



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

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE
GENÉTICA DE CAPRINOS DAS RAÇAS BOER E
ANGLO-NUBIANA NO BRASIL**

Autor: Jennifer Souza Figueredo
Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2023

JENNIFER SOUZA FIGUEREDO

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE
GENETICA DE CAPRINOS DAS RAÇAS BOER E
ANGLO-NUBIANA NO BRASIL**

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

Orientador: Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Coorientador: Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Março de 2023

UESB

JENNIFER SOUZA FIGUEREDO

DOCTORADO

2023

636.39 Figueredo, Jennifer Souza.

F495e Estrutura populacional e diversidade genética de caprinos das raças Boer e Anglo-Nubiana no Brasil. / Jennifer Souza Figueredo. – Itapetinga-BA: UESB, 2023.

61f.

Tese apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, no Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Área de Concentração em Produção de Ruminantes. Sob a orientação do Prof. D. Sc. Carlos Henrique Mendes Malhado e coorientação do Prof. D. Sc. Jurandir Ferreira da Cruz.

1. Caprinos - Estrutura populacional e diversidade genética. 2. Boer - Estrutura populacional e diversidade genética. 3. Anglo-Nubiana - Estrutura populacional e diversidade genética. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Programa de Pós-Graduação de Doutorado em Zootecnia, *Campus* de Itapetinga. II. Malhado, Carlos Henrique Mendes. III. Cruz, Jurandir Ferreira da. IV. Título.

CDD(21): 636.39

Catálogo na Fonte:

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

Índice Sistemático para desdobramentos por Assunto:

1. Caprinos - Conservação genética
2. Caprinos - Parâmetros endogamia
3. Caprinos - *Pedigree* - Melhoramento genético

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

Campus Itapetinga-BA

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: "Estrutura populacional e diversidade genética de caprinos da raça Boer e Anglo-Nubiana no Brasil".

Autor (a): Jennifer Souza Figueredo

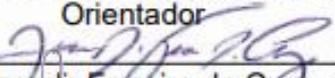
Orientador (a): Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado

Co-orientador (a): Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

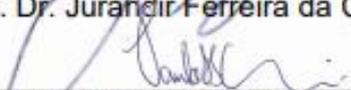
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:



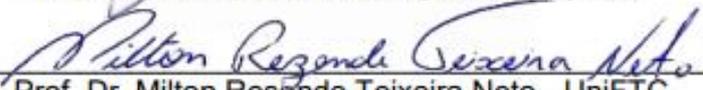
Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado - UESB
Orientador



Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz - UESB



Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro - UESB



Prof. Dr. Milton Resende Teixeira Neto - UniFTC



Prof. Dr. Bruno Lopes Bastos - UFBA

Data de realização: 10 de março de 2023

“Sonhe, mesmo que seu início seja humilde, o seu futuro será muito prospero”

Trecho “So far away, BTS”

A

minha mãe, pelo
apoio e amor incondicional

A

minha irmã e tia Tinda
pelo estímulo

A

todas as vítimas de Covid-19, que mostraram o que
acontece quando a ciência não é valorizada

...

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida, guiar meus passos, por ter me dado à oportunidade de chegar até aqui, e por sempre me proteger e me dar forças para vencer todos os desafios.

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste trabalho; à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos professores, Dr. Jurandir Ferreira da Cruz e Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado, pela oportunidade e disponibilidade em me orientar e por todos os ensinamentos.

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

Aos amigos do Laboratório de Reprodução de Caprinos e Ovinos- Milton, Bruno, Vanessa, Lorena, Gil, Adriano, Jhon, Lana, Andrei, Emmilly pela amizade e ajuda incondicional ao logo dessa jornada; por toda dedicação e principalmente pela amizade que pretendo levar para a vida.

Ao amigo Nildo por toda ajuda e pela confiança na pesquisa sem sua ajuda esse trabalho não seria o mesmo e aos professores Dr. Milton Rezende e Dr. Bruno Bastos, pela parceria e pelo apoio incansável.

Aos amigos Lorena, Vanessa, Victor, Rosi, Nat, Anne, Larisse, Renata e Ceres pela amizade e força e em especial Ceres, Lorena e Vanessa pela ajuda incondicional independente de qualquer distância.

Aos meus primos: Jeferson pela energia positiva e resenhas e Alécio por ser fundamental na minha caminhada.

A minha mãe Nailza, minha irmã Talita, minha tia Irailza e minha afilhada Virginia, por serem exemplos de amor, lealdade, fraternidade, amizade e força durante períodos difíceis para todos. Muito obrigada por estarem presentes e me dando tanto suporte e incentivo para alcançar meus objetivos. Ao BTS por me dar esperança, força e alegria.

E a todos que de alguma forma contribuíram para a conclusão de mais essa etapa. Muito obrigado!

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 Agrônômica, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia *campus* de Vitoria da Conquista. Durante a graduação foi bolsista de iniciação científica pela Fapesb e UESB, além de ser voluntária 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, concluindo essa etapa em março de 2018. Ainda em 2018 iniciou os estudos em nível de Doutorado, no Programa de Pós-graduação em Zootecnia, área de concentração Produção de Ruminantes, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) *campus* Itapetinga – BA.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT.....	xii
I – REFERENCIAL TEÓRICO	01
1.1. Introdução.....	01
1.2. A raça Boer	02
1.3. A raça Anglo- Nubiana.....	04
1.4. Estrutura populacional.....	06
1.4.1. Integralidade do <i>pedigree</i>	07
1.4.2. Probabilidade de origem de gene.....	08
1.4.2.1. <i>Número efetivo de fundadores</i>	09
1.4.2.2. <i>Número efetivo de ancestrais</i>	10
1.5. Tipo de rebanho	11
1.6. Coeficiente de endogamia.....	11
1.7. Coeficiente de relação.....	12
1.8. Intervalo de gerações	13
1.9. Índice de conservação genética.....	15
1.10. Referências	16
II – OBJETIVO GERAL	24
III – CAPÍTULO I – ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA CAPRINA BOER NO BRASIL	25
Resumo	25
Abstract	26
Introdução	27
Material e Métodos	27
Resultados e Discussão	29
Conclusões	40

Referências Bibliográficas	41
IV – CAPÍTULO II – ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA CAPRINA ANGLO-NUBIANA NO BRASIL	45
Resumo	45
Abstract	46
Introdução	47
Material e Métodos	47
Resultados e Discussão	49
Conclusões	56
Referências	57
V – CONCLUSÕES FINAIS.....	61

LISTA DE FIGURAS

	Página
FIGURA 1. Reprodutor da raça Boer (Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia)	02
FIGURA 2. Distribuição geográfica dos caprinos da raça Boer.....	04
FIGURA 3. Reprodutor da raça Anglo-Nubiana.....	05
FIGURA 4. Distribuição geográfica dos caprinos da raça Anglo-Nubiana.....	05
FIGURA 5. Integralidade do <i>pedigree</i> da raça Boer com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5 ^o ascendência	30
FIGURA 6. Número de rebanhos que fizeram registro de animais e número de animais da raça Boer registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Caprinos (ABCC) no período de 1980 a julho de 2019.....	32
FIGURA 7. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (End) em caprinos da raça Boer.....	34
FIGURA 8. Número de animais, valores da endogamia (F), coeficiente de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (End) dos caprinos da raça Boer que apresentam no mínimo duas gerações completas.....	37
FIGURA 9. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais e fundadores de maior importância para a variabilidade genética da raça Boer.....	38
FIGURA 10. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Boer.....	39
FIGURA 11. Índice de Conservação Genética (ICG) de machos e fêmeas por ano de registro da raça Boer.....	40
FIGURA 12. Integralidade do <i>pedigree</i> da raça Anglo-Nubiana com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5 ^o ascendência	50
FIGURA 13. Número de rebanhos que fizeram registro de animais e número de animais da raça Anglo-Nubiana registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Caprinos (ABCC) no período de 1973 a julho de 2021.....	52
FIGURA 14. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais e fundadores de maior importância para a variabilidade genética da raça Anglo-Nubiana.....	53
FIGURA 15. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (End) em caprinos da raça Anglo-Nubiana.....	55
FIGURA 16. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Anglo-Nubiana.....	56

LISTA DE TABELAS

	Página
TABELA 1. Características de desempenho de cabras de diferentes grupos genéticos.....	03
TABELA 2. Características de desempenho de cabritos sem raça definida (SRD) e ½Anglo-Nubiana x SRD terminados em confinamento.....	06
TABELA 3. Número de gerações equivalentes, número de gerações completas e número máximo de gerações em diferentes raças caprinas.....	08
TABELA 4. Total de fundadores e número efetivo de fundadores em diferentes raças de caprinos.....	09
TABELA 5. Relação entre número efetivo de fundadores e ancestrais em diferentes raças caprinas.....	10
TABELA 6. Coeficiente de endogamia em diferentes raças caprinas.....	12
TABELA 7. Coeficiente de relação em diferentes raças caprinas.....	13
TABELA 8. Intervalo de gerações para as quatro passagens gaméticas.....	14
TABELA 9. Níveis de endogamia para machos e fêmeas em caprinos da raça Boer.....	35
TABELA 10. Número de animais (N), coeficiente de endogamia médio (F), animais endogâmicos (F End), número de animais endogâmicos (N End) e coeficiente de relação médio (CR) da raça Boer em função do número de gerações completas	36

RESUMO

FIGUEREDO, Jennifer Souza. **Estrutura populacional e diversidade genética de caprinos das raças Boer e Anglo-Nubiana no Brasil**. Itapetinga, BA: UESB, 2023. 61 p. Tese. (Doutorado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes).

RESUMO - Informações relacionadas à estrutura populacional são fundamentais para prover elementos norteadores de ações que busquem a elevação da produtividade por meio de programas de melhoramento genético. Nesse sentido, objetivou-se descrever e analisar a diversidade genética e estrutura populacional dos caprinos da raça Boer e Anglo-Nubiana no Brasil. No capítulo I foi determinada a estrutura populacional e diversidade genética da raça caprina Boer. Os dados de *pedigree* de 22.650 indivíduos registrados junto à Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos, nascidos de 1980 a 2019, foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia e índice de conservação genética, utilizando o programa ENDOG 4.8. Do total de indivíduos estudados, 84,06%, 77,38%, 72,43%, 68,00% e 59,34% possuíam ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. Os números médios de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações nos 40 anos estudados foram 2,79, 4,86 e 8,22, respectivamente. O intervalo médio de gerações foi $3,27 \pm 2,13$. O número total de fundadores e ancestrais foi 2.013 e 1.881, respectivamente, enquanto que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foi 262 e 68, respectivamente. Os 44 principais ancestrais foram responsáveis por 50,02% da variabilidade genética total da raça. Os coeficientes médios de relação e de endogamia foram 1,61% e 3,41%, respectivamente, sendo que esses parâmetros foram mais elevados (2,09 e 4,69, na mesma ordem) na população composta pelos indivíduos com duas ou mais gerações completas. O índice de conservação genética médio foi 22,90, tendo sido identificados sete indivíduos com valor acima de 100. No capítulo II foi determinada a estrutura populacional e diversidade genética da raça caprina Anglo-Nubiana. Os dados de *pedigree* de 45.205 indivíduos registrados junto à Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos, nascidos de 1973 a 2021, foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia e índice de conservação genética, utilizando o programa ENDOG 4.8. Do total de indivíduos estudados, 78,89%, 68,90%, 59,77%, 49,48% e 36,98% possuíam ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. Os números médios de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações nos 49 anos estudados foram 1,71, 3,62, e 10,36, respectivamente. O intervalo médio de gerações foi $3,53 \pm 2,21$. O número total de fundadores e ancestrais foram 3.329 e 3.219, respectivamente, enquanto que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram 215 e 139, respectivamente. Os 56 principais ancestrais foram responsáveis por 50,36% da variabilidade genética total da raça. Os coeficientes médios de relação e de endogamia foram 0,78% e 2,68%, respectivamente, sendo que o parâmetro endogamia foi mais elevado (4,48) na população composta pelos indivíduos com duas ou mais gerações completas. O índice de conservação genética médio foi 4,39, tendo sido identificados sete indivíduos com valor acima de 20. A endogamia da raça Anglo-Nubiana apresenta níveis médios baixos nesta população, essencialmente porque o rebanho tem-se mantido aberto

à introdução de novas fêmeas base. Além disso os dados coletados e estimados para a raça Anglo-Nubiana no Brasil revelam que existe diversidade genética considerável e podem ser utilizados para nortear ações de avaliação genética e programas de melhoramento equilibrados.

Palavras-chave: endogamia, índice de conservação genética, *pedigree*

* Orientador:, Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado; UESB e Coorientador:, Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

ABSTRACT

FIGUEREDO, Jennifer Souza. **Population structure and genetic diversity of boer goat and Anglo-Nubian breed in brazil.** Itapetinga, BA: UESB, 2023. 61 p. Thesis (Doctorate in Zootechny, Area of Concentration in Ruminant Production). *

ABSTRACT: Information related to population structure is essential to provide guiding elements for actions that seek to increase productivity through genetic improvement programs. Accordingly, the objective was to describe and analyze the genetic diversity and population structure of Boer and Anglo-Nubian goats in Brazil. In chapter I, the population structure and genetic diversity of the Boer goat breed was determined. Pedigree data from 22,650 registered animals with the Brazilian Association of Goat Breeders, born between 1980 and 2019, were analyzed for completeness, average generation interval, gene origin probability, relationship coefficient, inbreeding coefficient and genetic conservation index, using the ENDOG 4.8 program. Of the total number of individuals studied, 84.06%, 77.38%, 72.43%, 68.00% and 59.34% had known ancestors in the first, second, third, fourth and fifth ancestry, respectively. The average numbers of complete generations, equivalent generations and maximum number of generations in the 40 years studied were 2.79, 4.86 and 8.22, respectively. The mean generation interval was 3.27 ± 2.13 . The total number of founders and ancestors was 2013 and 1881, respectively, while the effective number of founders and the effective number of ancestors were 262 and 68, respectively. The 44 main ancestors accounted for 50.02% of the breed's total genetic variability. The mean ratio and inbreeding coefficients were 1.61% and 3.41%, respectively, and these parameters were higher (2.09 and 4.69, in the same order) in the population composed of individuals with two or more complete generations. The mean genetic conservation index was 22.90, seven individuals with a value above 100 were identified. In Chapter II, the population structure and genetic diversity of the Anglo-Nubian goat breed were determined. The pedigree data of 45,205 animals registered with the Brazilian Association of Goat Breeders, born between 1973 and 2021, were analyzed for completeness, mean generation interval, probability of gene origin, relationship coefficient, inbreeding coefficient and genetic conservation index, using the ENDOG 4.8 program. Of the total number of animals studied, 78.89%, 68.90%, 59.77%, 49.48% and 36.98% had known ancestors in the first, second, third, fourth and fifth ancestry, respectively. The mean numbers of complete generations, equivalent generations and maximum number of generations in the 49 years studied were 1.71, 3.62, and 10.36, respectively. The mean generation interval was 3.53 ± 2.21 . The total number of founders and ancestors were 3,329 and 3,219, respectively, while the effective number of founders and the effective number of ancestors were 215 and 139, respectively. The 56 main ancestors accounted for 50.36% of the breed's total genetic variability. The mean ratio and inbreeding coefficients were 0.78% and 2.68%, respectively, with the inbreeding parameter being higher (4.48) in the population composed of individuals with two or more complete generations. The average genetic conservation index was 4.39,

with seven animals having a value above 20. Inbreeding in the Anglo-Nubian breed has a low average levels in this population, essentially because the herd has remained open to the introduction of a new female base. Furthermore, the data collected and estimated for the Anglo-Nubian breed in Brazil reveal that there is considerable genetic diversity and can be used to guide genetic evaluation actions and balanced breeding programs.

Keywords: inbreeding, average generation interval, *pedigree*

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1.1. INTRODUÇÃO

No decorrer das décadas, devido à expansão dos mercados interno e externo, a caprinocultura tem sofrido grandes mudanças nos variados elos da sua cadeia produtiva (Resende et al., 2008). Na última pesquisa pecuária municipal, realizada em 2019, os resultados mostraram que o rebanho brasileiro de caprinos conta com 10.687.777 animais e destes, em torno de 95% está localizado na região Nordeste (SIDRA-IBGE, 2021). Apesar do grande rebanho caprino nessa região, a produção de carne ainda não é suficiente para suprir a demanda (Lucena et al., 2018).

Nas últimas décadas, a procura por animais versáteis e pela carne caprina tem aumentado, bem como, a exigência por um produto de melhor qualidade, e nesse sentido, visando aumentar a produção no país, tem-se importado animais da raça Boer, uma das raças mais importantes para a produção de carne (Souza et al., 2015) e a Raça Anglo-Nubiana, raça de dupla aptidão com elevado desempenho produtivo. O interesse pela utilização do caprino Boer se deve, principalmente, a característica superior de sua carne, que apresenta baixo teor de gordura (Silva, 2000) e pelos índices de produtividade favoráveis, como a conversão alimentar, quantidade de carne na carcaça (Santos, 2000), eficiência produtiva e prolificidade (Quadros & Cruz, 2017). A raça Boer possui também grande rusticidade e adaptabilidade às várias condições ambientais (Silva, 2000). À raça Anglo-Nubiana, deve-se a dupla aptidão, alta capacidade de adaptação, sabor e qualidade do leite das cabras, considerados imbatíveis, prolificidade e seu bom desempenho em cruzamentos (Quadros & Cruz, 2017).

De maneira a contribuir para caracterização de uma determinada raça com potencial para exploração comercial é de fundamental importância a implementação de medidas voltadas para o alcance do progresso real e a manutenção do seu potencial genético e, para tanto, é importante a realização de estudos sobre variabilidade genética populacional, tendo em vista à sua manutenção e/ou ampliação (Teixeira Neto, 2013). A avaliação genealógica pode fornecer importantes informações a respeito da história e estrutura genética da população (Goyache et al., 2010).

Assim, buscando contribuir com informações estratégicas para o processo de melhoramento genético e caracterização das raças Boer e Anglo-Nubiana no Brasil, o estudo descreve os parâmetros populacionais dessas raças no país, com base em informações de *pedigree*.

1.2. A RAÇA BOER

A raça Boer foi criada a partir de várias raças caprinas existentes na África do Sul (Malan, 2000), quando fazendeiros holandeses selecionaram animais com características voltadas para a produção de carne (ABGA, 2021). Foi importada ao Brasil nos anos 1980, após ser reconhecida mundialmente como a principal raça produtora de carne (Quadros & Cruz, 2017). Antes disso, a maioria dos caprinos importados no Brasil eram utilizados quase que exclusivamente para a atividade leiteira.

O padrão racial da raça Boer foi definido pela Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos como sendo animais deslançados, com chifres e de pelagem vermelha, variando de claro a escuro na cabeça, pescoço e orelhas, sendo o restante do corpo branco (Figura 1); o peso adulto das fêmeas é de 80 a 100 kg e dos machos é de 90 a 130 kg; cabeça com fronte proeminente e convexidade regular no chanfro até o nariz; orelhas largas de comprimento médio e extremidades voltadas para fora; perfil sub-convexo e convexo; possui aptidão para carne e pele, principalmente carne.



Figura 1. Reprodutor da raça Boer (Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia)

Os animais da raça Boer são resistentes, se adaptam bem a vários climas e sistema de produção (Casey & Nickerk, 1988), possuem alto índice de tolerância ao calor (Santos et al., 2005), são resistentes a doenças que são contraídas comumente por outros pequenos ruminantes (Malan, 2000), além de terem o potencial de transmitir características desejáveis aos seus descendentes (Silva, 2000). As cabras apresentam alta prolificidade de - 1,8 crias/ parto (Sandoval, 2011), um bom intervalo entre partos e apresentam estro na maior parte do ano (Quadros & Cruz, 2017); produzem leite suficiente para cuidar de duas crias e são capazes de manter sua produção econômica até aproximadamente 10 anos (Malan, 2000).

A raça Boer possui bom rendimento de carcaça e taxa de crescimento alta (Quadros & Cruz, 2017); sua carne é saborosa e apresenta baixo teor de gordura. A utilização da raça Boer no cruzamento aumenta o desempenho dos cabritos SRD (Cartaxo et al., 2013). No estudo de Oliveira et al. (2018), o cruzamento entre a raça Boer e SRD resultou em cabritos mais precoces atingindo pesos ao abate com menor tempo de confinamento (Tabela 1).

Tabela 1. Características de desempenho de cabras de diferentes grupos genéticos

Variável	Grupo genético		
	SRD x Boer	SRD x Pardo Alpino	SRD x Savanna
Ganho de peso diário (g)	184,73	166,66	163,31
Dias de confinamento	55,2	62,6	62,6

Fonte: Adaptado de Oliveira et al., 2018

Em virtude da aptidão produtiva, a raça Boer provocou uma revolução na caprinocultura de corte e, atualmente, os rebanhos da raça encontram-se distribuídos em vários estados brasileiros (Figura 2), sendo comercializados em feiras e exposições agropecuárias. Além disso, a raça é bastante sugerida para constituir a base do programa de melhoramento genético de caprinos de corte no Brasil (Quadros & Cruz, 2017).

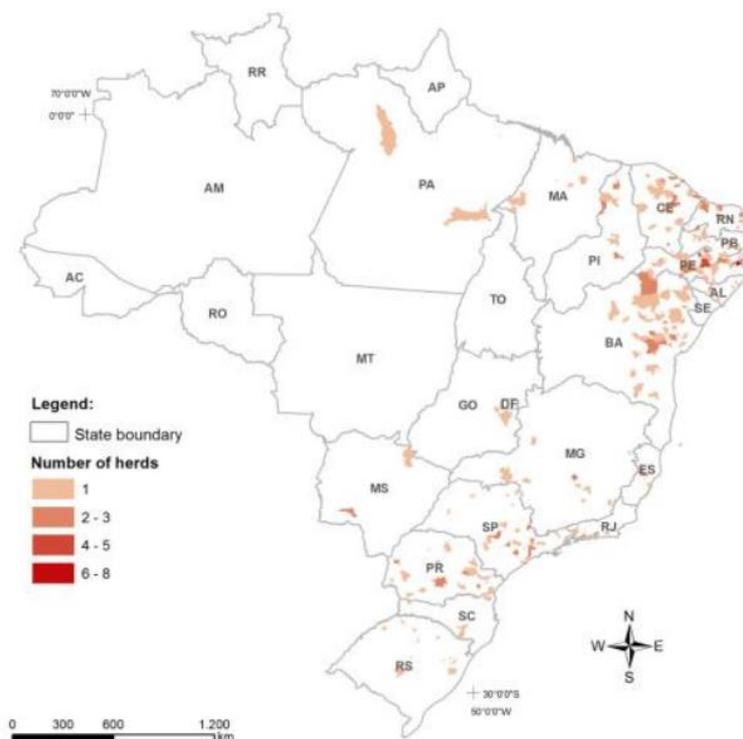


Figura 2. Distribuição geográfica dos caprinos da raça Boer (Mcmanus et al., 2014)

1. 3. A RAÇA ANGLO-NUBIANA

A raça Anglo-Nubiana foi criada por meio de cruzamento entre cabras leiteiras inglesas e bodes Zariby e Nubian importados da África, Arábia e Índia (Quadros & Cruz, 2017). Foi importada com o propósito de originar rebanhos de dupla aptidão (carne e leite) (Malhado et al., 2008).

O padrão racial da raça Anglo-Nubiana descrito pelo regulamento do serviço de registro genealógico das raças caprinas da Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos como sendo animais com chifres ou amochado, com pelos brilhantes, curtos ou médios, cabeça bem conformada e proporcional ao corpo, orelhas longas, espalmadas, pendentes, dirigidas para fora, perfil convexo ou sub convexo, membros fortes e bem aprumados (Figura 3). O peso adulto das fêmeas é de 55 a 65 kg e dos machos é de 70 a 95 kg (Quadros & Cruz, 2017), podendo alcançar até 120 kg, se criados em manejo intensivo.



Figura 3. Reprodutor da raça Anglo-Nubiana

Os animais da raça Anglo-Nubiana são rústicos, se adaptam bem a regiões de clima tropical, apresenta um bom desempenho reprodutivo e produtivo (Lima, 2020), podem produzir de maneira satisfatória carne e leite, e a prolificidade pode chegar a 1,7 crias/parto, em rebanhos selecionados (Quadros & Cruz, 2017). Em virtude da sua versatilidade produtiva, a raça Anglo-Nubiana é explorada em diversos países entre eles o Brasil (Reis et al., 2020). Nos últimos anos, os rebanhos da raça encontram-se distribuídos em vários estados brasileiros (Figura 4), sendo a raça, o grupo genético caprino controlado mais difundido no Nordeste do Brasil (Malhado et al., 2008)

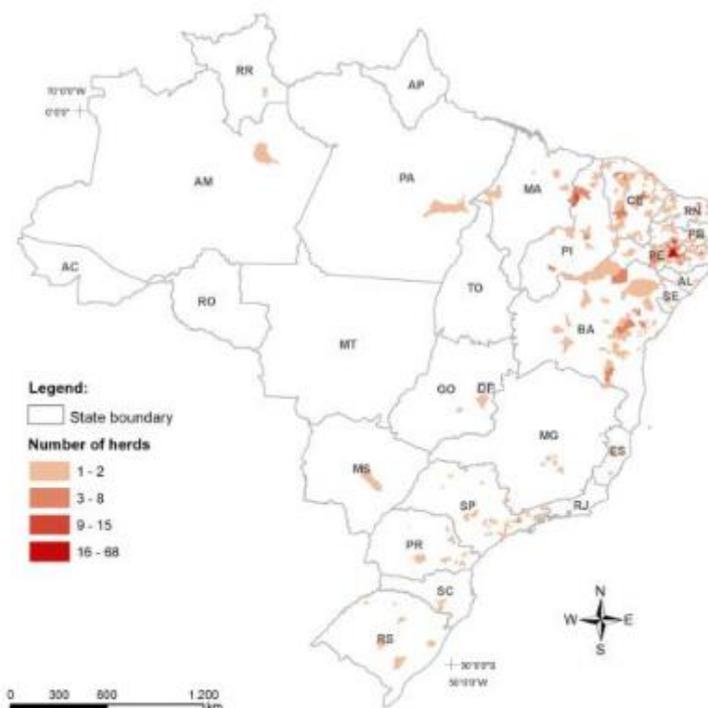


Figura 4. Distribuição geográfica dos caprinos da raça Anglo-Nubiana (Mcmanus et al., 2014)

O leite das cabras Anglo-Nubiana é saboroso, de alta qualidade, rico em proteínas (3,8%) e gordura (4,8%) (Quadros & Cruz, 2017); a produção leiteira pode chegar a 4kg/dia (Lima, 2020). Em se tratando da aptidão para a produção de carne, os cabritos manejados com suplementação alimentar podem alcançar aos três meses aproximadamente 21 a 22kg (Lima, 2020); em sistemas semi-intensivo podem alcançar 18,8 kg aos 90 dias (Oliveira et al., 2009). No estudo de Cartaxo et al. (2013), o cruzamento entre a raça Anglo-Nubiana e SRD resultou em elevação no ganho de peso das crias (Tabela 2).

Tabela 2. Características de desempenho de cabritos sem raça definida (SRD) e ½Anglo- Nubiana x SRD terminados em confinamento

Variável	Grupo genético	
	SRD	½ Anglo-Nubiana x SRD
Ganho de peso diário (g)	138,0	151,0
Peso vivo inicial (kg)	18,8	20,2
Peso vivo final (kg)	26,5	28,6

Fonte: Adaptado de Cartaxo et al., 2013

1.4. ESTRUTURA POPULACIONAL

A estrutura genética populacional é a distribuição da variabilidade genética dos indivíduos dentro e entre populações (Carneiro et al., 2010). Ela é formada pela composição genética dos seus diversos indivíduos, transferida aos descendentes no transcorrer dos anos (Lopa, 2015) e sujeita a vários fatores como a migração, deriva genética, seleção e mutação (Rodrigues, 2009). O conhecimento dessa estrutura pode esclarecer aspectos importantes que afetam o histórico genético de uma dada população (Valera et al., 2005).

Dentre as formas de estudo de populações constam: as técnicas de genética molecular e a análise de *pedigree*. Apesar da importância das técnicas com marcadores moleculares, os estudos com informações de *pedigree* são ferramentas importantes para análise de parâmetros populacionais, uma vez que apresentam maior facilidade e menor

custo de obtenção, quando comparados ao uso de marcadores moleculares (Gowane et al., 2013; Malhado et al., 2009; Carneiro et al., 2009).

A análise dos *pedigrees* viabiliza o estudo da evolução da variabilidade da população, tanto genética quanto demográfica (Goyache et al., 2010), além de possibilitar verificação do uso intensivo de determinados indivíduos (Santana Junior et al., 2012). A partir disso, a compreensão dos parâmetros populacionais pode orientar as futuras ações dos programas de melhoramento genético (Carneiro et al., 2009).

Ressalta-se, contudo, que as informações devem ser fidedignas e completas, uma vez que *pedigrees* com integralidade baixa podem subestimar os resultados encontrados, comprometendo, dessa forma, as futuras ações em programas de conservação e melhoramento genético (Silva, 2014).

1.4.1. Integralidade do *pedigree*

A integralidade de *pedigree* indica a quantidade de genealogia conhecida em cada geração na população estudada e contribui para o estudo da estrutura genética populacional (Pezzini, 2010). Ela é dependente das informações inclusas nos livros genealógicos da sua profundidade e quantidade disponível, sendo estas muito relevantes para a determinação dos parâmetros populacionais (Gutierrez et al., 2003; MacCluer et al., 1983). A precisão dos parâmetros avaliados sofre ação direta da profundidade do *pedigree*, de maneira que, *pedigrees* incompletos podem levar a superestimação e subestimação dos valores encontrados (Boichard et al., 1997).

A quantidade de informações genealógicas varia com o decorrer das gerações, como demonstrado nas raças Marota (Barros, 2009), Murciano Granadina (Oliveira 2012), Boer (Menezes et al., 2015; Larios-Sarabia et al., 2020), Saanen (Medeiros, 2011; Paiva, 2016), Anglo-Nubiana (Sousa et al., 2018) e Anglo-Nubiana (Larios-Sarabia et al., 2020).

O nível de integralidade do *pedigree* de uma população pode ser avaliado por meio do número de gerações traçadas e pode ser obtido de três formas: i) considerando o número de gerações completas; ii) por meio do número máximo de gerações e iii) pelo número de gerações completas equivalentes. O número de gerações completas pode ser definido como a identificação do número de gerações que separam o indivíduo da geração

mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos. Enquanto que o número de máximo de gerações indica a quantidade de gerações que separam o indivíduo do ancestral mais distante (Gutiérrez & Goyache, 2005). O número de gerações equivalentes corresponde à profundidade do *pedigree* sem sobreposição de gerações (Goyache et al., 2010). Esses parâmetros apresentam variações em diferentes raças (Tabela 3).

Tabela 3. Número de gerações equivalentes, número de gerações completas e número máximo de gerações em diferentes raças caprinas

Raça	Geração equivalente	Geração completas	Máximo de geração	Fonte
Marota	0,58	0,50	0,66	Barros et al., 2011
Murciano Granadina	0,64	0,49	0,87	Oliveira, 2012
Saanen	1,20	0,74	2,02	Medeiros, 2011
Caxemira	1,25	-	-	Mokhtari et al., 2017
Saanen	1,82	1,21	3,24	Paiva, 2016
Boer*	3,55	-	-	Menezes et al., 2015
Markhoz	5,84	-	-	Rashidi et al., 2015

*Rebanho mantido na Emepa/PB

1.4.2. Probabilidade de origem do gene

Uma amostra aleatória em qualquer gene autossômico de um dado indivíduo possui 50% de probabilidade de ter sido herdado do seu pai, e 50% de ser oriundo da sua mãe. Da mesma maneira, tem uma probabilidade de 25% de ter sido herdado de qualquer um dos seus avôs (Vozzi, 2004; Barros, 2009).

Todos os genes presentes em uma população provêm de seus ancestrais. Assim, quando se tem informações de genealogia, é possível identificar os primeiros indivíduos que contribuíram para formação de uma dada população, retornando até os antepassados sem relação genética conhecida com qualquer outro animal da linhagem, exceto seus descendentes, os quais são denominados de fundadores (Barros, 2009; Gutiérrez & Goyache, 2005). Ressalta-se que os ancestrais são aqueles indivíduos que contribuíram de forma mais expressiva que seus ascendentes para a variabilidade total da população. Nesse sentido, um ancestral pode ser fundador ou não (Navarro, 2008).

A análise da contribuição dos fundadores e ancestrais em diferentes populações varia muito devido ao manejo utilizado e à localização dos indivíduos (Gowane et al., 2013). Essa análise permite avaliar a variabilidade genética e verificar o direcionamento

de acasalamento na população (Vozzi, 2004). A quantidade de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética em diferentes raças é bastante variável, tendo sido observado 5 a 366 nas raças Boer (Menezes et al., 2015), Anglo-Nubiana (Sousa et al., 2018), Marota (Barros et al., 2011), Saanen (Medeiros, 2011), Anglo-Nubiana (Hidalgo-Moreno et al., 2020), Caxemira (Mokhtari et al., 2017) e Murciano Granadina (Oliveira et al., 2016).

1.4.2.1. *Número efetivo de fundadores*

O número efetivo de fundadores (fe) é definido como a quantidade de fundadores que contribuíram para produzir a mesma variabilidade genética encontrada na população em estudo (Lacy, 1989). Esta contribuição está baseada na quantidade de descendentes produzidos pelo fundador em análise (Farias et al., 2011; Figueredo, 2018).

É desejável que o número efetivo de fundadores seja o mais próximo possível do tamanho da população fundadora (Oliveira, 2012), assim, todos os fundadores terão contribuído de forma igualitária e, nesse caso, o fe será igual ao número real de fundadores (Vozzi, 2004). Em outro cenário, o fe passa a ser menor que o número real de fundadores (Tabela 4). Vale ressaltar que a variabilidade genética da população aumenta à medida que o valor de fe for mais próximo do número total de fundadores (Boichard et al., 1997; Lush, 1964).

Tabela 4. Total de fundadores e número efetivo de fundadores em diferentes raças de caprinos

Raça	Total fundadores	fe	Fonte
Caxemira	1419	240	Mokhtari et al., 2017
Saanen	1087	123	Paiva, 2016
Adani Iraniana	428	56	Joezy-Shekalgorabi et al., 2017
Markhoz	348	49	Rashidi et al., 2015
Marota	329	48	Barros et al., 2011
Cabra branca	286	73	Oravcova, 2013
Adani	184	26	Baneh et al., 2020
Canindé	63	13	Sales & Sousa., 2019
Boer*	-	33	Menezes et al., 2015

*Rebanho mantido na Emepa/PB

Nas situações em que o número efetivo de fundadores for muito baixo em comparação com a população fundadora, há maior necessidade de monitoramento da endogamia do rebanho (Marcondes et al., 2010). Nas raças Saanen (Medeiros, 2011) e

Murciano Granadina (Oliveira et al., 2016), a relação entre o número efetivo de fundadores e o número total de fundadores foi 7,37% e 8,94%, respectivamente.

1.4.2.2. *Número efetivo de ancestrais*

O número efetivo de ancestrais (fa) representa o número mínimo de antepassados (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética da população estudada (Vercesi Filho et al., 2002). Esse parâmetro complementa as informações do fe, pois leva em conta as perdas de variabilidade produzidas pela contribuição desigual de animais na reprodução, produzindo gargalos (Gutierrez & Goyache, 2005; Carneiro, 2012). Geralmente, o número total de ancestrais é significativamente maior que o número efetivo de ancestrais. Nas raças Anglo-Nubiana (Sousa et al., 2018), Saanen (Paiva, 2016) e Murciano Granadina (Oliveira et al., 2016) foram observados valores de ancestrais totais de 146, 1036, 5828 e fe 29, 101, 965, respectivamente.

A relação entre fe e fa é um parâmetro importante, pois expressa o nível de participação dos animais fundadores na população ao decorrer das gerações. É desejável que o número efetivo de ancestrais seja igual ao número efetivo de animais fundadores, ou que a distância entre eles seja a menor possível, uma vez que, quanto maior a diferença, menor será a participação dos fundadores (Boichard et al., 1997; Albuquerque, 2010). Assim, quanto mais próxima a relação fe e fa for de 1, menor será o impacto do efeito gargalo sobre a diversidade genética da população (Feely et al., 2020). Essa relação em diferentes raças é bastante variável (Tabela 5).

Tabela 5. Relação entre número efetivo de fundadores e ancestrais em diferentes raças caprinas

Raça	Relação fe/fa	Fonte
Marota	1,00	Barros et al., 2011
Adani	1,04	Baneh et al., 2020
Markhoz	1,32	Rashidi et al., 2015
Adani Iraniana	1,44	Joezy-Shekalgorabi et al., 2017
Caxemira	1,50	Joezy-Shekalgorabi et al., 2016
Cabra branca	1,60	Oravcova, 2013
Caxemira	1,75	Mokhtari et al., 2017

1.5. TIPO DE REBANHO

Rebanhos são grupos de animais que são manejados conjuntamente e apresentam o mesmo biótipo (Figueredo, 2018), podendo ser classificados como: núcleo, multiplicador, comercial e isolado, a depender da forma de utilização e origem (Vassalo et al., 1986):

- Núcleo – aquele que utiliza reprodutores próprios, não os compra, e comercializam os reprodutores excedentes;
- Multiplicador – aquele que utiliza reprodutores próprios e adquiridos de outros rebanhos e os comercializam;
- Comercial – aquele que utiliza reprodutores adquiridos, porém não os comercializa;
- Isolado – aquele que utiliza reprodutores de próprio rebanho, mas não comercializa o excedente.

A relevância de um dado rebanho pode ser determinada em função da sua contribuição quanto à disponibilização de reprodutores para a população (Oliveira 2012). Estudos com as raças Saanen (Medeiros, 2011), Murciano Granadina (Oliveira, 2012) e Saanen (Paiva, 2016) mostraram a existência de rebanhos do tipo multiplicador (47,00%, 31,28% e 69,00%) e do tipo comercial (53,00%, 68,72% e 31,00%, respectivamente); não tendo sido detectados rebanhos dos tipos núcleo e isolado.

1.6. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA

A ocorrência de acasalamento entre indivíduos aparentados leva a endogamia (Cruz, 2011); quanto maior for esse parentesco, mais elevada será a endogamia dos filhos (Briquet Júnior, 1967) e maior será a probabilidade de que diferentes *locus* alcancem o estado homozigótico (Selaive & Osorio, 2017). O coeficiente de endogamia (F) é utilizado para medir a endogamia com base nas informações genealógicas (Baldursdóttir, 2010) e é equivalente à probabilidade de que os alelos de um determinado *locus* de um indivíduo sejam idênticos por descendência (Falconer, 1960).

O coeficiente de endogamia depende diretamente do nível de integralidade do *pedigree*. *Pedigrees* incompletos ou inseridos de forma indevida na genealogia podem influenciar esse parâmetro (Paiva 2016; Boichard et al., 1997). As perdas de variabilidade

genética, consequência da elevação da homozigose e a expressão de genes recessivos, são fatores que ocasionam a depressão endogâmica, tendo como efeitos negativos i) a alteração do mérito individual, ii) a redução do valor fenotípico médio e iii) a perda parcial do ganho genético obtido pela seleção (Breda et al., 2004). Ressalta-se que as medias de endogamia nas raças podem ser bastante diferentes (Tabela 6).

Tabela 6. Coeficiente de endogamia em diferentes raças caprinas

Raça	Coeficiente de endogamia	Fonte
Caxemira	0,07%	Joezy-Shekalgorabi et al., 2016
Marota	0,11%	Barros et al., 2011
Murciano-Granadina	0,18%	Oliveira et al., 2016
Jamunapari	0,46%	Mandal et al., 2021
Boer*	0,75%	Menezes et al., 2015
Anglonubina	1,10%	Sousa et al., 2018
Anglo-Nubiana	1,39%	Hidalgo-Moreno et al., 2020
Markhoz	2,68%	Razmkabir & Mahmoudi, 2018

*Rebanho mantido na Emepa/PB

Tem sido sugerido que as medias de f devam ser inferiores a 10 %, visto que valores mais altos podem aumentar a homozigose e predispor a população a depressão endogâmica (Paiva et al., 2011; Thompson et al., 2000), podendo provocar a manifestação de defeitos fenotípicos e influenciar negativamente as características produtivas (Vostry et al., 2018). Na raça Saanen, as cabras endógamas produziram menos 10,1% de leite quando comparadas às cabras não-endógamas (Albuquerque et al., 2014). Na raça Anglo-Nubiana, a cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia houve redução de 12 gramas no peso ao nascimento (Sousa et al., 2018).

1.7. COEFICIENTE DE RELAÇÃO

O coeficiente de relação (CR) de um animal é a probabilidade de um alelo, escolhido ao acaso na população, pertencer a um dado animal no *pedigree* (Carneiro et al., 2010). A probabilidade de animais com pelo menos um ancestral comum em sua genealogia é chamado de coeficiente médio de relação (Oliveira, 2012).

O CR propicia conhecer as relações de parentesco entre animais, sendo que para o gerenciamento dos programas de seleção é um elemento muito importante (Oliveira, 2012). A endogamia é o resultado do acasalamento entre indivíduos aparentados, ainda que o CR médio não explique a razão deste tipo de acasalamento (Gutiérrez et al., 2003). Esse parâmetro pode servir como instrumento para gestão de população por meio do uso de animais com valores de CR mais baixos para reprodução (Rodrigues, 2009), e assim manter o estoque genético de origem (Gutiérrez & Goyache, 2005). Contudo, para isso, sua genética deve ser associada a outros parâmetros, tais como: o número efetivo de fundadores, a endogamia (Albuquerque, 2010) e o índice de conservação genética (Carneiro et al., 2010).

Salienta-se que o CR médio apresenta variações consideráveis nas diferentes raças (Tabela 7), e um fator que pode promover redução nos níveis de endogamia e equilibrar a representação genética dos fundadores é o direcionamento dos acasalamentos (Valera et al., 2005).

Tabela 7. Coeficiente de relação em diferentes raças caprinas

Raça	Coeficiente de relação	Fonte
Murciano-Granadina	0,03%	Oliveira et al., 2016
Boer	0,28%	Hidalgo-Moreno et al., 2020
Marota	0,84%	Barros et al., 2011
Anglo-Nubiana	1,04%	Hidalgo-Moreno et al., 2020
Markhoz	1,93%	Rashidi et al., 2015
Anglo-Nubiana	3,14%	Sousa et al., 2018
Jamunapari	3,87%	Mandal et al., 2021
Adani	5,05%	Baneh et al., 2020

1.8. INTERVALO DE GERAÇÃO

O intervalo de gerações (IG) estabelece o tempo médio em que são transmitidos os genes dos pais para os filhos (Oliveira, 2010); é determinado pela idade média dos pais, quando ocorre o nascimento dos descendentes. O IG pode ser calculado considerando as quatro vias possíveis: i) pai-filho, ii) pai-filha, iii) mãe-filho e iv) mãe-filha (Gutierrez & Goyache, 2005). Este parâmetro retrata principalmente as decisões sobre a taxa de descarte feita pelos criadores (Oliveira 2012; Paiva et al., 2011)

Observa-se grande variação nos valores obtidos de IG dentro da espécie caprina, a qual reflete, principalmente, ao manejo e objetivo da criação. Nas raças Canindé, Grauna, Moxotó, Azul (Lima et al., 2007), Boer (Menezes et al., 2015), Saanen, Angorá (Danchin-Burge et al., 2012), Anglo-Nubiana (Hidalgo Moreno et al., 2020) e Marota (Barros et al., 2011) foram descritos IG de 2,75, 2,87, 3,01, 3,07, 3,67, 4,0, 4,2, 4,63 e 5,28, respectivamente.

Em programas de conservação genética, como a quantidade de animais disponíveis é pequena, objetiva-se maximizar a exploração do potencial genético dos animais na reprodução. Para tanto, procura-se prolongar a utilização e permanência dos reprodutores e matrizes no rebanho (Barros, 2009). Geralmente, o IG propende a aumentar quando a população está reduzindo em número, e propende a diminuir quando a população está subindo numericamente (Meirelles, 2020).

Por outro lado, em programas de melhoramento genético é desejável que o IG seja em torno de 3,0 anos (Ghafouri-Kesbi, 2012), pois intervalos muito grandes reduzem o ganho genético anual (Faria et al., 2010). Já IGs baixos possibilitam a incorporação de características de interesse econômico de maneira mais rápida (Faria, 2016). Contudo, tal atitude pode resultar, também, em perda de variabilidade genética, resultado da pouca contribuição dos reprodutores para a população. Diante disso, é necessário encontrar o melhor ajustamento entre ganhos genéticos anuais e variabilidade genética, a fim de se obter uma maior eficiência no intervalo de gerações (Barros, 2012). Os IGs apresentam variação, entre as raças (Tabela 8).

Tabela 8. Intervalo de gerações para as quatro passagens gaméticas

Raça	Intervalo				Autor
	Pai-filho	Pai-filha	Mae-filho	Mae-filha	
Anglo-Nubiana	2,51	2,81	3,74	3,66	Hidalgo-Moreno et al., 2020
Markhoz	2,55	2,54	3,84	3,92	Razmkabir & Mahmoudi, 2018
Boer	2,82	3,28	3,37	3,30	Hidalgo-Moreno et al., 2020
Markhoz	3,16	3,27	3,93	3,83	Rashidi et al., 2015
Boer	3,17	3,19	4,06	3,95	Menezes et al., 2015
Marota	5,17	5,26	5,22	5,47	Barros et al., 2011

1.9. ÍNDICE DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA

O índice de conservação genética (ICG) é um parâmetro que estima o número efetivo médio de fundadores encontrados no *pedigree* de um dado indivíduo (Barros, 2009; Pezzini, 2010). Para determinação do ICG considera-se a contribuição dos animais sem genealogia conhecida na população em estudo, denominados fundadores, ao longo das gerações (Gutierrez & Goyache, 2005).

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). No entanto, tal situação não ocorre normalmente, assim manter para reprodução os animais com maior ICG contribui para a manutenção da variabilidade genética (Faria, 2016).

Apesar de que na estimativa do ICG não seja abordada o grau de parentesco entre os animais, as informações oferecidas pelo ICG são de grande importância em programas de gestão de população, pois possibilita o controle dos níveis de endogamia e a manutenção da variabilidade genética dentro da raça (Barros, 2009). Os valores de ICG variam bastante em função dos indivíduos dentro da população estudada, sendo que nas raças Marota (Barros, 2009) e Boer (Menezes et al., 2015) os valores oscilaram de 2,0 a 2,6 e 2,0 a 34,0, respectivamente.

1.10. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABGA - American Boer Goat Association. História. Disponível em: <<https://abga.org/about-abga/history/>>. Acesso em: Abril. 2021.

ALBUQUERQUE, L.B.S.; LING, L.K.K.; PAIVA, P.L.M.; LOBO, A. M. B. O.; LOBO, R.N.B.; FACO, O. Endogamia em caprinos da raça Saanen e seu efeito sobre a produção de leite. In: Encontro de Iniciação Científica da Embrapa Caprinos e Ovinos, 3., 2014, Sobral. **Anais...** Sobral: Embrapa Caprinos e Ovinos, 2014. p. 11.

ALBURQUERQUE, A.L.S. **Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça Pardo-Suíça 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.

BALDURSDÓTTIR, B.K. **Genetic variation within the Icelandic goat breed: assessment using population data and DNA analysis.** 2010. 51p. Doctoral dissertation- Agricultural University of Iceland. 2010.

BANEH, H.; JAVANROUH, A.; SADEGHI, S. A. T.; YAZDANSHENAS, M. S.; MANDAL, A.; AHMADPANA, J.; MOHAMMADI, Y. Characterization of population structure and genetic diversity of Adani goats. **Journal of Livestock Science and Technologies**, v. 8, n. 1, p. 79-89, 2020.

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.; 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.

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.

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, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura Populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: VI Congresso Nordestino de produção Animal. SNPA 29a, Mossoró: RN, 2010.

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

CARTAXO, F.O.; LEITE, M.L.M.V.; SOUSA, W.H.; VIANA, J.A.; ROCHA, L.P. Desempenho bioeconômico de cabritos de diferentes grupos genéticos terminados em confinamento. **Revista Brasileira Saúde Produção Animal**, v. 14, n. 1, p.224-232, 2013.

CASEY, N. H.; VAN NIEKERK, W. A. The Boer goat. I. Origin, adaptability, performance testing, reproduction and milk production. **Small Ruminant Research**, v. 1, n. 3, p. 291-302, 1988.

CRUZ, C.D. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1ª Edição, Editora Suprema, Visconde do Rio Branco, MG, 2011. 620p.

DA SILVA, F. L. R. A raça Boer: importância e perspectiva para o Nordeste do Brasil. In: Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL 2.; SIMPÓSIO NORDESTINO DE ALIMENTAÇÃO DE RUMINANTES, 8., 2000, Teresina. Ruminantes e não ruminantes. Anais... Teresina: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2000. v. 1. p. 345-350., 2000.

DANCHIN-BURGE, C.; ALLAIN, O.; CLÉMENT, V.; PIACÈRE.; MARTIN, P.; PALHIÈRE, I. Genetic variability and French breeding programs of three goat breeds under selection. **Small Ruminant Research**, v. 108, p. 36-44, 2012.

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

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

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.

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.

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 2020.

FIGUEREDO, J.S. **Parâmetros populacionais da raça ovina Somalis Brasileira**. 2018. 50p. Dissertação (Mestrado em Produção de Ruminantes). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2018.

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.; PÉREZPARDAL, 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.

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.

HIDALGO-MORENO, J.A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA- MUÑIZ, J.G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; LARIOS-SARAIBA, N.; ZAABZA, H.B. Genetic diversity and population structure of Boer and Nubian goats Mexico. **Small Ruminant Research**, p. 106093, 2020.

JOEZY-SHEKALGORABI, S.; MAGHSOUDI, A.; TAHERI-YEGANEH, A.; RAJABI-MARAND, B. *Pedigree* analysis of Cashmere goat breed of South Khorasan, **Italian Journal of Animal Science**, v.15, n.4, p. 590-594, 2016.

JOEZY-SHEKALGORABI, S.; MAGHSOUDI, A.; TAHERI-YEGANEH, A.; RAJABI-MARAND, B. Genetic variability of iranian Adani goat breed using *pedigree* analysis, **The Journal of Animal and Plant Science**, v.27, n.6, 2017.

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

LARIOS-SARABIA, N.; HIDALGO-MORENO, J. A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA-MUÑIZ, J. G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; BEN ZAABZA, H. Genealogical data of Boer Nubian Goats in Mexico, **Data in Brief**, v.29, p. 1-6, 2020.

LIMA, C. M. M. **Modelagem de sobrevivência com fragilidade aplicada a dados de caprinos da raça Anglo-Nubiana**. 2020. 117p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências da Natureza, Programa de Pósgraduação em Ciência Animal, 2020.

LIMA, P.J.S.; SOUZA, D.L.; PEREIRA, G.F.; TORREÃO, J.N.C.; MOURA, J.F.P.; GOMES, J.T.; LOPEZ ACOSTA, J.M.; REY SANZ, S.; RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C. Gestão genética de raças caprinas nativas no estado da Paraíba. **Archivos de Zootecnia**, v. 56, n. Su1, p. 623-626, 2007.

LOPA, T.M.B.P. **Estudo da estrutura populacional da raça Braford com base no *pedigree***. 2015. 59p. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal) Universidade Federal do Pampa. 2015.

LUCENA, C. C.; MARTINS, E.; MAGALHAES, K.; HOLANDA FILHO, Z. F. Produtos de origem caprina e ovina: mercado e potencialidades na região do Semiárido brasileiro. **Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo de divulgação na mídia (INFOTECA-E)**, 2018.

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

MACCLUER, J.W.; BOYCE, A.J.; DYKE, B.; WEITKAMP, L.R.; PFENNIG, D.W.; PARSONS, C.J. Inbreeding and *pedigree* structure in Standardbred horses. **The Journal of Heredity**, v. 74, p. 394-399, 1983.

MALAN, SW. The improved Boer goat. **Small Ruminant Research**, v. 36, n. 2, pág. 165-170, 2000.

MALHADO, C. H. M., CARNEIRO, P. L. S., DA CRUZ, J. F., DE OLIVEIRA, D. F., AZEVEDO, D. M. M. R., & SARMENTO, J. L. R. Curvas de crescimento para caprinos da raça Anglo-Nubiana criados na caatinga: rebanho de elite e comercial. **Revista Brasileira Saúde Produção Animal**, v.9, n.4, p. 662-671, 2008.

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.

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.

MANDAL, A.; BANEH, H.; ROY, R.; NOTTER, D. R. Genetic diversity and population structure of Jamunapari goat in India using *pedigree* analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 2, p. 1-11, 2021.

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.

MCMANUS, C. M.; HERMUCHE, P.; PAIVA, S. R.; DALTRO, D.; ALFONZO, E. M.; FACO, O. Concepta Margaret et al. Distribution of goat breeds in Brazil and their relationship with environmental controls. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 6, 2014.

MEDEIROS, S.B. **Estrutura populacional dos rebanhos da raça Saanen participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros**. 2011. 33p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal). Universidade Federal Rural do Semi-Árido. 2011.

MEIRELLES, S.L.C. **Material de apoio para disciplina: Melhoramento genético animal**. Universidade Federal de Lavras. 2020. (Apostila de Melhoramento Animal). Disponível: <<<https://www.passeidireto.com/arquivo/4599337/melhoramento-animal---prof-sarah>>> Acesso em: 10 jun. 2020

MENEZES, L. M.; SOUSA, W. H.; CAVALCANTI FILHO, E. P.; CARTAXO, F. Q.; VIANA, J. A.; GAMA, L. T. Genetic variability in a nucleus herd of Boer goats in Brazil assessed by *pedigree* analysis. **Small Ruminant Research**, v.131: p. 85-92, 2015.

MOKHTARI, M, S.; MOGHBELI DAMANEH, M.; GUTIERREZ, J. P. Genetic variability and population structure of Raeini Cashmere goat breed assessed from pedigree analysis. **Journal of Livestock Science and Technologies**, v. 5, n. 1, p. 43-50, 2017.

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.

OLIVEIRA, A. B.; SOUSA, W. H.; OLIVEIRA, F. G.; CARTAXO, F. Q.; PIMENTA, E. C.; RAMOS, J. P. D. F.; CUNHA, M. D.S.; FERREIRA, J. M. D. S. Productive and economic performance of goats of different genetic groups. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 19, p. 381-390, 2018.

OLIVEIRA, H.P.Q. **Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore**. 2010. 76p. Tese (Doutorado em Zootecnia) Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo. 2010.

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.

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.

OLIVEIRA, D. F.; CRUZ, J. F. ; CARNEIRO, P. L. S. ; MALHADO, C. H. M. ; RONDINA, D. ; FERRAZ, Rita de Cassia Nunes ; TEIXEIRA NETO, M. R. . Desenvolvimento ponderal e características de crescimento de caprinos da raça

Anglonubiana criados em sistema semi-intensivo. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 10, p. 256-265, 2009.

ORAVCOVÁ, M. *Pedigree* analysis in White Shorthaired goat: First results. **Archiv Tierzucht**, v. 53, p. 547 - 554, 2013.

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.

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.

QUADROS, D.G.; CRUZ, J.F. **Produção de ovinos e caprinos de corte**. EDUNEB: Salvador, 2017. 297.

RASHIDI, A.; MOKHTARI, M. S.; GUTIÉRREZ, J. P. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**, v.124, p. 1-8, 2015.

RAZMKABIR, M.; MAHMOUDI, P. Monitoring genetic diversity and population structure of Markhoz goat by *pedigree* analysis. **Animal Production Research**, v. 7, n. 4, 2018.

REIS, S. S.; PEREIRA, A. M.; ROCHA, W. M. P.; AGUIAR, A. S.; SILVA, J. B. C.; SILVA, I. V.; OLIVEIRA, M. D. A.; ALMEIDA, N. M. C.; SOUSA, A. A.; RODRIGUES, A. A. **Adaptabilidade de caprinos Anglo-nubiana e Boer às condições climáticas do município de Chapadinha-MA**. Atena: Ponta Grossa, 2020.

RESENDE, K.T.D.; SILVA, H.G.D.O.; LIMA, L.D.D.; TEIXEIRA, I.A.M.D.A. Avaliação das exigências nutricionais de pequenos ruminantes pelos sistemas de alimentação recentemente publicados. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, n. SPE, p. 161-177, 2008.

RODRIGUES, D.S. **Estrutura Populacional de um Rebanho Morada Nova Variedade Branca no Estado do Ceará**. 2009. 45p. 2009. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-CCA, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. 2009.

SALES, D. C.; SOUSA, J. E. R. Estrutura populacional, depressão endogamica e parâmetros genéticos em caprinos. In XXV seminário de iniciação científica da Ufersa, 2019, Mossoro. **Anais...** Mossoró/RN, 2019. p. 74.

SANDOVAL, P. 2011. Manual de criação de caprinos e ovinos. **Brasília: Codevasf**, 2011 .142p. il ISBN 978-85-89503-11-2.

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, F. C. B. D.; SOUZA, B. B. D.; PEÑA ALFARO, C. E.; CÉZAR, M. F.; PIMENTA FILHO, E. C.; ACOSTA, A. A. A.; SANTOS, J. R. S. D. Adaptabilidade de caprinos exóticos e naturalizados ao clima semi-árido do Nordeste brasileiro. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 29, n. 1, p. 142-149, 2005.

SANTOS, J, P. **Aspectos produtivos da raça Boer**. 2000. 20p. Monografia (Medicina Veterinária) Universidade Federal da Bahia, 2000.

SELAIVE-VILLARROEL, A. B.; OSÓRIO, J. C. S. **Produção de Ovinos no Brasil**. 1ª Edição, Editora Roca - Grupo Gem, 2017. 656p.

SIDRA– IBGE. Pesquisa da Pecuária Municipal. Sistema IBGE de recuperação automática. Instituto de Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo Agropecuário 2019**. <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/tabelas> (acesso 09 de julho de 2021), 2021.

SIDRA– IBGE. Sistema IBGE de recuperação automática. Instituto de Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo Agropecuário 2017 – resultados preliminares**. <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/censo-agropecuario/censo-agropecuario-2017> (accessed 09 July 2021), 2021.

SILVA, F. L. R. A raça Boer: importância e perspectiva para o Nordeste do Brasil. In: Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, 2., 2000, Teresina. Ruminantes e não ruminantes. **Anais...** Teresina: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2000. v. 1. p. 345-350., 2000.

SILVA, M.H.M.A. da. **Estrutura populacional e depressão endogâmica em bovinos da raça Holandesa no Brasil**. 2014. 72p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2014.

SOUSA, B. B.; BENICIO, A. W. A.; BENICIO, T. M. A. Caprinos e ovinos adaptados aos trópicos. **Journal of Animal Behaviour and Biometeorology**, v. 3, n. 2, p. 42-50, 2015.

SOUSA, J. E. R.; PAIVA, R. D. M.; SOUSA, W. H.; FAÇANHA, D. A. E.; NUNES, S. F.; MORAIS, J. H. G.; FERREIRA, J. B. Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Archivos de zootecnia**, v. 67.259: p. 428-434, 2018.

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.

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.

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, n.1-2, 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.

VOSTRY, L.; MILERSKI, M.; SCHMIDOVA, J.; VOSTRA-VYDROVA, H. Genetic diversity and effect of inbreeding on litter size of the Romanov sheep. **Small Ruminant Research**, v.168, p.25-31, 2018.

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.

II – OBJETIVO GERAL

Descrever a estrutura genética populacional dos caprinos das raças Boer e Anglo-Nubiana no Brasil, por meio de análise *pedigree*.

III – CAPÍTULO I

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA CAPRINA BOER NO BRASIL

RESUMO – Informações relacionadas à estrutura populacional são essenciais para fornecer elementos norteadores para ações que buscam aumentar a produtividade por meio de programas de melhoramento genético. Diante disto, objetivou-se descrever e analisar, a diversidade genética e estrutura populacional dos caprinos da raça Boer no Brasil. Dados de *pedigree* de 22.650 indivíduos registrados junto à Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos – ABCC, nascidos de 1980 a 2019. Foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia e índice de conservação genética utilizando o programa ENDOG 4.8. Do total de indivíduos estudados, 84,06%, 77,38%, 72,43%, 68,00% e 59,34% possuíam ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. Os números médios de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações nos 40 anos estudados foram 2,79, 4,86 e 8,22, respectivamente. O intervalo médio de gerações foi $3,27 \pm 2,13$. O número total de fundadores e ancestrais foram 2.013 e 1.881, respectivamente, enquanto que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram 262 e 68, respectivamente. Os 44 principais ancestrais foram responsáveis por 50,02% da variabilidade genética total da raça. Os coeficientes médios de relação e de endogamia foram 1,61% e 3,41%, respectivamente, sendo que esses parâmetros foram mais elevados (2,09 e 4,69, na mesma ordem) na população composta pelos indivíduos com duas ou mais gerações completas. O índice de conservação genética médio foi 22,90, tendo sido identificados sete indivíduos com valor acima de 100. A quantidade elevada de indivíduos endogâmicos com duas ou mais gerações completas requerem atenção. Por outro lado, existem indivíduos que apresentam quantidade considerável de fundadores em seu *pedigree*, os quais podem ser usados de forma direcionada para manter/elevar a diversidade genética nas futuras gerações.

Palavras-chave: endogamia, índice de conservação genética, *pedigree*

POPULATION STRUCTURE AND GENETIC DIVERSITY OF BOER GOAT BREED IN BRAZIL

ABSTRACT: Information related to the population structure is essential to provide guiding elements for actions that seek to increase productivity through genetic improvement programs. Therefore, the purpose of this study is to describe and analyze the genetic diversity and populational structure of the Boer goat breed in Brazil. Pedigree data from 22,650 individuals that were born between 1980 and 2019 and recorded in the Brazilian Association of Goat Breeders, was analyzed in terms of integrality, average generation interval, gene origin probability, average relationship coefficient, inbreeding coefficient, and genetic conservation index, using the program ENDOG 4.8. According to the sample studied, 84.06%, 77.38%, 72.43%, 68.00% and 59.34% had known ancestry in the first, second, third, fourth and fifth parentage, respectively. The average number of complete generations, equivalent and maximum generations for the 40 years studied was 2.79, 4.86 and 8.22, respectively. The average of the generation interval was 3.27 (+/- 2.13). The total number of founders and ancestors was 2,013 and 1,881 respectively, while the effective number of founders and the effective number of ancestors were 262 and 68, respectively. The 44 main ancestors were responsible for 50.02% of the total genetic variance of the breed. The average coefficient of relationship and inbreeding were 1.61% and 3.41% respectively. These parameters were higher (2.09 and 4.96 in the same order) in a population with two or more complete generations. The average genetic conservation index was 22.90, with seven subjects with a value above 100. The high quantity of inbreeding subjects with two or more generations require attention. However, there are subjects that have a high quantity of founders in their pedigree, that can be used to keep or rise the genetic diversity in future generations.

Keywords: inbreeding, genetic conservation index, *pedigree*

INTRODUÇÃO

Várias raças caprinas foram introduzidas no Brasil, as quais, devido a seleção natural, adquiriram características únicas, passando a ser consideradas como raças locais (Paim et al., 2019). No entanto, nenhum desses grupos genéticos alcançou o *status* de raça especializada para produção de carne. Nesse sentido, com o intuito de aumentar a produtividade da carne caprina, os primeiros indivíduos da raça Boer foram importados nos anos 1990 (Quadros & Cruz, 2017). Tal decisão foi baseada nas suas características de precocidade e rendimento de carcaça, as quais são superiores quando comparadas as demais raças caprinas (Hidalgo Moreno et al., 2020). Atualmente, a raça Boer está distribuída em vários estados do Brasil, em especial, na região Nordeste (Mcmanus et al., 2014). No entanto, poucas informações sobre os parâmetros populacionais e a diversidade genética da raça Boer no Brasil são encontradas (Menezes et al., 2015).

O estudo dos parâmetros populacionais pode prover informações norteadoras de ações futuras em programas de melhoramento genético (Barbosa et al., 2013). Adicionalmente, a avaliação da diversidade genética e da estrutura de uma população por meio das informações de *pedigree* é prática e de baixo custo (Hidalgo Moreno et al., 2020) quando comparada ao uso de marcadores moleculares (Gowane et al., 2013). A análise dos *pedigrees* fornece informações estratégicas que permitem mensurar e avaliar a diversidade genética e a estrutura demográfica da população em questão (Rodrigues et al., 2021). É possível, por exemplo, constatar a ocorrência de uso intensivo de determinados indivíduos, o que geralmente leva a redução da diversidade genética (Santana Junior et al., 2012). Ressalta-se, no entanto, que as informações devam ser fiéis e completas ao máximo possível, visto que estudos conduzidos com base em *pedigrees* incompletos podem subestimar parâmetros populacionais (Scraggs et al., 2014).

Dessa forma, objetivou-se descrever e analisar, com base em dados de *pedigrees*, a diversidade genética e a estrutura populacional da raça caprina Boer no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Este estudo foi autorizado pela Comissão de Ética no uso de animais da Universidade Federal da Bahia, sob protocolo 067/2018.

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de 22.650 *pedigrees* de animais da raça Boer, nascidos no período entre 1980 e 2019, registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Caprinos - ABCC. As informações referentes a cada animal consistiram de: pai, mãe, sexo, data de nascimento e rebanho.

Os parâmetros populacionais analisados foram nível de integralidade do *pedigree*, intervalo médio de geração (IG), probabilidade de origem do gene, coeficiente médio de relação (CR), coeficiente de endogamia (F) e índice de conservação genética (ICG), sendo utilizado o programa ENDOG 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O nível de integralidade do *pedigree* foi determinado com base no 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 das quatro passagens gaméticas: pai-filho (LPM), pai-filha (LPF), mãe-filho (LMM) e mãe-filha (LMF). O IG médio foi obtido por $L = 1/4 (LPM + LPF + LMM + LMF)$.

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 proposto por Meuwisen & Luo (1992).

O aumento da endogamia (ΔF) para cada geração foi calculado através da equação: $\Delta F = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$, onde F_t é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração e F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia estimado para a geração anterior.

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

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 expressou a quantidade de fundadores cuja contribuição produziu a mesma variabilidade genética encontrada na população (Vercesi Filho et al., 2002). Por sua vez, f_a expressou o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética total da população (Sölkner et al., 1998).

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 iv) isolado, rebanho que utilizou reprodutores do próprio rebanho, mas que não os comercializa.

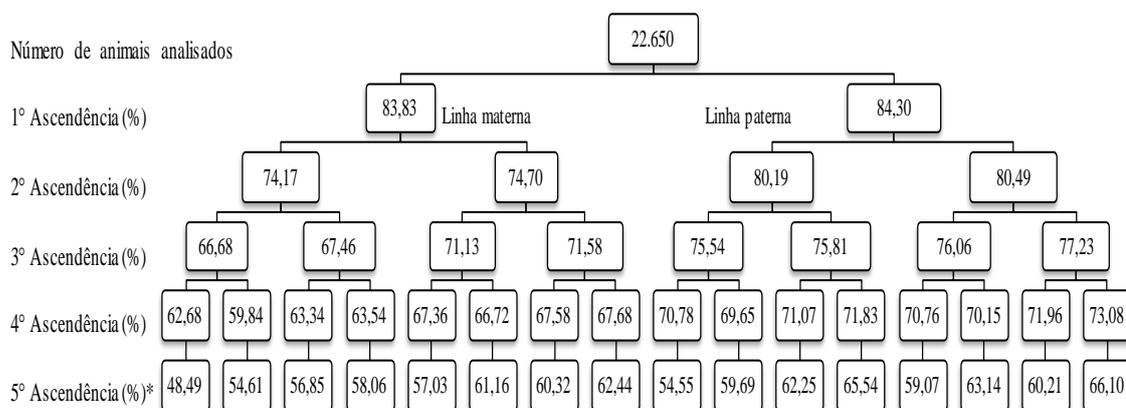
O índice de conservação genética (ICG) foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores identificados, considerando a proporção do gene do animal fundador no *pedigree*, de acordo com a equação sugerida por Alderson (1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 22.650 *pedigrees* analisados, 84,06% apresentaram ancestrais conhecidos na primeira, 77,38% na segunda, 72,43% na terceira, 68,00% na quarta e 59,34% na quinta ascendência. (Figura 5). A quantidade de indivíduos com ascendência desconhecida na primeira e quinta ascendência neste estudo (15,93% e 40,66%, respectivamente) revelou nível satisfatório de integralidade dos *pedigrees*. Haja vista que, a baixa quantidade de informações genealógicas dos pequenos ruminantes comparados a outras espécies tem sido um fato comum (Menezes et al., 2015). Estudos prévios realizados com as raças caprinas Murciana Granadina (Oliveira et al., 2016) e Anglo-Nubiana (Sousa et al., 2018; Larios-Saraiba et al., 2020), mostraram que o percentual de indivíduos com ascendência desconhecida na primeira ascendência variou de 14,04% a 48,00%. Portanto, o nível de integralidade do *pedigree* encontrado no presente estudo dá consistência aos parâmetros populacionais estimados para a raça Boer no Brasil.

As médias do número máximo de gerações, gerações completas e gerações equivalentes foi de 8,22; 2,79 e 4,86, respectivamente. O número de gerações

equivalentes foi superior ao encontrado na raça Boer criada no México (Hidalgo-Moreno et al., 2020); o número máximo de gerações, gerações completas e gerações equivalentes também foram maiores que aquelas verificadas nas raças Murciano Granadiana (Oliveira et al., 2016) e Adani Iraniana (Joezy-Shekalgorabi et al., 2017). Dessa forma, os valores desses referidos parâmetros encontrados na raça Boer no Brasil, reforçam o nível satisfatório das informações genealógicas verificadas.



*Média de pai + mãe na 5ª Ascendência

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

O número de animais registrados foi baixo nos primeiros 10 anos de controle oficial da raça no Brasil (1980-1989), com uma média de 17,9 registros anuais; o número de animais registrados por ano aumentou gradativamente nas décadas seguintes, sendo que o maior número de animais registrados/ano (2.723) foi obtido em 2017. Do total da população registrada, 64,76% eram fêmeas e 35,24% machos, sendo que, a proporção macho:fêmea foi mais expressiva em 2015, quando 72,71% dos animais registrados eram fêmeas (Figura 6).

Nos primeiros 20 anos de registros da raça Boer no Brasil, a quantidade média anual de rebanhos que realizavam registro de animais foi de 6,8, sendo que no período de 1980 a 1995, essa média foi de somente 2,3 rebanhos/ano. A maior quantidade de rebanho com animais registrados ocorreu no período de 2012 a 2018, com média de 141,6 rebanhos/ano, sendo que o valor mais elevado foi de 166 rebanhos no ano 2016. O rebanho mais constante na associação registrou animais em 33 dos 40 anos de controle oficial da raça Boer no Brasil.

Nenhum rebanho realizou registro de forma sequenciada durante todo o período de controle da raça; 86,46% dos rebanhos tiveram animais registrados de maneira sequenciada por um período de até 10 anos; 29,69% dos rebanhos tiveram só registros sequenciados, ainda que individualmente não o fizeram na mesma época; 36,82 tiveram registros de no mínimo dois anos sequenciados em algum momento; o rebanho que teve mais registros de forma sequenciada o fez por 31 anos consecutivos. Por outro lado, 9,98% dos rebanhos não realizaram registros em anos consecutivos; 23,51% tiveram animais registrados em um único ano; um rebanho apresentou intervalo de 14 anos entre os anos de registro (1996 - 2011). Na última década, 60,10% dos rebanhos tiveram animais registrados. Ao longo dos 40 anos de registro da raça, apenas 0,95% dos rebanhos tiveram animais registrados, por vinte anos ou mais, em período sequenciados ou isolados; o número de animais registrados por rebanho variou de 1 a 2.431 animais ao longo dos anos de registro da raça, sendo que 85,75% dos rebanhos registraram menos de 100 animais, 13,30% entre 100 a 500 e 0,95% registraram mais que 500 animais.

O baixo número de rebanhos nos primeiros anos de registro é algo esperado, devido ao desconhecimento da raça, da falta de tradição da produção comercial e aos preços elevados (Mcmanus et al., 2014), uma vez que, boa parte desses animais eram importados. No decorrer dos anos, o número de animais registrados aumentou gradativamente, ainda que 39,90% dos rebanhos não registraram animais na última década. Apesar das características notáveis e prestígio da raça Boer, este considerável percentual de rebanhos não registrados pode estar relacionado ao custo elevado do processo de registro, aos aspectos do mercado, à grande quantidade de rebanhos pequenos (Mcmanus et al., 2014) e, possivelmente, à quantidade considerável de animais fora do padrão racial.

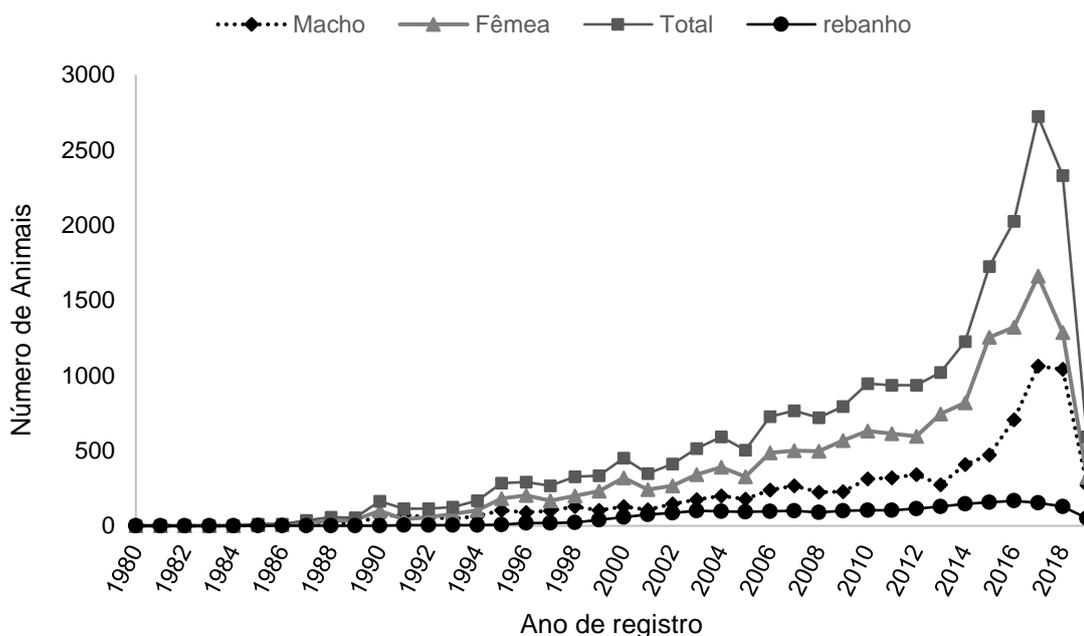


Figura 6. Número de rebanhos que fizeram registro de animais e número de animais da raça Boer registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Caprinos (ABCC) no período de 1980 a julho de 2019

A maioria dos rebanhos (73,65%) foi classificado como multiplicador, sendo que 82,35% classificados como multiplicador I, que usavam reprodutores comprados ou próprios e os vendiam, e 17,65% como multiplicador II, que usavam apenas reprodutores comprados e vendia. Os 26,35% restante eram rebanhos comerciais, dos quais 39,73% classificados como comercial I, que usavam reprodutores comprados ou próprios, mais não os vendia, e 60,27% como comercial II, que só usava caprinos comprados e não vendia. Não foram identificados rebanhos isolados ou do tipo núcleo.

A classificação dos rebanhos foi similar a descrita na população de caprinos da raça Saanen, onde 69,23% dos rebanhos foram classificados como multiplicadores e 30,77% como rebanhos comerciais (Paiva, 2016). Em contrapartida, em estudos com a raça Ardi (Aljumaah, 2019) e Murciano Granadina (Oliveira, 2012) a percentagem de rebanhos comerciais foi superior à de rebanhos multiplicadores. O grande número de rebanhos multiplicadores encontrados no presente estudo pode ser consequência da grande quantidade de animais utilizados em eventos, leilões e exposições.

O intervalo de gerações médio (IG) foi de $3,27 \pm 2,13$ anos, com intervalos próximos, nas quatro passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha,

cujos valores foram $3,11 \pm 2,18$; $3,23 \pm 2,08$; $3,12 \pm 2,21$ e $3,38 \pm 2,13$, respectivamente. As passagens gaméticas podem ser influenciadas por vários fatores tais como raça, espécie, tipo de criação e por critérios de substituições das matrizes e reprodutores (Teixeira Neto et al., 2013). A similaridade entre as passagens gaméticas foi provavelmente consequência da reposição de matrizes e reprodutores com períodos de duração semelhante dentro dos rebanhos.

Os IGs verificado no presente estudo foi semelhante ao descrito na raça Markhoz (Razmkabir & Mahmoudi, 2018), entretanto foi menor que o encontrado em estudo prévio com a raça Boer (Menezes et al., 2015); ressalta-se que neste referido estudo, apenas um único rebanho de conservação foi avaliado, enquanto, no presente estudo, os dados foram provenientes de 421 rebanhos manejados sob condições variadas.

O intervalo médio de geração pode interferir diretamente na evolução genética da raça, uma vez que IGs menores proporcionam maior ganho genético anual às características selecionadas (Rego Neto et al., 2017), podendo levar a um maior retorno econômico. Por outro lado, IGs longos podem favorecer a manutenção da diversidade genética, haja vista que os reprodutores, com acasalamentos direcionados, terão maior probabilidade de deixar maior quantidade de descendentes (Oliveira et al., 2016). O IG médio da raça Boer criados no Brasil encontra-se em um ponto intermediário, o que proporciona ganhos genéticos anuais adequados e possibilita a manutenção da diversidade genética da raça.

O coeficiente de relação médio (CR) apresentou alterações ao longo dos anos com o valor médio baixo (0,16%) nos primeiros anos de registro genealógico da raça no Brasil. O CR médio em todo período estudado foi 1,61%, sendo que nas duas últimas décadas houve elevação gradual de 0,46% para 2,18%. Apesar disso, 40,32% dos indivíduos apresentaram CR menor que 2,00%; o maior CR individual foi (7,89%) em 1999 (Figura 7).

Os valores de CR são importantes pois facilitam estimativas da endogamia a longo prazo (Goyache et al., 2010). De modo geral, quando CR chega a zero, a diversidade genética é maximizada (Oliveira et al., 2016), haja vista que valores abaixo de 2,1% são considerados baixos (Ghafouri-Kesbi, 2012). Valores de CR médio de 0,03%; 0,84%; 1,93%; 3,14% e 3,87% foram encontrados nas raças Murciano Granadina (Oliveira et al.,

2016), Marota (Barros et al., 2011), Markhoz (Rashidi et al., 2015), Anglo-Nubiana (Sousa et al., 2018) e Jamunapari (Mandal et al., 2021), respectivamente.

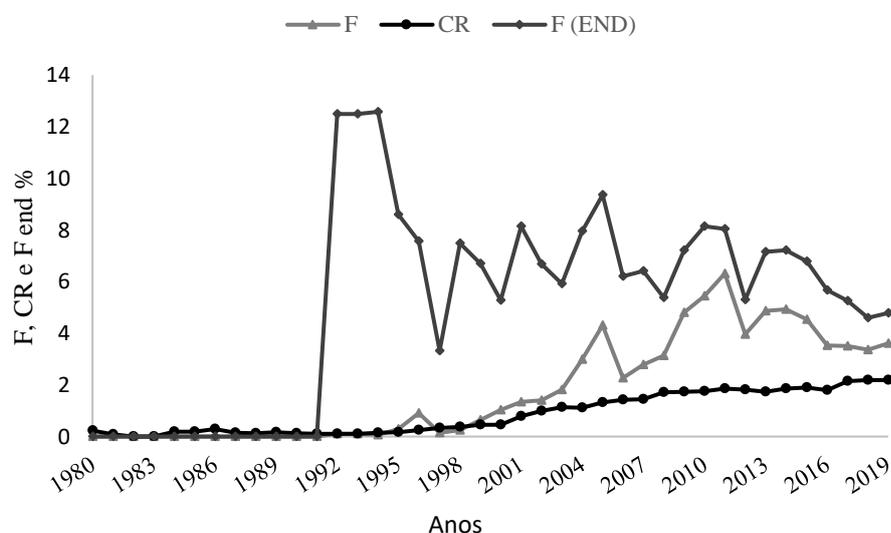


Figura 7. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (End) em caprinos da raça Boer

A endogamia (F) foi nula nos primeiros anos de registro da raça (1980-1991); no período subsequente ocorreram oscilações com tendência crescente, sendo que em 2011, foi verificado a média anual mais elevada (6,32%). O maior valor de F individual encontrado foi de 55,37% em 2012. Vale ressaltar que 12.485 indivíduos (55,12% da população) eram endogâmicos, com F médio de 6,19%. Dentre os indivíduos endogâmicos, 21,63% apresentaram valor de $F > 10,00\%$. O coeficiente médio de endogamia foi 3,41%, durante os 40 anos de registros (Figura 9).

Quanto a distribuição do F em função do sexo, verificou-se que 49,14% (3.910) dos machos e 39,98% (5.874) das fêmeas apresentaram $F \geq 0,01$ a $\leq 10,00$. Os percentuais de machos que apresentaram $F > 10$ foi superior ao de fêmeas (Tabela 9). Os baixos valores de endogamia podem estar relacionados ao acasalamento controlado (Sousa et al., 2018) e/ou pelo livro genealógico aberto para fêmeas da raça Boer, uma vez que os níveis de endogamia são mais elevados quando os livros genealógicos estão fechados (Medeiros et al., 2014).

Tabela 9. Níveis de endogamia para machos e fêmeas em caprinos da raça Boer

Nível de F	Machos	Fêmeas	Total por Nível
0,00%	3.003	7.162	10.165
0,01 - 10%	3.910	5.874	9.784
10,01 - 20%	615	951	1.566
20,01 - 30%	367	554	921
30,01 - 40%	57	130	187
> 40%	5	22	27

Os valores de CR e F variaram de 0,78% a 3,44% e de 0,25% a 14,21%, nos indivíduos com uma e sete gerações completas, respectivamente. Nos animais endógamos o valor de F variou de 3,77% com uma geração e 14,21% com sete gerações completas (Tabela 10). A determinação do CR e F em razão da quantidade de gerações completas, apesar da esperada relação direta, demonstra a relevância do conhecimento da ancestralidade para melhor controle dos acasalamentos. Um animal com baixo CR e elevado F pode ser utilizado na reprodução sem danos na variabilidade da população (Sousa et al., 2018). Na raça Boer foram identificados indivíduos com essa característica que podem também ser usados em acasalamentos orientados para diminuir a perda da diversidade genética da raça.

Foi sugerido que valores médios de F superiores a 10% são indesejáveis, uma vez que, valores mais elevados podem predispor a população a depressão endogâmica (Paiva et al., 2011), aumento da homozigose e a presença de genes recessivos indesejáveis (Holanda et al., 2021). A média de F no decorrer dos anos foi mantida em níveis inferiores a 10%, consequência provavelmente da introdução de reprodutores importados, pouco relacionados com a população, bem como, acasalamentos direcionados (Menezes et al., 2015). Vale destacar que os valores de endogamia podem ser subestimados considerando a falta de informações de *pedigree*, principalmente nos primeiros anos de controle da raça.

Tabela 10. Número de animais (N), coeficiente de endogamia médio (F), animais endogâmicos (F End), número de animais endogâmicos (N End) e coeficiente de relação médio (CR) da raça Boer em função do número de gerações completas

Geração	N*	F (%)	F End (%)	N End	CR (%)
1	2561	0,25	3,77	173	0,78
2	2879	2,38	4,83	1416	1,34
3	3941	3,91	5,62	2745	1,77
4	5236	5,34	6,45	4338	2,21
5	3575	5,74	6,63	3096	2,69
6	694	8,05	8,05	694	3,04
7	23	14,21	14,21	23	3,44

*N= número de animais em cada geração

Sendo considerados animais com pelo menos duas gerações completas, o valor médio de F e CR foi 4,69% e 2,09%, respectivamente, com média de F de 6,23% para os animais endogâmicos (Figura 8). Os resultados, tomando como base animais com ancestralidade conhecida, mostraram-se mais precisos, visto que, podem ser influenciados por informações equivocadas ou incompletas, assim como, por entrada recente de animais sem genealogia conhecida (Boichard et al., 1997; Gutierrez et al., 2003). Ressalta-se que valores de F superiores a 10% podem aumentar a homozigose e a presença de genes recessivos indesejáveis (Paiva et al., 2011), podendo provocar o aparecimento de defeitos fenotípicos e influenciar negativamente as características produtivas (Vostry et al., 2018). Os resultados obtidos para duas ou mais gerações completas na raça Boer permitem inferir que há número importante de acasalamentos entre animais aparentados mesmo que com menor frequência.

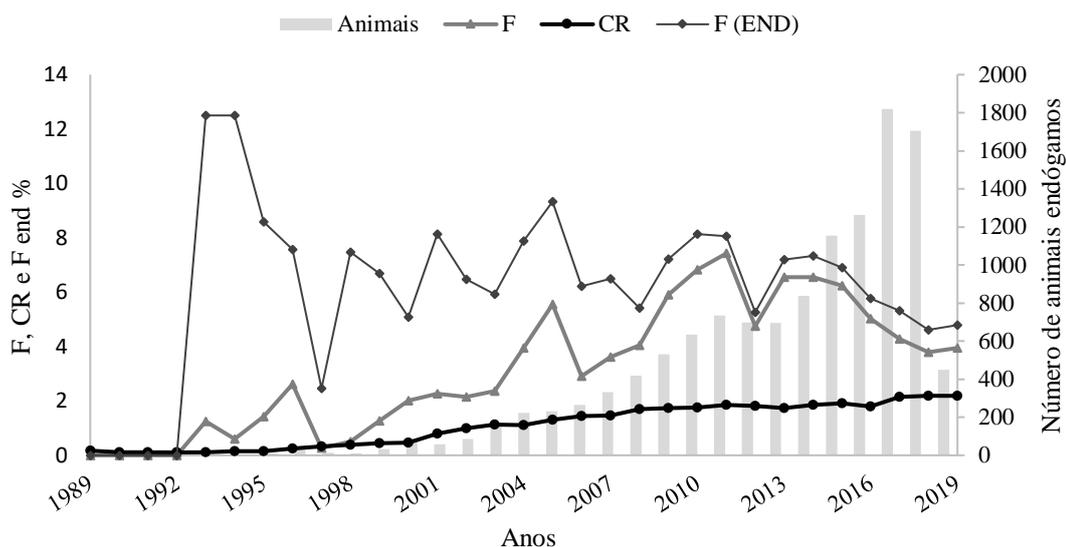


Figura 8. Número de animais, valores da endogamia (F), coeficiente de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (End) dos caprinos da raça Boer que apresentam no mínimo duas gerações completas

O número total de fundadores foi 2.013 indivíduos e o número efetivo de fundadores (f_e) foi 262 (13,01%), o que indica que está ocorrendo contribuição desequilibrada dos fundadores (reprodutores e matrizes) para a população. Os dez principais fundadores, 6 machos e 4 fêmeas, são provenientes de um mesmo rebanho, os quais tiveram 25 progênes e contribuíram com 10,63% da variabilidade total da raça (Figura 9). O baixo número de fundadores reduz o tamanho efetivo e a variabilidade genética da população, aumentando a homozigose e a perda de alelos pela deriva genética (Teixeira Neto et al., 2012). Nesse sentido, é recomendável o uso de reprodutores de linhagens diferentes das que vem sendo utilizadas, com o objetivo de manter ou até mesmo elevar a variabilidade genética da população.

O número total de ancestrais foi 1.881 e o número efetivo de ancestrais (f_a) foi 68 (3,61%). Observa-se que os 44 principais ancestrais (31 machos e 13 fêmeas) contribuíram com 50,02% da variabilidade genética da raça (Figura 9). Esse valor é considerado alto quando comparado às outras raças caprinas, como Boer criada no México (Hidalgo Moreno et al., 2020) e Murciano Granadina (Oliveira et al., 2016), nas quais 109 e 366 ancestrais representaram 50% da variabilidade genética da população, respectivamente. No presente estudo, o baixo número de ancestrais explicando mais que

a metade da variação genética é provavelmente consequência do uso desequilibrado de alguns reprodutores ao longo das gerações.

A relação entre o número efetivo de fundadores e de ancestrais (f_e/f_a) foi 3,85, o que sugere a ocorrência de efeito gargalo. Em estudo prévio com rebanho da Boer mantido em uma estação governamental - EMEPA, a relação f_e/f_a encontrada foi 2,59 (Menezes et al., 2015). Visto que o f_a complementa o f_e , na medida em que considera as perdas da variabilidade genética ocasionadas pelo uso desbalanceado de reprodutores (Gowane et al., 2014), quanto maior a distância entre f_e e f_a , menor a participação dos animais fundadores para formação da população ao longo das gerações. 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 ideal é que f_a e f_e sejam mais próximo possíveis da população fundadora (Sousa et al., 2018). Assim, a identificação de ocorrência do efeito gargalo remete à necessidade de monitoramento criterioso dos acasalamentos, para evitar a redução da variabilidade genética causada pelo uso desequilibrados de determinados reprodutores e matrizes.

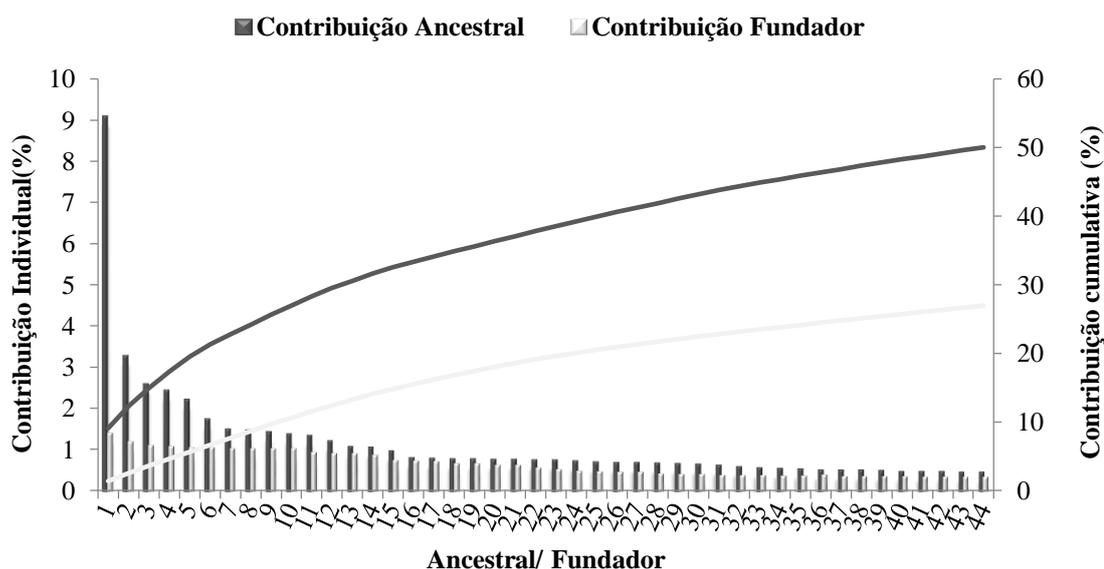


Figura 9. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais e fundadores de maior importância para a variabilidade genética da raça Boer

O índice de conservação genética individual variou de 0,90 a 114,74, com uma média geral de 22,90. Quanto ao sexo, 39,69% das fêmeas e 26,33% dos machos apresentaram $ICG \leq 10$. Considerando a população total 34,99% dos indivíduos

apresentaram $ICG \leq 10$; mais de 51% dos indivíduos tiveram contribuição de até 20 fundadores. Em contrapartida, 0,18% ($n=41$) dos indivíduos apresentaram $ICG > 90$ e, destes 17,07% ($n=7$) apresentaram $ICG > 100$ (Figura 10).

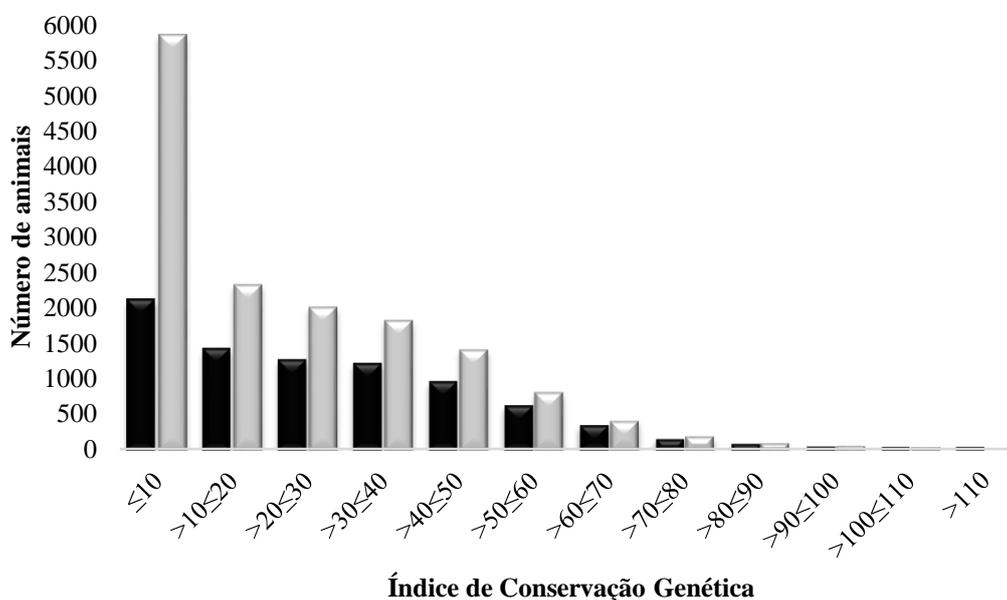


Figura 10. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Boer

Considerando o sexo, o ICG individual variou de 0,90 a 114,74 ($\bar{X}=21,06$) para machos e de 1,0 a 106,73 ($\bar{X}=26,29$) para fêmeas. A elevação anual desse parâmetro foi de 1,65 para machos e 1,25 para fêmeas (Figura 11). O aumento gradativo do ICG pode estar relacionado ao incremento dos níveis de troca de reprodutores entre os rebanhos (Drobik & Martyniuk, 2014), ao crescimento expressivo da população após o período inicial de registro da raça e também pode ser resultante do uso de reprodutores de diferentes “linhagens” de fundadores.

O ICG pode ser utilizado como uma importante ferramenta de seleção (Oliveira et al., 2016), visto que os indivíduos que apresentam ICG elevado são aqueles que possuem, de forma mais equilibrada, os genes passados pelos fundadores (Menezes et al., 2015). Assim, animais com ICGs elevados identificados no presente estudo poderão ser utilizados de forma estratégica em acasalamentos direcionados, visando manter/elevar a variabilidade genética.

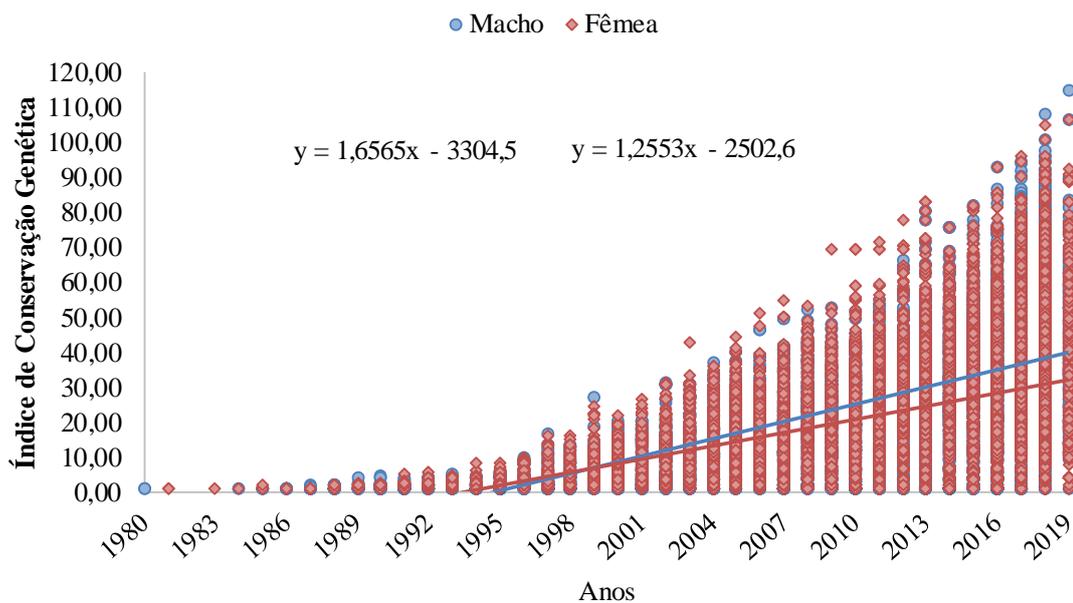


Figura 11. Índice de Conservação Genética (ICG) de machos e fêmeas por ano de registro da raça Boer

CONCLUSÕES

Existem indivíduos que apresentam quantidade considerável de fundadores em seu *pedigree*, os quais podem ser usados de forma direcionada para manter/elevar a diversidade genética nas futuras gerações;

O *pedigree* da raça Boer apresenta alto número de gerações equivalentes e nível satisfatório de integralidade;

A quantidade elevada de indivíduos endogâmicos com duas ou mais gerações completas merecem atenção no intuito de prevenir a ocorrência de impacto negativo sobre a variabilidade e características ligadas à produtividade.

REFERÊNCIAS

- ALCALÁ, A.M.; FRANGANILLO, A.R.; CÓRDOBA, M.M.V. Análisis genético de los niveles de consanguinidad en la raza Retinta. *Archivos de Zootecnia*, v.2, n.44, p.257-265, 1995.
- 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. 1992.
- ALJUMAAH, R. S. Simulated genetic gain of a close breeding program for Ardi goat in Saudi Arabia. *Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences*, v. 18, n. 4, p. 418-422, 2019.
- 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
- 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.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A. Parâmetros Populacionais do Rebanho Sindi Registrado no Brasil. *Revista Brasileira Zootecnia*, v.30, p.1989-1994, 2001.
- 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.
- 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.
- GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZPARDAL, 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.
- 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 analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding Genetics*, v. 122, p. 172–176, 2005.

HIDALGO-MORENO, J.A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA-MUÑIZ, J.G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; LARIOS-SARAIBA, N.; ZAABZA, H.B. Genetic diversity and population structure of Boer and Nubian goats Mexico. **Small Ruminant Research**, p. 106093, 2020.

HILL, W.G. A note on effective population size with overlapping generations. **Genetics**, v. 92, p. 317-322, 1979.

HOLANDA, L B., MARIUSSI, TV., QUATRIN, SC., DE MATOS, MR, 2021. Alterações congênitas em filhotes da raça Pug decorrente de acasalamento consanguíneo: Relato de caso. **PUBVET**. 15, 176. doi: org/10.31533/pubvet.v15n08a892.1-5.

JOEZY-SHEKALGORABI, S.; MAGHSOUDI, A.; TAHERI-YEGANEH, A.; RAJABI-MARAND, B. Genetic variability of Iranian Adani goat breed using pedigree analysis, **The Journal of Animal and Plant Science**, v.27, n.6, 2017.

LARIOS-SARABIA, N.; HIDALGO-MORENO, J. A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA-MUÑIZ, J. G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; BEN ZAABZA, H. Genealogical data of Boer Nubian Goats in Mexico, **Data in Brief**, v.29, p. 1-6, 2020.

LIMA, P.J.S.; SOUZA, D.L.; PEREIRA, G.F.; TORREÃO, J.N.C.; MOURA, J.F.P.; GOMES, J.T.; LOPEZ ACOSTA, J.M.; REY SANZ, S.; RIBEIRO, M.N.; PIMENTA FILHO, E.C. Gestão genética de raças caprinas nativas no estado da Paraíba. **Archivos de Zootecnia**, v. 56, n. Su1, p. 623-626, 2007.

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

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.

MANDAL, A.; BANEH, H., ROY, R.; NOTTER, D. R. Genetic diversity and population structure of Jamunapari goat in India using pedigree analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 2, p. 1-11, 2021.

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. M.; HERMUCHE, P.; PAIVA, S. R.; DALTRO, D.; ALFONZO, E. M.; FACO, O. Distribution of goat breeds in Brazil and their relationship with environmental controls. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 6, 2014.

MEDEIROS, B.R.; BERTOLI, C.B.; GARBADE, P.; MCMANUS, C. Brazilian Sport Horse: pedigree analysis of the Brasileiro de Hipismo breed. **Italian Journal of Animal Science**, v. 13, p. 657-664, 2014.

MENEZES, L. M.; SOUSA, W. H.; CAVALCANTI FILHO, E. P.; CARTAXO, F. Q.; VIANA, J. A.; GAMA, L. T. Genetic variability in a nucleus herd of Boer goats in Brazil assessed by pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v.131: p. 85-92, 2015.

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

MOKHTARI, M, S.; MOGHBELI DAMANEH, M.; GUTIERREZ, J. P. Genetic variability and population structure of Raeini Cashmere goat breed assessed from pedigree analysis. **Journal of Livestock Science and Technologies**, v. 5, n. 1, p. 43-50, 2017.

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.

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.

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.

QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**, v.2, p.949–953, 1976.

RASHIDI, A.; MOKHTARI, M. S.; GUTIÉRREZ, J. P. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**, v.124, p. 1-8, 2015.

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.

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

SABBIONI, A.; VALENTINO, B.; FRANCESCA, T.M.; PAOLA, S. Genetic variability and population structure in the Italian Haflinger Horse from pedigree analysis. **Annali Facoltà de Medicina Veterinaria di Parma**, v. 27, p. 199–210, 2007.

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.

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.

SOUSA, J. E. R.; PAIVA, R. D. M.; SOUSA, W. H.; FAÇANHA, D. A. E.; NUNES, S. F.; MORAIS, J. H. G.; FERREIRA, J. B. Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Archivos de Zootecnia**, v.67.259: p. 428-434, 2018.

SOUSA, JER., PAIVA, RDM., SOUSA, WH., FAÇANHA, DAE., NUNES, SF., MORAIS, JHG., FERREIRA, JB, 2018. Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Archivos de Zootecnia**. 67.259, 428-434. doi: <https://doi.org/10.21071/az.v67i259.3801>.

SOUSA, W. H.; LEITE, R. M.H.; LEITE, P. R. M.; 1998. **Raça Boer: Caprinos tipo carne**. João Pessoa, EMEPA - PB, 31 p. (EMEPA - PB, Documentos, 21).

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

TEIXEIRA NETO, M.R.; CRUZ, J.F.; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVÊDO, D.M.M.R.; BOZZI, R.; MALHADO, C.H.M. Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis. **Ciência Rural**, v.42, p. 2037–2042, 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 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.

VOSTRY, L.; MILERSKI, M.; SCHMIDOVA, J.; VOSTRA-VYDROVA, H. Genetic diversity and effect of inbreeding on litter size of the Romanov sheep. **Small Ruminant Research**, v.168, p.25-31, 2018.

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.

IV – CAPÍTULO II

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA CAPRINA ANGLO-NUBIANA NO BRASIL

RESUMO - A raça de caprinos Anglo-Nubiana é a mais amplamente difundida no Brasil, mostrando a importância do monitoramento da genealogia, ferramenta importante à manutenção da produtividade, além de auxiliar na garantia de programas de melhoramento sustentáveis. Nesse sentido, objetivou-se descrever e analisar a estrutura populacional da raça Anglo-Nubiana, por meio da análise de *pedigree*. Dados de 45.205 indivíduos registrados junto à Associação Brasileira dos Criadores de Caprinos, nascidos de 1973 a 2021, foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia e índice de conservação genética. Do total de indivíduos estudados, 78,89%, 68,90%, 59,77%, 49,48% e 36,98% possuíam ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. Os números médios de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações nos 49 anos estudados foram 1,71, 3,62, e 10,36, respectivamente. O intervalo médio de gerações foi $3,53 \pm 2,21$. O número total de fundadores e ancestrais foram 3.329 e 3.219, respectivamente, enquanto que o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais foram 215 e 139, respectivamente. Os 55 principais ancestrais foram responsáveis por 50,03% da variabilidade genética total da raça. Os coeficientes médios de relação e de endogamia foram 0,78% e 2,68%, respectivamente, sendo que o parâmetro endogamia foi mais elevado (4,48) na população composta pelos indivíduos com duas ou mais gerações completas. O índice de conservação genética médio foi 4,39, tendo sido identificados sete indivíduos com valor acima de 20. A endogamia da raça Anglo-Nubiana apresenta níveis médios baixos nesta população, essencialmente porque o rebanho tem-se mantido aberto à introdução de novas fêmeas base. Além disso os dados coletados e estimados para a raça Anglo-Nubiana no Brasil revelam que existe diversidade genética considerável e podem ser utilizados para nortear ações de avaliação genética e programas de melhoramento equilibrados.

Palavras-chave: endogamia, índice de conservação genética, *pedigree*

POPULATION STRUCTURE AND GENETIC DIVERSITY OF ANGLO-NUBIAN GOAT BREED IN BRAZIL

ABSTRACT: The Anglo-Nubian is the most widespread goat breed in Brazil. The breed is important for "genealogy monitoring", an important tool for maintaining productivity and ensuring sustainable breeding programs. The objective was to describe and to assess the population structure of the Anglo-Nubian breed using pedigree analysis. Data of 45,205 goat individuals registered at the Brazilian Association of Goats Breeders and born from 1973 to 2021 were evaluated for integrality, average generation interval, probability of gene origin, average relationship coefficient, inbreeding coefficient, and genetic conservation index. Of all individuals, 78.89%, 68.90%, 59.77%, 49.48% and 36.98% revealed known ancestors in first, second, third, fourth and fifth ancestry, respectively. The average number of complete generations, equivalent generations, and maximum number of generations for the 49 years were 1.71, 3.62, and 10.36, respectively. The average generation interval was 3.53 ± 2.21 . The total number of founders and ancestors were 3,329 and 3,219, respectively, while the effective number of founders and the effective number of ancestors were 215 and 139, respectively. The top 55 ancestors were responsible for 50.03% of the total genetic variability of the breed. The average relationship and inbreeding coefficients were 0.78% and 2.68%, respectively. Inbreeding coefficient was higher (4.48) in the population composed of individuals with two or more complete generations. The average genetic conservation index was 4.39, with seven individuals having a value above 20. Inbreeding within Anglo-Nubian breed has average-to-low levels especially because the herd has been fully exposed to the introduction of new females. Furthermore, collected and estimated data on Anglo-Nubian breed in Brazil revealed considerable genetic diversity, thus, individuals can be used to guide genetic evaluations and balanced breeding programs.

Keywords: inbreeding, genetic conservation index, *pedigree*

INTRODUÇÃO

A criação de pequenos ruminantes é uma atividade em desenvolvimento, apresentando um importante papel sócio-econômico no Brasil. O rebanho nacional possui aproximadamente 11 milhões de caprinos, com aproximadamente 95% dos animais localizados na região Nordeste (Sidra-IBGE, 2021). Os caprinos exercem uma relevante função econômica e social (Hidalgo Moreno et al., 2020), pois se adaptam bem em diversos sistemas de produção e ambientes (Quadros & Cruz, 2017), apresentando vantagens em ambientes considerados desfavoráveis para outras espécies pecuárias (Oliveira et al., 2016).

Historicamente, várias raças caprinas foram introduzidas no Brasil pelos colonizadores (Mariante et al., 2009) e, no decorrer do tempo, passaram por um extenso processo de seleção natural e adaptação, o que lhes conferiu algumas características singulares, sendo, a partir disso, denominadas de raças locais (Paim et al., 2019). No entanto, apesar da considerável resistência, esses animais não possuem elevado desempenho produtivo. A partir disso, na busca por rebanhos mais produtivos e/ou, originar rebanhos de dupla aptidão, a raça Anglo-Nubiana foi introduzida no Brasil (Oliveira et al., 2009). Na década de 30 (Nogueira Filho., 2006). Os animais dessa raça possuem aptidão mista - produção de carne e leite - e alta capacidade de adaptação (Quadros & Cruz, 2017). Atualmente, é a raça mais amplamente difundido no Brasil (Mcmanus et al., 2014).

O monitoramento da genealogia dos animais é muito importante à manutenção da produtividade, uma vez que, o acompanhamento dos parâmetros populacionais pode prover informações norteadoras para futuras ações em programas de melhoramento genético (Barbosa et al., 2013), além de clarear importantes circunstâncias que influenciam a história genética das populações (Valera et al, 2005) Desta forma, analisar a diversidade genética das populações se torna fundamental para garantir programas de melhoramento sustentáveis (Hidalgo Moreno et al., 2020).

Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi descrever e analisar a estrutura populacional dos caprinos da raça Anglo-Nubiana no Brasil, por meio da análise de *pedigree*.

MATERIAL E MÉTODOS

Dados

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de 45.205 *pedigrees* de animais da raça Anglo-Nubiana provenientes de 29.476 fêmeas e 15.729 machos nascidos no período entre 1973 e 2021, registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Caprinos - ABCC. As informações referentes a cada animal foram de: pai, mãe, sexo, data de nascimento e rebanho.

Análise de *pedigree*

Os parâmetros populacionais analisados foram nível de integralidade do *pedigree*, intervalo médio de geração (IG), probabilidade de origem do gene, coeficiente médio de relação (CR), coeficiente de endogamia (F) e índice de conservação genética (ICG). Para isso, utilizou-se o programa ENDOG 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Integralidade do *pedigree*

O nível de integralidade do *pedigree* foi determinado com base no 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, no qual “n” foi o número de gerações que separavam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Maignel et al., 1996).

Intervalo de Geração

O intervalo médio de gerações foi calculado a partir das quatro passagens gaméticas: pai-filho (LPM), pai-filha (LPF), mãe-filho (LMM) e mãe-filha (LMF). O IG médio foi obtido por $L = 1/4 (LPM + LPF + LMM + LMF)$.

Estrutura genética

Para o cálculo do coeficiente de endogamia para todo o *pedigree*, definido como a probabilidade de dois indivíduos apresentarem cópia do mesmo alelo em função de um ascendente em comum, foi utilizado o algoritmo proposto por Meuwisen & Luo (1992).

O aumento da endogamia (ΔF) para cada geração foi calculado por meio da equação: $\Delta F = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$, na qual F_t é o coeficiente médio de endogamia

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

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

Probabilidade de origem do gene e índice de conservação genética

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 expressou a quantidade de fundadores cuja contribuição produziu a mesma variabilidade genética encontrada na população (Vercesi Filho et al., 2002). Enquanto que o f_a expressou o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para se explicar a diversidade genética total da população (Sölkner et al., 1998).

O índice de conservação genética (ICG) foi calculado a partir das contribuições genéticas de todos os fundadores identificados, considerando a proporção do gene do animal fundador no *pedigree*, de acordo com a equação sugerida por Alderson (1992).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 45.205 animais analisados, 78,89% apresentaram ancestrais conhecidos na primeira, 68,90% na segunda, 59,77% na terceira, 49,48% na quarta e 36,98% na quinta ascendência. (Figura 12).

A quantidade de indivíduos com ascendência desconhecida na primeira e terceira ascendência (21,11% e 40,23%, respectivamente) revelou nível moderado de integralidade dos *pedigrees*, haja vista, uma quantidade razoável de animais base ou com informações limitadas no *pedigree*. A menor disponibilidade de informações dos ascendentes mais distantes parece ser um fato comum nos *pedigrees* de animais de produção e pode afetar a estimativa de alguns parâmetros populacionais. Estudos anteriores realizados com as raças caprinas Anglo-Nubiana (Larios-Saraiba et al., 2020) e Boer (Larios-Saraiba et al., 2020) no México, Anglo- Nubiana (Sousa et al., 2018) e

Saanen (Medeiros, 2011) no Brasil, mostraram que o percentual de indivíduos com ascendência desconhecida na terceira ascendência foi de 39,38%; 60,25%; 84,19% e 88,42%, respectivamente.

As médias do número máximo de gerações, gerações completas e gerações equivalentes foram de 10,36, 1,71 e 3,62, respectivamente. O número de gerações equivalentes foi maior do que os encontrados nas raças Adani (Joezy-Shekalgorabi et al., 2017), Caxemira (Mokhtari et al., 2017) e Boer (Hidalgo-Moreno et al., 2020), cujos valores foram 0,93, 1,25 e 2,02 respectivamente; o número máximo de gerações, também, foi superior às raças Marota (Barros et al., 2011) e Murciano Granadina (Oliveira, 2012); e o número de gerações completas foi superior às raças Marota (Barros et al., 2011) e Saanen (Medeiros, 2011). Dessa forma, os valores encontrados na raça Anglo-Nubiana foram superiores aos encontrados em outros estudos similares indicando um maior controle genealógico da raça quando comparado com outros estudos correlatos. Apesar disso, medidas voltadas à melhoria do registro de dados são necessárias na raça.

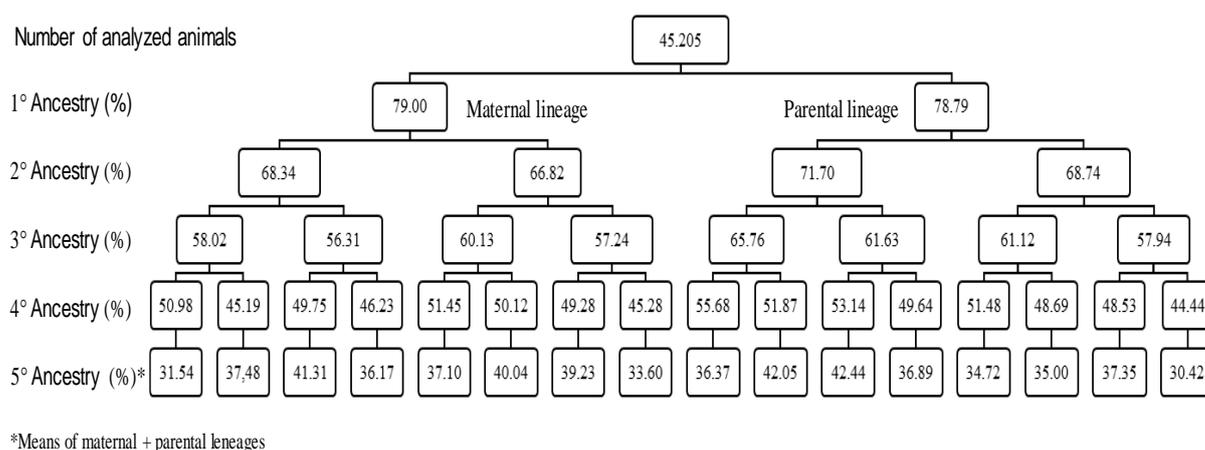


Figura 12. Integralidade do *pedigree* da raça Anglo-Nubiana com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5° ascendência

O intervalo de gerações médio (IG) foi de $3,53 \pm 2,21$ anos, com pequena diferenciação entre as passagens gaméticas de pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha, cujos valores foram $3,48 \pm 2,31$, $3,38 \pm 2,21$, $3,45 \pm 2,22$, $3,69 \pm 2,17$, respectivamente. Observa-se um elevado desvio padrão resultado possivelmente da permanência

desequilibrada dos reprodutores no rebanho. Os intervalos similares para as passagens gaméticas são provavelmente reflexo da reposição de matrizes e reprodutores com períodos de duração semelhantes dentro dos rebanhos. No entanto, o IG também pode ser influenciado por outros fatores, tais como, idade reprodutiva inicial dos reprodutores e matrizes, tempo de permanência dos animais no rebanho, intervalo entre partos, raças (Teixeira Neto et al., 2013; Figueredo et al., 2019).

Em estudos anteriores com as raças Markhoz (Rashidi et al., 2015) e Boer (Menezes et al., 2015), os valores médios de IG foram semelhantes aos encontrados no presente estudo, ao passo que, foram superiores aos relatados nas raças Murciano Granadina (Oliveira et al., 2016) e Adani (Baneh et al., 2020), cujas medias foram 2,77 e 2,87, respectivamente.

O número de animais registrados foi baixo nos primeiros 15 anos de controle oficial da raça Anglo-Nubiana no Brasil (1973-1987), com uma média de 31,13 registros anuais; o número de animais registrados por ano aumentou gradativamente nas décadas seguintes, sendo que, o maior número de animais registrados/ano (3.141) foi obtido em 2019. Do total da população registrada, 65,21% eram fêmeas e 34,79% machos, assim, a proporção macho:fêmea foi mais expressiva em 1984 quando 83,34% dos animais registrados eram fêmeas (Figura 13).

Nos primeiros 16 anos de registros da raça Anglo-Nubiana no Brasil, a quantidade média anual de rebanhos que realizavam registro de animais foi de 31,19, sendo que no período de 1973 a 1975, essa média foi de somente 6 rebanhos/ano, provavelmente por se tratar dos primeiros anos de registro da raça no Brasil. Já o ano com a maior quantidade de rebanho com animais registrados ocorreu em 2010, com 466 rebanhos/ano. O rebanho mais constante na associação registrou animais em 5 dos 48 anos de controle oficial da raça Anglo-Nubiana no Brasil.

Nenhum rebanho teve animais registrados de forma sequenciada durante todo o período de registros da raça. Na última década, 34,13% dos rebanhos tiveram animais registrados, o número de animais registrados por rebanho variou de 1 a 98 animais ao longo dos anos de registro da raça, sendo que 98,78% dos rebanhos registraram até 50 animais.

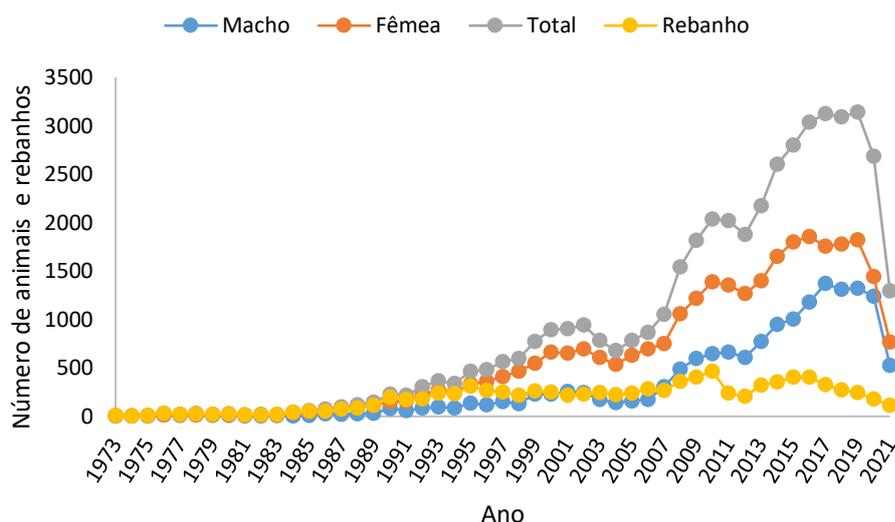


Figura 13. Número de rebanhos que fizeram registro de animais e número de animais da raça Anglo-Nubiana registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Caprinos (ABCC) no período de 1973 a julho de 2021

O número total de fundadores foi 3.329 indivíduos e o número efetivo de fundadores (f_e) foi 215 (6,46%), o que indica que está ocorrendo contribuição desequilibrada dos fundadores (reprodutores e matrizes) para a população. Os dez principais fundadores, sete machos e três fêmeas, são provenientes de rebanhos diferentes, os quais tiveram 403 progênes e contribuíram com 11,38% da variabilidade total da raça, vale ressaltar que os quatro principais, todos machos contribuíram com 6,36% da variabilidade total e tiveram 156 progênes (Figura 14). A contribuição de cada fundador para a variabilidade genética varia em função da quantidade de descendentes deixados na população (Teixeira Neto et al., 2013).

O número total de ancestrais foi 3.219 e o número efetivo de ancestrais (f_a) foi 139 (4,32%). Observa-se que os 55 principais ancestrais contribuíram com 50,03% da variabilidade genética (Figura 14). A quantidade de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética é bastante variada, tendo sido observado 11, 22, 26 e 57 nas raças Adani (Baneh et al., 2020), Marota (Barros et al., 2011), Adani Iraniana (Joezy-Shekalgorabi et al., 2017), respectivamente. Vale destacar que quando grande parte da variabilidade genética é proveniente de poucos ancestrais pode favorecer a ocorrência do

efeito gargalo, caso o direcionamento dos acasalamentos não aconteça de forma adequada (Oliveira et al., 2016).

O nível de participação dos animais fundadores na população no decorrer das gerações pode ser expresso aplicando-se a razão (f_e/f_a) (Boichard et al., 1997). É desejável que essa relação entre o número efetivo de ancestrais e o número efetivo de fundadores seja o mais próximo ou igual a 1 (Feely et al., 2020), pois quanto maior a razão (f_e/f_a), mais rigoroso são o efeito gargalo (Rashidi et al., 2015). No presente estudo, a relação entre o número efetivo de fundadores e de ancestrais (f_e/f_a) foi de 1,54, sugerindo a ocorrência de efeito gargalo.

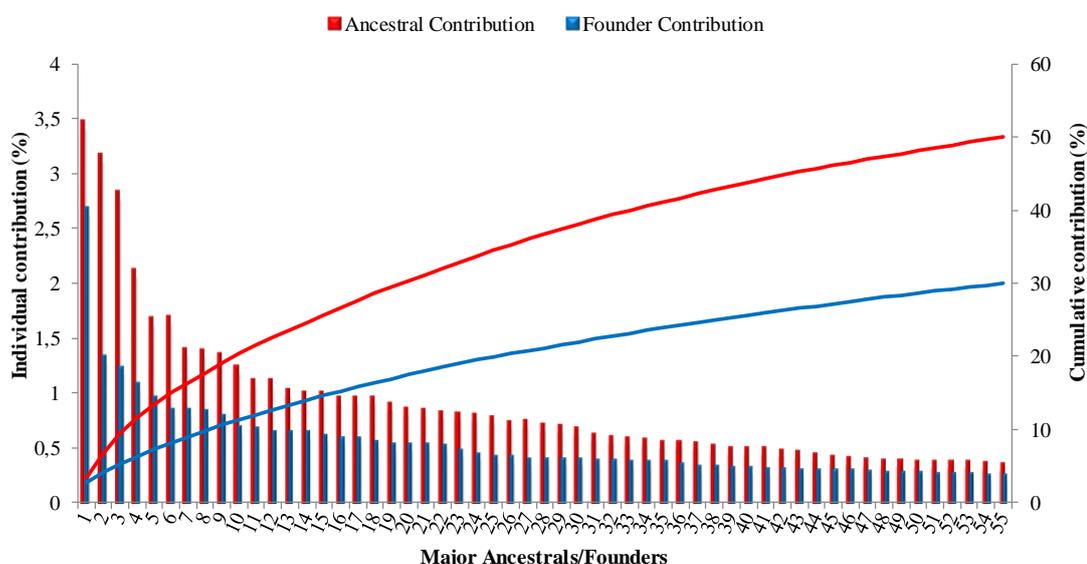


Figura 14. Contribuição individual e cumulativa dos ancestrais e fundadores de maior importância para a variabilidade genética da raça Anglo-Nubiana.

O coeficiente de relação médio (CR) apresentou alterações ao longo dos anos com o valor médio baixo (0,069%) nos primeiros anos de registro genealógico da raça no Brasil. O CR médio em todo período estudado foi 0,78 %, sendo que, nas duas últimas décadas, houve elevação gradual de 0,37% para 1,08%. O maior CR individual foi (3,07%) em 2007 (Figura 15).

Valores de CR médio encontrados em raças sob conservação e em raças comerciais variaram de 0,84% a 3,87% (Barros et al., 2011; Mandal et al., 2021) e 0,03% a 3,14% (Oliveira et al., 2016; Sousa et al., 2018) respectivamente. O CR verificado no presente estudo pode ser resultado da introdução de reprodutores de rebanhos base, os quais podem subestimar o valor real por não dispor de informações genealógicas. Vale ressaltar que CR acima de 2,10% são considerados altos (Ghafouri-Kesbi, 2012).

A endogamia (F) foi nula nos primeiros anos de registro da raça (1973-1981/1983-1985), uma vez que os valores de endogamia podem ser subestimados, quando há falta de informações no *pedigree*, o que é comum nos primeiros anos de controle de raça; no período subsequente ocorreram oscilações sendo que em 2015, foi verificado a média anual mais elevada de 3,81 %. O maior valor F individual encontrado foi de 53,37% em 2017. Ainda destacamos que, 23.116 indivíduos (54,77% da população) eram endogâmicos com F médio de 5,25%. Dentre os indivíduos endogâmicos, 18,81% apresentam valor de endogamia superior a 10,00%. O coeficiente médio de endógama foi de 2,68%, durante todos os anos de registro (Figura 15).

Quanto a distribuição do F em função do sexo, verificou-se que 45,76% (7.198) dos machos e 39,25% (29.476) das fêmeas apresentam $F \geq 0,01$ a $\leq 10,00$. Apesar de o número de macho registrados ser menor que o de fêmeas os percentuais de machos que apresentam $F > 10$ foram superiores aos das fêmeas, devido, provavelmente a utilização de poucos reprodutores macho nos rebanhos. Os valores de endogamia podem estar relacionados ao acasalamento controlado (Souza et al., 2018) e/ou pela situação atual do livro genealógico da raça Anglo-Nubiana, o qual se encontra aberta para registro de fêmeas, uma vez que os níveis de endogamia são mais elevados quando os livros genealógicos estão fechados (Medeiros et al., 2014). 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), o que leva a redução do valor médio de caracteres quantitativos (Barros, 2012). Em um rebanho da raça Anglo-Nubiana, a cada 1% de aumento no coeficiente de endogamia houve redução de 12g no peso ao nascimento (Souza et al., 2018).

Considerando apenas os animais que possuem no mínimo duas gerações completas (pais e avôs conhecidos), o valor médio para F e CR foi de 4,48% e 1,14% respectivamente com média de F de 5,28% para os animais endógamos. Destaca-se que valores elevados de endogamia podem ocasionar o aparecimento de defeitos fenotípicos e influenciar negativamente as características produtivas (Vostry et al., 2018).

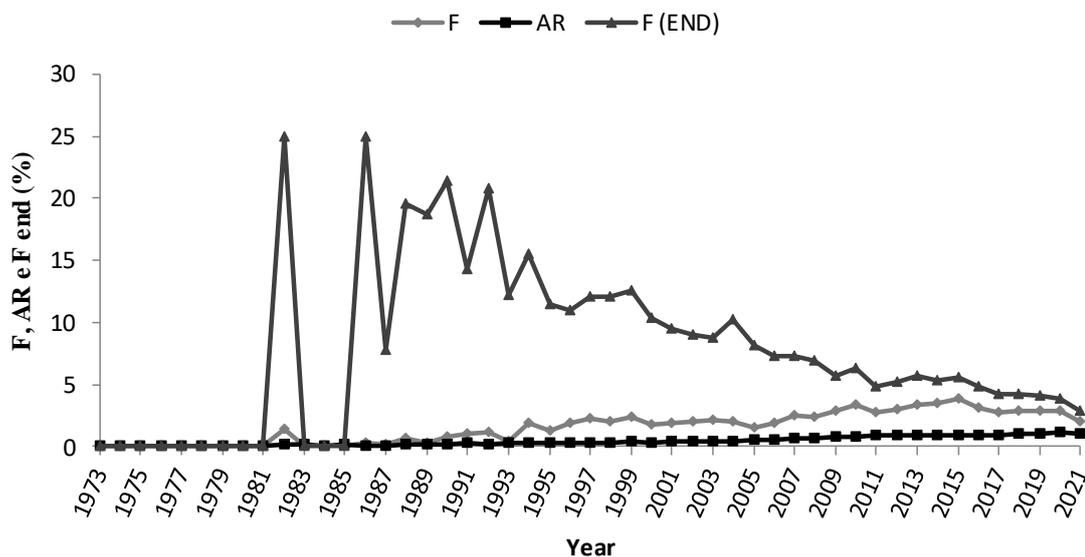


Figura 15. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (AR) e endogamia de animais endógamos F (End) em caprinos da raça Anglo-Nubiana.

O índice de conservação genética individual variou de 0,78 a 28,98, com uma média geral de 4,39. Quanto ao sexo, 81,99% das fêmeas e 81,66% dos machos apresentaram $ICG \leq 7$. Considerando a população total, 95,60% dos indivíduos apresentaram $ICG \leq 11$. Em contrapartida, 0,15% (n=68) dos indivíduos apresentaram $ICG > 20$ (Figura 16). Os animais com maiores valores de ICG podem ser utilizados de forma estratégica para manter ou até mesmo elevar e variabilidade genética nas gerações futuras, refletindo na permanência da maior diversidade genes na raça.

O ICG pode ser utilizado como uma importante ferramenta de seleção (Oliveira et al., 2016). Na raça Anglo- Nubiana considerando o sexo, o ICG individual variou de 0,82 a 28,98 ($\bar{x}=4,52$) para machos e de 0,78 a 28,98 ($\bar{x}=4,32$) para fêmeas. A elevação anual desse parâmetro foi de 0,078 para machos e 0,106 para fêmeas. O aumento

gradativo do ICG pode estar relacionado ao incremento dos níveis de troca de reprodutores entre os rebanhos (Drobik & Martyniuk, 2014), do crescimento expressivo da população após o período inicial de registro da raça e também resultante do uso de reprodutores de diferentes “linhagens” de fundadores.

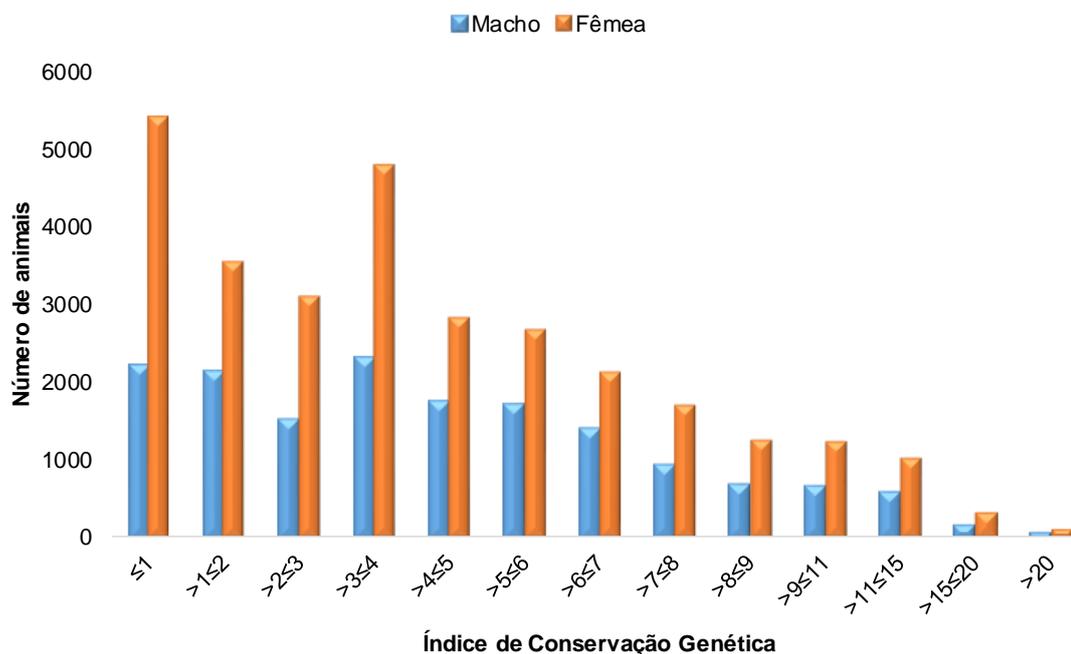


Figura 16. Número de animais por Índice de Conservação Genética da raça Anglo-Nubiana

CONCLUSÕES

A endogamia da raça Anglo-Nubiana apresenta níveis médios baixos nesta população, essencialmente, porque o rebanho tem-se mantido aberto à introdução de novas fêmeas base;

Embora os níveis de endogamia e coeficiente de relação se apresentarem baixos, os resultados obtidos revelaram a presença de gargalos genéticos para a raça Anglo-Nubiana;

Os dados coletados e estimados para a raça Anglo-Nubiana no Brasil revelam que existe diversidade genética considerável e podem ser utilizados para nortear ações de avaliação genética e programas de melhoramento equilibrados.

REFERÊNCIAS

- ALDERSON, GLH, 1992. 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.
- BANEH, H.; JAVANROUH, A.; SADEGHI, S. A. T.; YAZDANSHENAS, M. S.; MANDAL, A.; AHMADPANA, J.; MOHAMMADI, Y. Characterization of population structure and genetic diversity of Adani goats. **Journal of Livestock Science 339 and Technologies**, v. 8, n. 1, p. 79-89, 2020.
- BARBOSA, ACB., MALHADO, CHM., CARNEIRO., PLS., MUNIZ, LMS., AMBROSINI, DP., CARRILLO, JA., MARTINS-FILHO, R, 2013. Population structure of Nellore cattle in northeastern Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 42, 9, 639-644. doi: org/10.1590/S1516-35982013000900005.
- 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.; 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.
- 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.
- 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 2020.
- FIGUEREDO, JS., CRUZ, JF., SOUSA, LS., NETO, MT., CARNEIRO, PLS., BRITO, ND., PINHEIRO, RGS., LACERDA, KSO., MOTTIN, VD, 2019. Genetic diversity and population structure estimation of Brazilian Somali sheep from pedigree data. **Small Ruminant Research**. 179, 64-69. doi: org/10.1016/j.smallrumres.2019.09.010.
- 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.
- GUTIÉRREZ, JP, GOYACHE, F, 2005. A note on Endog: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding Genetics**. 122, 172–176. doi: org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x.

HIDALGO-MORENO, JA., NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R., GARCÍA-MUÑIZ, JG., RAMÍREZ-VALVERDE, R., LARIOS-SARAIBA, N., ZAABZA, HB, 2020. Genetic diversity and population structure of Boer and Nubian goats Mexico. **Small Ruminant Research**. 106093. doi: org/10.1016/j.smallrumres.2020.106093.

JOEZY-SHEKALGORABI, S.; MAGHSOUDI, A.; TAHERI-YEGANEH, A.; RAJABI-MARAND, B. Genetic variability of iranian Adani goat breed using pedigree analysis, **The Journal of Animal and Plant Science**, v.27, n.6, 2017.

LARIOS-SARABIA, N.; HIDALGO-MORENO, J. A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA-MUÑIZ, J. G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; BEN ZAABZA, H. Genealogical data of Boer Nubian Goats in Mexico, **Data in Brief**, v.29, p. 1-6, 2020.

LARIOS-SARABIA, N.; HIDALGO-MORENO, J. A.; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, R.; GARCÍA-MUÑIZ, J. G.; RAMÍREZ-VALVERDE, R.; BEN ZAABZA, H. Genealogical data of Boer Nubian Goats in Mexico, **Data in Brief**, v.29, p. 1-6, 2020.

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

MANDAL, A.; BANEH, H.; ROY, R.; NOTTER, D. R. Genetic diversity and population structure of Jamunapari goat in India using *pedigree* analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 53, n. 2, p. 1-11, 2021.

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 genec resources in Brasil. **Livestock Science**, v. 120, p. 204-212, 2009.

MCMANUS, C. M.; HERMUCHE, P.; PAIVA, S. R.; DALTRO, D.; ALFONZO, E. M.; FACO, O. Distribution of goat breeds in Brazil and their relationship with environmental controls. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 6, 2014.

MEDEIROS, B.R.; BERTOLI, C.B.; GARBADE, P.; MCMANUS, C. Brazilian Sport Horse: pedigree analysis of the Brasileiro de Hipismo breed. **Italian Journal of Animal Science**, v. 13, p. 657–664, 2014.

MEDEIROS, S.B. **Estrutura populacional dos rebanhos da raça Saanen participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros**. 2011. 33p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal). Universidade Federal Rural do Semi-Árido. 2011.

MENEZES, LM., SOUSA, WH., CAVALCANTI FILHO, EP., CARTAXO, FQ., VIANA, JA., GAMA, L. T, 2015. Genetic variability in a nucleus herd of Boer goats in Brazil assessed by pedigree analysis. **Small Ruminant Research**. 131, 85-92. doi: org/10.1016/j.smallrumres.2015.09.002.

MEUWISSEN, TI, LUO, Z, 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, 24, 305–313. doi: org/10.1186/1297-9686-24-4-305.

MOKHTARI, M, S.; MOGHBELI DAMANEH, M.; GUTIERREZ, J. P. Genetic variability and population structure of Raeini Cashmere goat breed assessed from

pedigree analysis. **Journal of Livestock Science and Technologies**, v. 5, n. 1, p. 43-50, 504 2017.

NOGUEIRA FILHO, A.; KASPRZYKOWSKI, J. W. A.. **O agronegócio da caprino-ovinocultura no Nordeste Brasileiro**. Série Documentos do ETENE, n. 09. Banco do Nordeste do Brasil, 2006. 56p.

OLIVEIRA, D. F.; CRUZ, J. F.; CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; RONDINA, D.; FERRAZ, R. C. N.; TEIXEIRA NETO, M. R. . Desenvolvimento ponderal e características de crescimento de caprinos da raça Anglonubiana criados em sistema semi-intensivo. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v. 10, p. 256-265, 2009.

OLIVEIRA, D., CRUZ, J., CARNEIRO, P. L., MALHADO, C., RONDINA, D., FERRAZ, R. D. C., & NETO, M. Desenvolvimento ponderal e características de crescimento de caprinos da raça Anglonubiana criados em sistema semi-intensivo. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, 10, 2009.

OLIVEIRA, RR., BRASIL, LHA., DELGADO, JV., PEGUEZUELOS, J., LEÓN, J.M., GUEDES, DGP., ARANDAS, JKG., RIBEIRO, MN, 2016. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. **Small Ruminant Research**. 144, 170-175. doi: org/10.1016/j.smallrumres.2016.09.014.

PAIM, TP., FARIA, DA., HAY, EH., MCMANUS, C., LANARI, MR., ESQUIVEL, LC., CASCANTE, MI., ALFARO, EJ., MENDEZ, A.; FACO, O., SILVA, KM., MEZZADRA, CA., MARIANTE, A., PAIVA, SR., BLACKBURN, HD, 2019. New world goat populations are a genetically diverse reservoir for future use. **Scientific reports**. 9, 1, 1-12. doi: org/10.1038/s41598-019-38812-3.

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.

QUAAS, RL, 1976. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**. 2, 949–953.

QUADROS, DG, CRUZ, JF, 2017. **Produção de ovinos e caprinos de corte**. EDUNEB: Salvador, 297.

RASHIDI, A., MOKHTARI, MS., GUTIÉRREZ, JP, 2015. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**. 124, 1-8. doi: org/10.1016/j.smallrumres.2014.12.011.

RASHIDI, A.; MOKHTARI, M. S.; GUTIÉRREZ, J. P. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**, v.124, p. 1-8, 2015.

SIDRA– IBGE. Pesquisa da Pecuária Municipal. Sistema IBGE de recuperação automática. Instituto de Brasileiro de Geografia e Estatística. **Censo Agropecuário 2019**. <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/ppm/tabelas> (acesso 09 de julho de 2021), 2021.

SÖLKNER, J., FILIPCIC, L., HAMPSHIRE, N, 1998. Genetic variability of populations and similarity of subpopulations in Austrian cattle breeds determined by analysis of pedigrees. **Animal Science**. 67, 249–256. doi:org/10.1017/S1357729800010006.

SOUSA, J. E. R.; PAIVA, R. D. M.; SOUSA, W. H.; FAÇANHA, D. A. E.; NUNES, S. F.; MORAIS, J. H. G.; FERREIRA, J. B. Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Archivos de zootecnia**, v. 67.259: p. 428-434, 2018.

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. **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.

VERCESI FILHO, AE., FARIA, FJC., MADALENA, FE., JOSAHKIAN, LA, 2002. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**. 54, 609 – 617. doi: org/10.1590/S0102-09352002000600009.

VOSTRY, L.; MILERSKI, M.; SCHMIDOVA, J.; VOSTRA-VYDROVA, H. Genetic diversity and effect of inbreeding on litter size of the Romanov sheep. **Small Ruminant Research**, v.168, p.25-31, 2018.

V. CONCLUSÕES FINAIS

De acordo com os resultados obtidos nos estudos conclui-se que

Existem indivíduos que apresentam quantidade considerável de fundadores em seu *pedigree*, os quais podem ser usados de forma direcionada para manter/elevar a diversidade genética nas futuras gerações;

O *pedigree* da raça Boer apresenta alto número de gerações equivalentes e nível satisfatório de integralidade;

A endogamia da raça Anglo-Nubiana apresenta níveis médios baixos nesta população, essencialmente porque o rebanho tem-se mantido aberto à introdução de novas fêmeas base;

Embora os níveis de endogamia e coeficiente de relação se apresentarem baixos, os resultados obtidos revelaram a presença de gargalos genéticos para a raça Anglo-Nubiana;

Os dados coletados e estimados para a raça Anglo-Nubiana no Brasil revelam que existe diversidade genética considerável e podem ser utilizados para nortear ações de avaliação genética e programas de melhoramento equilibrados.