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 51, n. 6, p. 745-750, 2016.

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

SASSI-ZAIDY, Y.B.; MARETTO, F.; CHARFI-CHEIKROUHA, F.; CASSANDRO, M. Genetic diversity, structure, and breed relationships in Tunisian sheep. **Small Ruminant Research**, v. 119, p. 52-56, 2014.

SASSI-ZAIDY, Y.B.; MARETTO, F.; CHARFI-CHEIKROUHA, F.; MOHAMED-BRAHMI, A.; CASSANDRO, M. Contribution of microsatellites markers in the clarification of the origin, genetic risk factors, and implications for conservation of Tunisian native sheep breeds. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 1, p. 1-11, 2016.

SÖLKNER, J.; FILIPCIC, L.; HAMPSHIRE, N. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. **Animal Science**, v. 67, p. 249-256, 1998.

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. da.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; BOZZI, R.; MALHADO, C.H.M. Genetic variability in Mediterranean buffaloes evaluated by pedigree analysis. **Ciência Rural**, v. 42, n. 11, p. 2037-2042, 2012.

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

THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. Effects of Inbreeding on Production and Survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, v. 83, n. 8, p. 1856-1864, 2000.

TOLONE, M.; MASTANGELO, S.; ROSA, A.J.M.; PORTOLANO, B. Genetic diversity and population structure of Sicilian sheep breeds using microsatellite markers. **Small Ruminant Research**, v. 102, p. 18-25, 2012.

VASSALLO, J.M.; DÍAZ, C.; GARCÍA-MEDINA, J.R. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. **Livestock Production Science**, v. 15, p. 285-288, 1986.

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

VOZZI, P.A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da raça Nelore**. 2004. 58p. Dissertação (Mestrado em Ciências - Área de concentração em Genética). Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo 2004.

WEI, S.; HONG, C.; HASSAN, M.H.; XIN-JUN, L.; MING-XING, C; JAMES, K. Microsatellite-Based Genetic Differentiation and Phylogeny of Sheep Breeds in Mongolia Sheep Group of China. **Agricultural Sciences in China**, v. 10, n. 7, p. 1080-1087, 2011.

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

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution** (Nova York). v. 19, p. 395-420, 1965.

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**, v. 120, p. 218-224, 2009.