



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

ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA
OVINA MORADA NOVA

Autor: Lorena Santos Sousa
Orientador: Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Junho de 2019

LORENA SANTOS SOUSA

**ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA
OVINA MORADA NOVA**

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

Orientador: Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz

Co-orientador: Prof. Dr. Milton Rezende Teixeira Neto

ITAPETINGA
BAHIA – BRASIL
Junho de 2019

636.3 Sousa, Lorena Santos

S697e Estrutura populacional da raça ovina morada nova. / Lorena Santos Sousa. - Itapetinga: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, 2019. 46fl.

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

1. Ovinos – Raça Morada Nova - Conservação genética. 2. Ovinos – Raça Morada Nova – Integralidade do *pedigree*. 3. Ovinos – Raça Morada Nova – Estrutura populacional. I. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Programa de Pós-Graduação em Zootecnia. II. Cruz, Jurandir Ferreira da. III. Teixeira Neto, Milton Rezende. IV. Título.

CDD(21): 636.3

Catálogo na fonte:

Adalice Gustavo da Silva – CRB/5-535

Bibliotecária – UESB – Campus de Itapetinga-BA

Índice Sistemático para Desdobramento por Assunto:

1. Ovinos – Raça Morada Nova - Conservação genética
2. Ovinos – Raça Morada Nova – Integralidade do *pedigree*
3. Ovinos – Raça Morada Nova – Estrutura populacional

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

Campus Itapetinga-BA

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: "Estrutura populacional da raça ovina Morada Nova".

Autor (a): Lorena Santos Sousa

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

Co-orientador (a): Prof. Dr. Herymá Giovane de Oliveira Silva

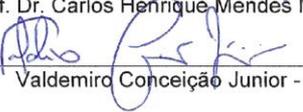
Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM ZOOTECNIA, ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: PRODUÇÃO DE RUMINANTES, pela Banca Examinadora:



Prof. Dr. Jurandir Ferreira da Cruz – UESB
Orientador



Prof. Dr. Carlos Henrique Mendes Malhado - UESB



Valdemiro Conceição Junior - UESB

Data de realização: 24 de julho de 2019.

“Ser feliz não é ter uma vida perfeita, mas humildade para reconhecer os erros, sabedoria para receber uma crítica injusta, coragem para ouvir um “não”, sensibilidade para dizer “eu te amo”, desprendimento para falar “preciso de você””.

Augusto Cury

A

*minha mãe que
foi o meu alicerce*

Ao

*meu namorado,
pelo incentivo*

Aos

*meus mestres,
pelos ensinamentos*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus pelo dom da vida e por guiar todos os meus passos para tudo que está destinado a mim.

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

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos.

Aos mestres e funcionários do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, em passar ensinamentos valiosos e me auxiliar na minha formação.

Ao meu orientador, professor Dr^o Jurandir Ferreira da Cruz, pela orientação, ensinamentos, compreensão e ajuda ao longo do mestrado.

À equipe do Laboratório de Reprodução de Caprinos e Ovinos – professor Jurandir, Jennifer, Vanessa, Rosilene, Natália, Kaike, Emmylli, John, Dalmar, Gilmar e Adriano, pelo suporte em todos os momentos dessa jornada e pelas amizades que ficam.

Aos amigos da PPZ-UESB, Vanessa, Yasmim, Yann, Karine, Joane e em especial Jennifer.

A Lucas e sua família, pelo apoio e amizade.

Aos meus amigos Jennifer, Bruna, Daniela, João e aos meus familiares por sempre me aconselharem, me ajudarem independente do momento, me dando suporte para conseguir alcançar tudo que sempre desejei.

A minha mãe maravilhosa Eliene, sem ela nem estaria onde estou, a minha irmã Raissa, por me ajudar em inúmeras coisas e a minha avó Terezinha por me escutarem e darem conselhos. A todas essas mulheres guerreiras e que são inspiração de vida para mim.

BIOGRAFIA

Lorena Santos Sousa, filha de Eliene Silva Santos e Altamirando de Araújo Sousa (*in memoria*), nasceu em Vitória da Conquista - BA, no dia 25 de outubro de 1993.

Em maio de 2016, concluiu o curso de Engenharia Agrônômica, na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. Durante a graduação foi bolsista de iniciação científica pela Fapesp e Uesb, fez estágio de nível superior e voluntária em monitoria.

Em março de 2017, 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 orientação do professor Drº Jurandir Ferreira da Cruz, realizando estudos na área de melhoramento genético animal.

LISTA DE ABREVIATURAS E SÍMBOLOS

CR	Coefficiente de relação
ENDOG	<i>Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information</i>
ΔF	Taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações
F	Coefficiente de consanguinidade
f_a	Número efetivo de ancestrais
f_e	Número efetivo de fundadores
F_{IS}	Correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes de sua subpopulação
F_{IT}	Correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes da população total
F_{ST}	Correlação dos genes da subpopulação em relação aos genes da população total
GC	Gerações completas
ICG	Índice de Conservação Genética
IG	Intervalo de Gerações
N_e	Tamanho efetivo da população
Vs	Versus

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	viii
LISTA DE TABELAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
I – REFERENCIAL TEÓRICO	01
1.1. Introdução	01
1.2. A raça Morada Nova	02
1.3. Estrutura Populacional.....	04
1.3.1. Integralidade do <i>pedigree</i>	04
1.3.2. Probabilidade de origem de genes.....	05
1.3.2.1. <i>Número efetivo de fundadores e de ancestrais</i>	06
1.4. Tipo de rebanho.....	07
1.5. Coeficiente de relação.....	08
1.6. Coeficiente de endogamia.....	09
1.7. Estatística F de Wright.....	10
1.8. Tamanho efetivo.....	12
1.9. Intervalo de gerações.....	13
1.10. Índice de conservação genética.....	14
Referências.....	15
II – OBJETIVO GERAL.....	23
III – MATERIAL E MÉTODOS.....	24
IV – RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
V – CONCLUSÕES.....	42
REFERÊNCIAS	43

LISTA DE FIGURAS

	Página
FIGURA 1. Ovinos Morada Nova Variedade Vermelha e Variedade Branca.....	03
FIGURA 2. Distribuição geográfica de ovinos da raça Morada Nova.....	24
FIGURA 3. Integralidade do <i>pedigree</i> da raça Morada Nova com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5 ^a ascendência.....	29
FIGURA 4. Número de animais da raça Morada Nova registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) no período de 1973 a 2018.....	31
FIGURA 5. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endógamos F (Endo) em ovinos da raça Morada Nova.....	34
FIGURA 6. Valores da endogamia (F) e coeficiente de relação (CR) dos ovinos da raça Morada Nova que apresentam no mínimo duas gerações completas.....	36
FIGURA 7. Coeficiente de relação e contribuição acumulativa e individual dos principais fundadores e ancestrais para a variabilidade genética da raça Morada Nova.....	37
FIGURA 8. Tamanho efetivo da população de ovinos da raça Morada Nova no período de 1979 a 2014.....	39
FIGURA 9. Índice de Conservação Genética (ICG) de machos e fêmeas por ano de registro da raça Morada Nova.....	40
FIGURA 10. Número de animais por Índice de Conservação Genética (ICG) da raça Morada Nova.....	41

LISTA DE TABELAS

	Página
TABELA 1. Número de gerações equivalentes, número de gerações completas e número máximo de gerações em diferentes raças de ovinos.....	05
TABELA 2. Número total de ancestrais e fundadores e número efetivo de fundadores e ancestrais em diferentes raças de ovinos.....	07
TABELA 3. Coeficiente de relação em diferentes raças de ovinos.....	09
TABELA 4. F_{IT} , F_{IS} e F_{ST} em diferentes raças de ovinos.....	11
TABELA 5. Média de intervalo de gerações em diferentes raças de ovinos.....	13
TABELA 6. Tipos de rebanhos da raça Morada Nova em função da origem e formas de utilização de reprodutores.....	32
TABELA 7. Número de animais (N), coeficiente de endogamia médio (F), animais endogâmicos (F _{Endo}), número de animais endogâmicos (N _{Endógamos}) e coeficiente de relação médio (CR) da raça Morada Nova em função do número de gerações completas.....	35

RESUMO

SOUSA, Lorena Santos. **Estrutura populacional da raça ovina Morada Nova**. Itapetinga, BA: UESB, 2019. 46 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia, Área de Concentração em Produção de Ruminantes) *.

RESUMO – Objetivou-se com este estudo descrever e analisar, através de *pedigree*, a estrutura populacional dos ovinos da raça Morada Nova. Dados de 11.423 indivíduos nascidos no período de 1973 a 2018 foram analisados quanto a integralidade, intervalo médio de geração, probabilidade de origem do gene, coeficiente de relação, coeficiente de endogamia, tamanho efetivo (N_e) e índice de conservação genética utilizando o programa ENDOG 4.8. Do total de indivíduos estudados, 53,50%, 34,89%, 24,45%, 18,97% e 14,15% possuíam ancestrais conhecidos na primeira, segunda, terceira, quarta e quinta ascendência, respectivamente. Na última década houve redução expressiva no número de animais registrados, com 807 vs 114 em 2010 e 2018. Os números médios de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações nos 45 anos estudados foram 1,20, 1,66 e 2,18, respectivamente. O intervalo médio de gerações foi $3,67 \pm 2,04$. O número total e efetivo de fundadores e de ancestrais foram iguais, 1.276 e 48, respectivamente. Vinte e seis ancestrais contribuíram com 50,45% da variabilidade genética total da raça. Os coeficientes médios de relação e de endogamia foram 1,30 e 6,55, respectivamente, entretanto, esses valores foram superiores na população composta pelos indivíduos com ancestralidade conhecida, 3,54 e 21,9, na mesma ordem. Os valores de F_{IS} , F_{IT} e F_{ST} foram -0,0149, 0,0594 e 0,0732, respectivamente. O tamanho efetivo variou de 10,58 a 84,81. O índice de conservação genética médio foi 2,22, variando de 1,00 a 11,76. Conclui-se que, a despeito da maioria dos indivíduos apresentarem baixo coeficiente de relação, a tendência de redução do número de animais registrados/ano aliada ao elevado nível de endogamia compromete à variabilidade genética e coloca a raça Morada Nova em risco de extinção.

Palavras-chave: conservação genética, integralidade do *pedigree*, raças ovinas locais

* Orientador: Jurandir Ferreira da Cruz, Dr. UESB e Co-orientador: Milton Rezende Teixeira Neto, Dr. UESB.

ABSTRACT

SOUSA, Lorena Santos. **Population structure of the Morada Nova sheep**. Itapetinga, BA: UESB, 2019. 46 p. Thesis (Master in Animal Science, Area of Concentration in Ruminant Production) *.

ABSTRACT - The objective of this study was to describe and analyze, through pedigree, the population structure of Morada Nova sheep. Data from 11,423 individuals born in the period from 1973 to 2018 had been analyzed in regard to integrality, average generation interval, gene origin probability, average relatedness coefficient, inbreeding coefficient, effective size and genetic conservation index using the ENDOG program 4.8. From the total number of individuals studied, 53.50%, 34.89%, 24.45%, 18.97% and 14.15% had known ancestors in the first, second, third, fourth and fifth ancestry, respectively. In the last decade, there was an expressive reduction in the number of registered animals, with 807 vs 114 in 2010 and 2018, respectively. The average numbers of complete, equivalent and maximum number of generations in the 45 years studied were 1.20, 1.66 and 2.18, respectively. The average generation interval was 3.67 ± 2.04 . The total and effective number of founders and ancestors were equal, 1,276 and 48, respectively. Twenty-six ancestors contributed to 50.45% of the total genetic variability of the breed. The average relatedness and inbreeding coefficients were 1.30 and 6.55, respectively, however, these values were higher in the population composed of individuals with known ancestry, 3.54 and 21.9, in the same order. The F_{IS} , F_{IT} and F_{ST} values were -0.0149, 0.0594 and 0.0732, respectively. The effective size ranged from 10.58 to 84.81. The average genetic conservation index was 2.22, ranging from 1.00 to 11.76. In conclusion, even though most individuals have a low relatedness coefficient, the tendency to reduce the number of animals registered / year combined with the high level of inbreeding compromise genetic variability and put the Morada Nova sheep at risk of extinction.

Key words: genetic conservation, *pedigree* integrity, sheep local breeds

*Adviser: Jurandir Ferreira da Cruz, D.Sc. UESB. Co-adviser: Milton Rezende Teixeira Neto, D.Sc. UESB.

I – REFERENCIAL TEÓRICO

1.1. INTRODUÇÃO

A raça Morada Nova se constitui em um dos principais grupos genéticos deslançados do Nordeste brasileiro, sendo que seu maior contingente se encontra no Estado da Bahia, distribuídos em pequenos rebanhos (Carlos et al., 2015; Souza et al., 2011).

Os ovinos Morada Nova são animais de pequeno porte com aptidão para produção de carne e de pele, altamente apreciada no mercado internacional (Domingues, 1941). Apresentam elevada rusticidade, boa fertilidade, com precocidade sexual, prolificidade, habilidade materna e ausência de estacionalidade reprodutiva (Facó et al., 2013). Os indivíduos da raça Morada Nova apresentam importância estratégica como fonte de genes para programas de melhoramento genético e de conservação, devido a sua diversidade genética, ainda pouco estudadas (Souza et al., 2011). Por outro lado, a baixa valorização das raças locais e o cruzamento destas com raças exóticas, causa uma rápida substituição e erosão genética da população, acarretando a perda da variabilidade genética (Rego Neto et al., 2017; Ribeiro et al., 2014) e colocando-os em risco de extinção (Facó et al., 2008).

O estudo da estrutura populacional possibilita conhecer a variabilidade genética existente, como está distribuída, definindo dessa forma o grau de risco de extinção da raça (Rodrigues et al., 2009b). Esse conhecimento aliado com informações sobre as mudanças genéticas na população pode direcionar futuras ações de manejo, favorecendo o desenvolvimento de estratégias voltadas para o uso de uma dada raça em um ecossistema específico (Paiva et al., 2011).

A variabilidade genética e a evolução ao longo das gerações de uma raça podem ser descritas por meio da análise de *pedigree* (Boichard et al., 1997), as quais ainda apresentam menor custo e facilidade de obtenção quando comparados ao uso de marcadores moleculares (Carneiro et al., 2009). Dessa forma, objetivou-se com este

estudo descrever e analisar a estrutura populacional e a variabilidade genética dos ovinos da raça Morada Nova, por meio da análise de *pedigree*.

1.2. A RAÇA MORADA NOVA

A denominação da raça Morada Nova é devida ao nome do município onde foram descritos os primeiros indivíduos desse grupo genético, em 1937, no estado do Ceará. No ano de 1940, foram encontrados outros exemplares nos municípios de Campos e Castelo (Piauí), Quixadá, Quixeramobim, Sobral e Tauá (Ceará). Embora este grupo genético tenha sido denominado inicialmente “Carneiros deslanados Morada Nova” (Domingues, 1941), a raça Morada Nova foi oficializada em 1977 (Figueiredo, 1980).

A origem da raça Morada Nova é bem controversa, existindo diferentes hipóteses; uma delas sugere que os indivíduos da raça são descendentes diretos de carneiros Bordaleiros oriundos de Portugal, os quais teriam “perdido” a lã por processo de seleção natural (Domingues, 1954); outra hipótese é que a raça é resultante do cruzamento de ovinos Bordaleiros com ovinos deslanados africanos (Figueiredo, 1980). Apesar dessas hipóteses, a raça Morada Nova certamente teve tido contribuições dos carneiros ibéricos e africanos, tendo seu padrão racial sofrido influência das condições ambientais (Facó et al., 2008).

Os animais da raça Morada Nova são explorados para produção de carne e pele ambas de excelente qualidade. Apresentam pequeno porte, rústicos, com precocidade sexual, boa fertilidade, prolificidade, habilidade materna e ausência de estacionalidade reprodutiva (Facó et al., 2013). Conforme essas qualidades, pode-se declarar que a Morada Nova é uma raça materna por excelência e é um interessante recurso genético em sistemas de produção de carne (Facó et al., 2010). A prolificidade média da raça varia de 1,45 a 1,51; intervalo de partos de 267 ± 61 dias, duração da gestação de 141 ± 25 dias, taxa de parição de $91 \pm 0,01\%$; peso ao nascer, ao desmame e ao primeiro parto de $2,22 \pm 0,63$; $12,13 \pm 3,08$ kg e $31,24 \pm 4,68$ kg, respectivamente e apresenta ganho de peso diário de 0,127 a 0,234 kg (Facó et al., 2010; Gonçalves et al., 2012; Muniz et al., 2010; Selaive-Villarroel & Fernandes, 2000).

O padrão racial da raça Morada Nova foi definido pela Associação Brasileira de Criadores de Ovinos como sendo animais deslanados, mochos, de pelagem vermelha ou branca (Figura 1). A Variedade Vermelha é a mais predominante e é caracterizada por possuir pelagem castanha em suas diversas tonalidades; cor mais clara na região do períneo, bolsa escrotal, úbere e cabeça; pele escura e recoberta de pelos curtos, finos e ásperos; mucosa escura; cauda com ponta branca. Os animais adultos machos apresentam peso de 40/60 kg e as fêmeas peso de 30/50 kg. Possuem cabeça larga, alongada, perfil sub-convexo, focinho curto bem proporcionado; orelhas bem inseridas na base do crânio e terminando em ponta; com ou sem brincos no pescoço; garupa curta com ligeira inclinação; cauda fina e média, não passando dos jarretes; membros finos, bem apumados, cascos pequenos e escuros. A Variedade Branca é composta por um efetivo reduzido, os quais apresentam pelagem branca, pele escura, mas admitindo-se mucosas e cascos claros (ARCO, 2019).



Figura 1. Ovinos Morada Nova Variedade Vermelha (a) e Variedade Branca (b). Fonte: (b) Jacina Morais

Os ovinos Morada Nova mesmo possuindo tantas características desejáveis se encontram mantidos em pequenos efetivos populacionais, principalmente, no estado da Bahia, e sofrem ameaças de extinção devido a: i) preferência da maioria dos produtores por outras raças e ii) sua utilização intensiva em cruzamentos com outras raças. Dessa forma, considerando que os indivíduos da raça Morada Nova se constituem em um pool de genes de grande importância, é plausível a execução de medidas voltadas para a

conservação e/ou promoção do melhoramento genético da raça Morada Nova (Oliveira, 2012; Souza et al., 2011).

1.3. ESTRUTURA POPULACIONAL

A estrutura populacional é formada pela composição genética dos seus indivíduos, transferida aos descendentes no decorrer dos anos (Lopa, 2015). Essa composição genética formada ao longo das gerações depende de vários fatores, dentre os quais, a seleção, migração, mutação e deriva genética (Rodrigues, 2009a).

O estudo da estrutura genética de uma população possibilita a compreensão de como os genes estão sendo propagados ao longo das gerações, proporcionando informações sobre o número de genes que lhe deram origem e estimando a participação deles na população atual (Barros, 2012). Este estudo pode ser realizado a partir da análise de *pedigree*, visto que, esse é um método simples e eficaz de avaliação dos parâmetros populacionais e apresenta menor custo quando comparado aos estudos realizados com marcadores moleculares (Caballero & Toro, 2002; Carneiro et al., 2009).

As informações provenientes de *pedigree* podem ser estratégicas para esclarecer aspectos relevantes que influenciam o histórico genético da população (Valera et al., 2005). Ressalta-se, entretanto, que as informações devem ser fidedignas e o mais completas possível, pois a baixa integralidade do *pedigree* pode subestimar ou superestimar os parâmetros encontrados, o que causaria um comprometimento das ações futuras em programas de melhoramento ou de conservação genética (Silva, 2014).

1.3.1. Integralidade do *Pedigree*

A integralidade do *pedigree* de uma raça depende das informações contidas nos livros genealógicos e da sua quantidade, sendo estas de fundamental importância para a determinação dos parâmetros populacionais (Gutiérrez et al., 2003; MacCluer et al., 1983). A precisão dos valores dos parâmetros populacionais, estimados com base em *pedigree* pode ser influenciada por informações equivocadas ou incompletas; a entrada recente de animais sem genealogia conhecida pode levar à subestimação ou

superestimação dos valores encontrados (Boichard et al., 1997; Gutiérrez et al., 2003). Assim, quanto maior a integralidade dos *pedigrees*, mais precisa será a determinação dos parâmetros avaliados na população (Barros, 2012).

A integralidade da genealogia de uma população pode ser avaliada através do número de gerações completas, números máximos de gerações e o número de gerações equivalentes (Carneiro, 2012; Figueredo, 2018). O número de gerações completas define a geração mais distante entre o indivíduo e todos os seus ancestrais conhecidos. Enquanto que o número máximo de gerações é a quantidade de gerações que separam o indivíduo do ancestral mais distante (Gutiérrez & Goyache, 2005). O número de gerações equivalentes é obtido pela soma de todos os ancestrais conhecidos pela soma de $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Paiva, 2016), sem ocorrência de sobreposição de gerações (Goyache et al., 2010). Esses parâmetros são variáveis em cada raça (Tabela 1).

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

Raça	Geração equivalente	Geração completa	Máximo de geração	Fonte
Segureña	1,23	0,91	1,78	Barros, 2012
Somalis Brasileira	1,34	1,11	1,64	Paiva et al., 2011
Santa Inês	2,26		12	Pedrosa et al., 2010
Zandi	3,15	1,92	4,78	Ghafouri-Kesbi, 2010
Merino	4,95		15	Gowane et al., 2013
Iran-Black	7,10			Mokhtari et al., 2014
Malpura	7,21		16	Gowane et al., 2014

1.3.2. Probabilidade de origem de genes

A probabilidade de origem dos genes provém de importantes informações para o conhecimento do fluxo de genes e, portanto, da estrutura genética populacional (Navarro, 2008). Um alelo autossômico amostrado aleatoriamente de qualquer indivíduo tem 50% de probabilidade de ter sido herdado do seu pai ou mãe e 25 % de

ter sido herdado de qualquer um dos seus avós. Dessa forma, é possível estimar a probabilidade de origem de um dado alelo para qualquer um dos seus antepassados (Vozzi, 2004).

Todos os genes presentes em uma população são provenientes dos antepassados, sendo que sua representação é muito variável nos indivíduos, devido ao uso preferencial de alguns reprodutores (Navarro, 2008). Quando há o conhecimento das informações de genealogia é possível detectar os primeiros animais que contribuíram para uma formação de uma dada população, retornando até um antepassado sem genealogia conhecida, qualificado como fundador (Barros, 2012; Gutiérrez e Goyache, 2005). Ressalta-se que, aqueles indivíduos que contribuíram de maneira mais expressiva para a variabilidade genética presente na população são denominados de ancestrais; de forma que um ancestral pode ser um fundador ou não (Navarro, 2008).

A comparação entre diferentes populações para os fundadores e ancestrais varia muito, devido às condições de manejo e localização dos indivíduos, porém é relevante para medir a variabilidade genética e verificar o direcionamento de acasalamento na população (Gowane et al., 2013; Vozzi, 2004). A contribuição dos dez principais fundadores nas raças Mallorquina (Goyache et al., 2010), Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013) e Somalis Brasileira (Figueredo, 2018) foram 8,80%, 30,51% e 36,99% respectivamente. A quantidade de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética nos grupos genéticos é bastante variada, tendo sido observado 5 a 425 nas raças Galega (Adán et al., 2007), Bharat Merino (Gowane et al., 2013), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Baluchi (Tahmoorespur & Sheikhlou, 2011), Mallorquina (Goyache et al., 2010), Santa Inês (Pedrosa et al., 2010), Merino (Azor et al., 2008) e Segureña (Barros et al., 2017).

1.3.2.1. Número efetivo de fundadores e de ancestrais

O número efetivo dos fundadores (f_e) e o número efetivo dos ancestrais (f_a) é calculado com base na probabilidade desigual de origem dos genes dos animais fundadores e/ou ancestrais (Navarro, 2008). O f_e expressa o número de fundadores que contribuíram de maneira equilibrada para produzir a mesma diversidade genética encontrada na população em estudo (Lacy, 1989); essa contribuição está determinada em função do número de descendentes deixados pelo fundador em análise (Farias et al.,

2011). É desejável que todos os fundadores tenham contribuído da mesma forma e, nesse caso, o fe será igual ao número real de fundadores (Vozzi, 2004); quanto mais próximo o fe for do número total de fundadores (Tabela 2), maior será a variabilidade genética da população (Boichard et al., 1997; Lush, 1964).

O número efetivo de ancestrais representa o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a variabilidade genética total da população (Boichard et al., 1997); o fa complementa o fe , uma vez que o fa considera as perdas da variabilidade genética em consequência do uso mais intenso de determinados indivíduos na reprodução, o denominado efeito gargalo (Carneiro, 2012).

A relação entre fe e fa é um outro parâmetro estratégico. Essa relação expressa o nível de participação dos indivíduos fundadores na população ao longo das gerações; o ideal é que o $fe = fa$ número efetivo de fundadores seja igual ao número efetivo de ancestrais, ou que a diferença seja a menor possível, uma vez que, quanto maior for essa diferença, menor será a participação dos fundadores (Boichard et al., 1997). Assim, o desequilíbrio na relação fe/fa mostra a ocorrência de perda da variabilidade genética da população (Mokhtari et al., 2013).

Tabela 2. Número total de ancestrais e fundadores e número efetivo de fundadores e ancestrais em diferentes raças de ovinos

Raça	Total de fundadores	fe	Total de ancestrais	fa	Fonte
Baluchi	347	80	263	47	Thamoorepur & Sheikloo, 2011
Kermani	420	149	289	72	Mokhtari et al., 2013
Bharat Merino	430	55	418	40	Gowane et al., 2013
Zandi	615	86	598	74	Ghafouri-Kesbi, 2010
Mallorquina	1990	704	1310	90	Goyache et al., 2010

1.4. TIPO DE REBANHO

Os grupos de animais que apresentam o mesmo biótipo e que são manejados conjuntamente são denominados de rebanhos (Figueredo, 2018). Os rebanhos, cuja importância está na disponibilização de reprodutores para a população (Oliveira, 2012),

podem ser classificados em quatro diferentes tipos: núcleo, multiplicador, comercial e isolado (Vassallo et al., 1986).

- Tipo núcleo – aquele que utiliza somente reprodutores próprios e os comercializa;
- Tipo multiplicador – aquele que utiliza reprodutores próprios e adquiridos de outros rebanhos e os comercializa;
- Tipo comercial – aquele que utiliza reprodutores adquiridos, mas não os comercializa;
- Tipo isolado – aquele que utiliza somente reprodutores próprios, mas não os comercializa.

A estrutura organizacional da população de ovinos no Brasil não apresenta a estrutura piramidal clássica e o repasse da evolução genética dos rebanhos núcleos para os rebanhos comerciais, por meio da disponibilização de reprodutores, tem sido comprometido pelo o custo elevado desses animais (Lôbo, 2017). Assim, a maioria dos reprodutores considerados “de elite” permanece nos rebanhos núcleos e aqueles que são transferidos para os rebanhos multiplicadores normalmente não são repassados aos rebanhos comerciais (Morais, 2000).

Os estudos realizados com as raças Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013; Rego Neto et al., 2014), Xalda (Goyache et al., 2003), Mallorquina (Goyache et al., 2010) e Somalis Brasileira (Figueredo, 2018) mostraram a existência de rebanhos apenas dos tipos comercial, multiplicador, não tendo sido detectados rebanhos dos tipos núcleo e isolado.

1.5. COEFICIENTE DE RELAÇÃO

O coeficiente de relação (CR) de um indivíduo é definido como a probabilidade de um alelo escolhido, aleatoriamente, na população pertencer a esse indivíduo (Paiva, 2016); ou ainda, o CR expressa a probabilidade de dois alelos selecionados ao acaso, sendo um alelo provindo de um determinado indivíduo e outro da população, serem idênticos por descendência (Barros, 2009).

Na determinação do CR são considerados os valores de endogamia e as relações de parentesco existente entre os animais da população (Navarro, 2008); portanto, o CR indica a contribuição genética de cada indivíduo para a população, independentemente, da geração em que é encontrado (Paiva, 2016).

Considerando que o CR possibilita quantificar a contribuição genética de uma linhagem específica de indivíduos fundadores para a população, esse parâmetro permite fazer o equilíbrio das contribuições das diferentes linhagens, reduzindo as perdas genéticas resultantes de acasalamentos inapropriados (Falleiro, 2013). A partir dos valores do CR, consegue-se determinar a proximidade genética desses animais, sendo fundamental no momento de escolha dos reprodutores, de dentro dos rebanhos ou oriundos de outros rebanhos. O CR (Tabela 3) pode ser utilizado como ferramenta para medir a distância genética entre rebanhos, uma vez que, permite a comparação do coeficiente de parentesco médio dos reprodutores (Barros, 2009).

Tabela 3. Coeficiente de relação em diferentes raças de ovinos

Raça	Coeficiente de relação	Fonte
Segureña	0,06%	Barros et al., 2017
Assovega	0,63%	Adán et al., 2017
Santa Inês	0,73%	Pedrosa et al., 2010
Kermani	1,04%	Mokhtari et al., 2013
Xalda	1,80%	Goyache et al., 2003
Zandi	1,91%	Ghafouri-Kesbi, 2010
Afshari	2,10%	Ghafouri-Kesbi, 2012
Somalis Brasileira	3,94%	Figueredo, 2018
Bharat Merino	4,23%	Gowane et al., 2013

1.6. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA

O acasalamento entre indivíduos parentes leva a endogamia (Lush, 1945) e o coeficiente de endogamia (F) é a probabilidade de que os dois genes encontrados em

qualquer locus de um indivíduo sejam semelhantes por descendência (Falconer & Mackay, 1960).

O coeficiente de endogamia sofre influência do nível de integralidade do *pedigree*; informações incompletas ou erroneamente inseridas no *pedigree* podem subestimar ou superestimar esse parâmetro, visto que as contribuições dos antepassados desconhecidos não são aferidos de maneira correta (Paiva, 2016). As perdas da variabilidade genética em decorrência do aumento da homozigose é um dos fatores que ocasionam à depressão endogâmica, tendo como efeitos negativos a perda parcial do ganho genético obtido por seleção e a redução do valor fenotípico médio, sendo evidenciado, especialmente nas características que expressam a eficiência fisiológica (Breda et al., 2004; Barros, 2012).

Os valores médios de endogamia nas raças podem ser bastante diferentes, a exemplo das raças Moghani (Mokhtari et al., 2015), Segureña (Barros et al., 2017), Santa Inês (Rego Neto et al., 2017), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Valachian (Oravcová & Margentín, 2011), Assovega (Adán et al., 2007), Malpura (Gowane et al., 2014) e Iran-Black (Mokhtari et al., 2014), cujos valores observados foram 0,40%, 0,60%, 0,97%, 1,46%, 1,69%, 1,94%, 3,32% e 11,11%, respectivamente.

Valores de F acima de 10% causam o aumento da homozigose, predis põe a população à depressão endogâmica (Paiva et al., 2011), possibilita a expressão de genes recessivos indesejáveis (Alcalá et al., 1995), podendo provocar o aparecimento de defeitos fenotípicos e influenciar negativamente as características produtivas (Vostry et al., 2018).

1.7. ESTATÍSTICA F DE WRIGHT

A estatística F é classificada em três níveis: individual - F_{IS} , subpopulação - F_{ST} e dentro da população total - F_{IT} (Long, 1986). Esse parâmetro parte do princípio de uma metapopulação, definido como o conjunto total de indivíduos pertencentes a uma raça, formados de subpopulações que podem ser definidas, em função do sexo, linhagens e aspectos geográficos (Barros, 2012).

O F_{IS} mede a diminuição da heterozigosidade de um indivíduo em relação a sua subpopulação (Wright, 1965) e expressa a ocorrência de acasalamentos não aleatórios dentro das subpopulações (Paiva, 2016). O F_{ST} mede a diminuição da heterozigosidade das subpopulações que constituem a metapopulação. Enquanto que o F_{IT} mede a redução da heterozigose do indivíduo quanto a metapopulação, isto é, a homozigosidade dentro da raça (Wright, 1965).

No que se refere aos valores dos parâmetros F, o $F_{IS} > 0$ indica que o nível de endogamia real ultrapassa o nível aguardado em acasalamentos ao acaso, provindo de acasalamentos entre animais mais aparentados que a média; o $F_{IS} < 0$ demonstra que há predominância de acasalamentos entre subpopulações ou a endogamia está sendo evitada (Carneiro et al., 2009). O F_{IT} varia de -1 a 1, quando estiver < 0 indica seleção no favorecimento de indivíduos heterozigotos, e > 0 indica diferenciação genética entre subpopulações e seleção contra heterozigosidade (Paiva, 2016). Os valores do F_{ST} que variam entre 0 e 0,05 podem ser considerados como indicativo de pequena diferenciação genética na população; valores de 0,05 a 0,15; 0,15 a 0,25 e $> 0,25$ indicam diferenciação genética moderada, grande e forte, respectivamente (Wright, 1978 *apud* Hartl & Clark, 2010). Em algumas raças, esses três parâmetros apresentam valores similares e outros bastantes diferentes (Tabela 4).

Tabela 4. F_{IT} , F_{IS} e F_{ST} em diferentes raças de ovinos

Raça	F_{IT}	F_{IS}	F_{ST}	Fonte
Morada Nova vr branca	-0,007	0,259	0,200	Rodrigues et al., 2009b
Bergamácia Brasileira	-0,005	-0,080	0,069	Carneiro, 2012
Segureña	0,005	-0,012	0,018	Barros et al., 2017
Merino	0,027	-0,007	0,035	Azor et al., 2008
Santa Inês	0,050	-0,005	0,055	Teixeira Neto et al., 2013
Nativas Tunisianas	0,132	0,112	0,030	Sassi-Zaidy et al., 2014
Churra	0,160	0,044	0,121	Calvo et al., 2011
Nativas Nigerianas	0,394	0,336	0,088	Agaviezor et al., 2012
Nativas Chinesas	0,523	-0,172	0,363	Wei et al., 2011

1.8. TAMANHO EFETIVO

O tamanho efetivo (N_e) é definido como o número de indivíduos de ambos os sexos que contribui geneticamente para uma dada população (Wright, 1931). Considerando que nem todos os animais conseguem passar seus genes para os descendentes da população, o número de animais em idade reprodutiva na população geralmente é maior do que o número de animais que realmente estão se reproduzindo (Laat, 2001).

O N_e é utilizado no monitoramento das raças e no auxílio em programas de reprodução, devido a relação que apresenta com a depressão endogâmica e a perda da variabilidade genética (Carneiro, 2012). O N_e tem sido bastante usado em estudos de diversidade genética, uma vez que, indica o número de animais que elevam a endogamia na próxima geração, sendo que N_e mais elevado indica menor perda de variabilidade genética da população em estudo (Barros, 2012). Esse parâmetro pode oscilar em função do sexo, flutuações no tamanho populacional (Falconer & Mackay, 1996), utilização intensiva de alguns reprodutores e média de filhos por reprodutor (Amaral et al., 2011).

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

O N_e é bastante variável nas populações, sendo que nas raças Ensenburg Dormer (Wyk et al., 2009), Afshari (Ghafouri-Kesbi, 2012), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Santa Inês (Pedrosa et al., 2010), Merino Bharat (Gowane et al., 2013), Malpura (Gowane et al., 2014), Lori-Bakhtiari (Sheikhloo & Abasi, 2016), Baluchi Iraniana (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011), Baluchi (Gholizadeh & Ghafouri-Kesbi, 2016) e Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013) foram descritos valores de 32,68; 50,00; 71,00; 76,00; 89,29; 91,74; 101,00; 134,00; 166,00 e 172,50, respectivamente.

1.9. INTERVALO DE GERAÇÃO

O intervalo de geração (IG) é determinado pelo tempo médio em que os genes são transmitidos dos pais para os filhos, sendo obtido pelo cálculo da idade média do progenitor no momento do nascimento dos filhos, do primeiro ao último; através das vias: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha (Gutiérrez & Goyache, 2005); esse parâmetro apresenta variação, as vezes expressiva entre as raças (Tabela 5), sendo um reflexo das decisões sobre a taxa de descarte das matrizes e reprodutores e à finalidade de criação de cada raça (Paiva et al., 2011).

Intervalo de gerações baixos são desejados para o aumento do ganho genético anual na população; IG baixo, obtido com o uso de reprodutores mais jovens durante um curto período de tempo, possibilita a incorporação de características de interesse econômico de maneira mais rápida nos programas de melhoramento genético (Faria, 2016). Por outro lado, em programas de conservação genética, devido ao número de animais estratégicos para a manutenção da variabilidade genética ser geralmente baixo, procura-se estender a permanência destes indivíduos no rebanho, provocando intervalos de gerações mais longos (Barros, 2009). O equilíbrio entre os ganhos genéticos anuais e a manutenção da variabilidade genética deve ser o objetivo daqueles que almejam maior eficiência do sistema de exploração a longo prazo (Barros, 2012).

Tabela 5. Média de intervalo de gerações em diferentes raças de ovinos

Raça	IG	Fonte
Olkuska	3,14	Drobik & Martyniuk, 2014
Baluchi	3,33	Tahmoorespur & Sheikhlou, 2011
Moghani	3,37	Mokhtari et al., 2015
Lori-Bakhtdari	3,42	Sheikhlou & Abbasi, 2016
Mallorquina	3,70	Goyache et al., 2010
Navajo Churro	4,00	Maiwashe & Blackburn, 2004
Kermani Iraniana	4,48	Mokhtari et al., 2013
Santa Inês	5,30	Rego Neto et al., 2017

1.10. 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 determinado indivíduo (Barros, 2009). Na determinação do ICG é considerada a contribuição dos animais fundadores ao longo das gerações (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O ideal seria que os indivíduos recebessem contribuições de todos os fundadores que compõem a população; o que seria traduzido em ICGs elevados (Alderson, 1992). Considerando que não é o que ocorre normalmente, o uso de reprodutores com ICG alto contribui para a manutenção da base genética da população estudada (Faria, 2016).

Embora na estimativa do ICG não sejam considerados o parentesco dos indivíduos, esse índice é relevante para os programas de gestão de populações, visto que, possibilita o controle da endogamia e a manutenção da variabilidade genética dentro da raça (Barros, 2009). Os ICGs variam bastante em função dos indivíduos dentro da população, sendo que nas raças Bergamácia Brasileira (Carneiro et al., 2014), Olkuska (Drobik & Martyniuk, 2014), Santa Inês (Brito et al., 2018; Rego Neto et al., 2017) e Somalis Brasileira (Figueredo, 2018) os valores oscilaram de 0,77 a 17,43.

REFERÊNCIAS

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

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

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, p. 18–29, 1992.

AMARAL, R.S.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; FALLEIRO, V.B.; AMBROSINI, D.P. Parâmetros Populacionais do Rebanho Nelore Mocho Registrado no Nordeste Brasileiro. **Revista Científica de Produção Animal**, v. 13, n. 1, p. 54-57, 2011.

ARCO – Associação Brasileira de Criadores de Ovinos. **Padrões Raciais**. Disponível em: <www.arcoovinos.com.br/>. Acessado em: Janeiro. 2019.

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

BARROS, E.A. **Estrutura populacional da raça ovina Segurenã e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento**. 2012. 70p. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia) Universidade Federal Rural de Pernambuco / Universidade Federal da Paraíba / Universidade Federal do Ceará. 2012.

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

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

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 (Suplemento 2).

BRITO, N.D.; TEIXEIRA NETO, M.T.; CRUZ, J.F.; FIGUEREDO, J.S.; SOUSA, L.S.; MOTTIN, V.D.; PINHEIRO, R.G.S.; LACERDA, K.S.O. Índice de conservação genética e tamanho efetivo de ovinos da raça Santa Inês. In: 28º Congresso Brasileiro de Zootecnia. 2018, Goiânia. **Anais**. 28º Congresso Brasileiro de Zootecnia, 2018.

CABALLERO, A.; TORO, M.A. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. **Conservation Genetics**, v.3, n.3, p.289-299, 2002.

CALVO, J. H.; ALVAREZ-RODRIIGES, J.; MARCOS-CARCAVILLA, A.; SERRANO, M.; SANZ, A. Genetic diversity in the Churra tensina and Churra lebrijana endangered Spanish sheep breeds and relationship with other Churra group breeds and Spanish mouflon. **Small ruminant research**, v. 95, n. 1, p. 34-39, 2011.

CARLOS, M.M.L.; LEITE, J.H.G.M.; CHAVES, D.F.; VALE, A.M.; FACANHA, D.A.E.; MELO, M.M.; SOTO-BLANCO, B. Blood parameters in the Morada Nova sheep: influence of age, sex and body condition score. **Journal of Animal & Plant Sciences**, v.25, n.4, p.950-955, 2015.

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

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

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

DOMINGUES, O. Carneiro deslanado de Morada Nova. **Boletim da Sociedade Brasileira de Agronomia**, v.4, n.1, p.122, 1941.

DOMINGUES, O. **Sobre a origem do carneiro deslanado no Nordeste**. Fortaleza: Seção de Fomento Agrícola do Ceará, 1954. 28 p. (Seção de Fomento Agrícola no Ceará. Publicação, 3).

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.

FACÓ, O.; PAIVA, S.R.; ALVES, L.D.; LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V. Raça Morada Nova: origem, características e perspectivas. **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Documentos** (INFOTECA-E), 2008.

FACÓ, O.; PAIVA, S.R.; LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; IANELLA, P.; CAETANO, A.R.; PIMENTEL, C.M. Núcleo de conservação e melhoramento genético da raça Morada Nova: resultados preliminares. In: XIMENES, L.J.F. (Org.). **Ciência e Tecnologia na pecuária de caprinos e ovinos**. Fortaleza: Banco do Nordeste do Brasil. p.313-336, 2010.

FACÓ, O.; SILVA, P.H.T. da.; SHIOTSUKI, L.; LÔBO, R.N.B.; SILVA, K.M.; MORAIS, O.R. de. O padrão racial e o melhoramento genético da raça Morada Nova. **ARCO Revista**. Bagé, n.2, p.7-9, 2013.

FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. New York: The Ronald Press Company, 1960. 479p.

FALCONER, D.S. & MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. New York: Longman. 1996, 464p.

FALLEIRO, V.B. **Histórico genético e populacional de rebanhos Angus e Nelore**. 2013. 85p. Tese (Doutorado em Zootecnia) Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2013.

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

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

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.

FIGUEIREDO, E. A. P. de. Morada Nova of Brazil. In: MASON, I. **Prolific tropical sheep**, v.17, p.53-58, 1980.

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.

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

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

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

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

GONÇALVES, J.D.L.; SOUSA, R.T.; SANTOS, C.M.; ALBUQUERQUE, F.D.; BOMFIM, M.; FACÓ, O.; SHIOTSUKI, L.; FONSECA, J. F. Desempenho reprodutivo de ovelhas das raças Morada Nova e Somalis Brasileira criadas na região Nordeste do Brasil. In: Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, VII.; SIMPÓSIO NORDESTINO DE ALIMENTAÇÃO DE RUMINANTES, 13., 2012, Maceió. **Anais... Maceió: Sociedade Nordestina de Produção Animal**, p.3, 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.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J. P.; ROYO, L. J.; ALVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 106, n. 1, p. 3-14, 2010.

GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I.; GÓMEZ, E.; ALVAREZ, I.; DÍEZ, J.; ROYO, L.J. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p. 95-105, 2003.

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

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

HARTL, D.; CLARK L., ANDREW G. **Princípios de Genética de Populações**, 4ª EDIÇÃO – Porto Alegre: ARTMED, 2010.

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

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

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

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

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.

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

LUSH, J.L. **Animal Breeding Plans**. Iowa State College Press, 1945. 435p.

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.

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

MEUWISSEN, T.H.E; WOOLLIAMS, J.A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theory Applied Genetic**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MOKHTARI, M.S.; MARAEI-ASHTIAM.; JAFAROGHLI, M.; GUTIÉRREZ, J. P.Studying Genetic Diversity in Moghami Sheep Using Pedigree Analysis. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 17, p. 1151-1160, 2015.

MOKHTARI, M.S.; MORADI SHAHRBABAK, M.; ESMAILIZABDEH, A.K.; ABDOLLAHI-ARPANAHI, R.; GUTIÉRREZ, J.P. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 202-205, 2013.

MOKHTARI, M.S.; SHAHRBABAK, M.M.; ESMAILIZADEH, A.K.; SHAHRBABAK, H.M.; GUTIERREZ, J.P. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. **Small Ruminant Research**, v.116, n.1, p.14-20, 2014.

MORAIS, O.R.O. Melhoramento genético dos ovinos no Brasil: situação atual e perspectivas para o futuro. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: FEPMVZ, p. 266-272, 2000.

MUNIZ, M.M.M.; SANTOS, T.N.M.; MELO NETO, F.D.O.; QUEIRÓZ, S.D.S.; FACÓ, O.; LOBO, R.N.B. Desempenho produtivo e reprodutivo de ovinos da raça Morada Nova no semiárido do Ceará. In: **Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: CONGRESSO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, VI; SIMPÓSIO NORDESTINO DE ALIMENTAÇÃO DE RUMINANTES,

VII. 2010, Mossoró. **Anais...** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal; UFERSA, p.4, 2010.

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

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

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

PAIVA, S.R.; FARIA, D.A.; LACERDA, T.; FACÓ, O.; LOBO, R.N.B.; BARRETTO, G.B.; CARNEIRO, P.L.S.; MCMANUS, C. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, n.7, p. 1449-1457, 2011.

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

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

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

RIBEIRO, M.N.; ARANDAS, J.K.G.; FILHO, E.C.P.; SILVA, R.C.B.; FACÓ, O.; ESTEVES, S.N. Demografia e grau do perigo de extinção de ovinos da raça Morada Nova. **Zootecnia Tropical**, v.32, n.4, p.309-314, 2014.

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.a

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

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

SELAIVE-VILLARROEL, A.B. & FERNANDES, A.A.O. Desempenho reprodutivo de ovelhas deslanadas Morada Nova no estado do Ceará. **Revista Científica de Produção Animal**, v.2, n.1, p.65-70, 2000.

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

SILVA, 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.

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

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

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.

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.

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

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

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

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

II – OBJETIVOS GERAIS

Objetivou-se descrever e analisar a estrutura populacional e a variabilidade genética dos ovinos da raça Morada Nova, por meio da análise de *pedigree*.

III – MATERIAL E MÉTODOS

Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de 11.423 *pedigrees* de animais da raça Morada Nova, nascidos no período entre 1973 e 2018, registrados junto à Associação Brasileira de Criadores de Ovinos – ARCO, rebanhos criados em 13 estados brasileiros (Figura 2), este total de animais trata-se do registro desde a formação da raça. As informações referentes a cada animal consistiram de: pai, mãe, sexo, data de nascimento e rebanho.

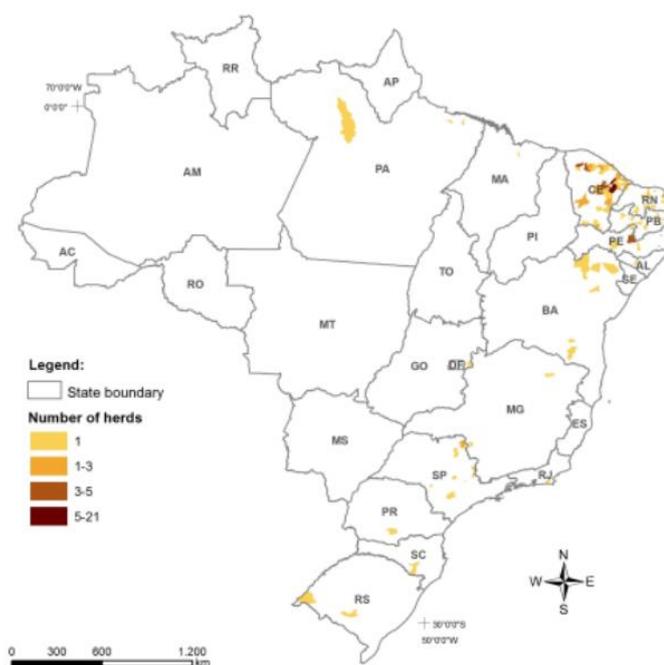


Figura 2. Distribuição geográfica de ovinos da raça Morada Nova (McManus et al., 2014)

O programa ENDOG 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005) foi utilizado para a análise do *pedigree* e a estimação dos parâmetros populacionais, que 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), tamanho efetivo (N_e) e índice de conservação genética (ICG).

O nível de integralidade do *pedigree* foi caracterizado pelo cálculo do número de gerações completas, número máximo de geração e o número de gerações equivalentes. O número de gerações completas foi definido como o número de gerações que separam 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, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, utilizando as datas de nascimento de cada indivíduo e dos seus pais, a partir da equação: $L = 1/4 (LPM + LPF + LMM + LMF)$, em que: LPM = intervalo médio entre pais e filhos; LPF = intervalo médio entre pais e filhas; LMM = intervalo médio entre mães e filhos; LMF = intervalo médio entre mães e filhas.

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

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

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

O q , por sua vez, foi estimado pelo algoritmo que soma as contribuições dos fundadores (Boichard et al., 1997).

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

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

Em que: f_a é o número efetivo de ancestrais e q_j a contribuição marginal de um ancestral j (não necessariamente fundador) e a é o número de ancestrais.

Quanto maior a distância entre f_e e f_a menor é a participação de todos os fundadores na população ao longo das gerações. O ideal é que $f_e = f_a$, ou que a diferença seja a menor possível entre eles.

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

O aumento da endogamia (ΔF) para cada geração foi calculado através da equação:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

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.

As estatísticas F , que possibilitaram analisar a mudança na frequência gênica entre as subpopulações, foram obtidas pelos coeficientes F_{is} , F_{st} e F_{it} (Wright, 1965). O F_{is} representa a probabilidade de que os dois alelos de um locus presente no mesmo indivíduo sejam idênticos por descendência; o F_{is} mede a correlação média dos genes

do indivíduo com os genes da subpopulação da qual integra. O F_{st} representa a probabilidade de que dois indivíduos pertencentes a subpopulações diferentes tenham alelos idênticos por descendência; o F_{st} mede a correlação dos genes da subpopulação com os genes da população total. O F_{it} representa o desvio da frequência genotípica da população em relação ao equilíbrio de Hardy-Weinberg; o F_{it} mede correlação dos genes do indivíduo com os genes da população total. Para determinação desses parâmetros, foram utilizadas as equações:

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

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

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

O tamanho efetivo da população (N_e) expressou a quantidade de animais de ambos os sexos que contribuiriam para gerar a geração seguinte; o N_e foi calculado pela variância do tamanho das famílias, conforme descrito por Hill (1979).

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

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

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

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

onde, $P_i = \left[\frac{1}{2}\right]^n$, sendo n= o número de gerações entre o fundador e o animal que está sendo analisado.

IV - RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dos 11.423 *pedigrees* analisados 53,50% apresentaram ancestrais conhecidos na primeira, 34,89% segunda, 24,45% terceira, 18,97% quarta e 14,15% quinta ascendência. A taxa de acréscimo de ancestrais conhecidos no *pedigree* foi de 34,06%; 28,89%, 42,70% e 53,34% da quinta à primeira ascendência, respectivamente (Figura 3).

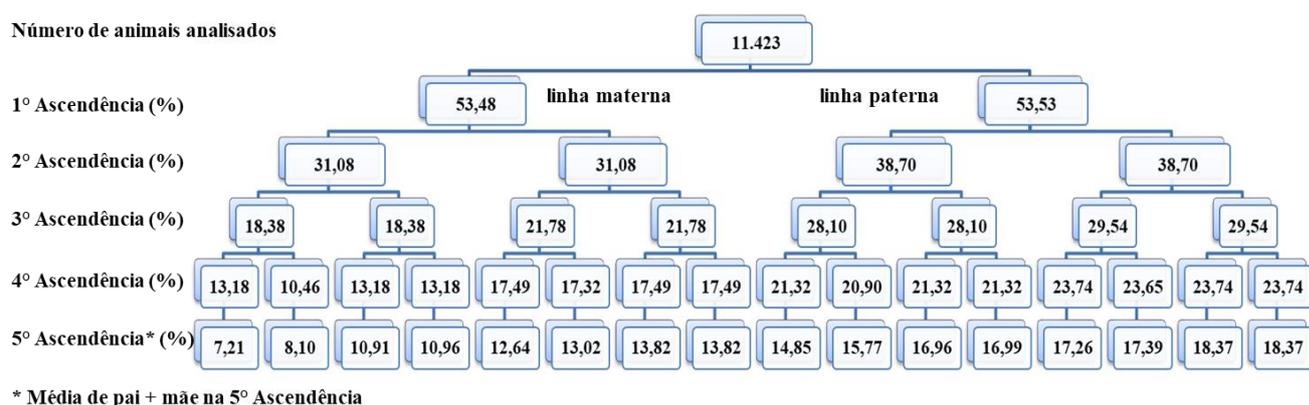


Figura 3. Integralidade do *pedigree* da raça Morada Nova com percentual dos ancestrais conhecidos até a 5ª ascendência

Ao confrontar a disponibilidade de informações maternas e paternas dentro das linhas de ascendência, o percentual de ancestrais paternos conhecidos foi superior a partir da 3ª ascendência, cuja as médias 21,78% vs. 18,38%; 17,45% vs. 12,50% e 13,33% vs. 9,30%, na linha materna e 29,54% vs. 28,10%; 23,72% vs. 21,22% e 17,85% vs. 16,14%, na linha paterna, respectivamente. Analisando as duas linhas conjuntamente, verificou-se maior quantidade de ancestrais conhecidos na linhagem paterna a partir da 2ª ascendência.

O nível de integralidade do *pedigree* da raça Morada Nova foi inferior ao verificado nas raças Valachian e Malpura, cujos valores foram 100% e 84,12% na primeira ascendência (Oravcová & Margentín, 2011 e Gowane et al., 2014), e similar ao das raças Navarro-Churro (Maiwashe & Blackburn, 2004) e Somalis Brasileira

(Figueredo, 2018) que foram 50,50% e 52,11%. As médias de integralidade encontradas na raça Morada Nova mostram o baixo nível de completude do *pedigree*. As estimativas dos parâmetros populacionais são baseadas no *pedigree*, então, quanto maior sua integralidade, mais precisos serão os parâmetros (Muniz et al., 2012), *pedigrees* incompletos podem subestimar a endogamia, coeficiente de relação e o número de gerações, isso porque a probabilidade de identificar ancestrais comuns aumenta com a amplitude das informações (Gowane et al., 2013).

A quantidade média de gerações completas, gerações equivalentes e número máximo de gerações foram 1,20; 1,66 e 2,18, respectivamente. O número de gerações equivalentes foi menor do que os encontrados nas raças Kermani (Mokhtari et al., 2013), Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010) e Malpura (Gowane et al., 2014) cujos valores foram 2,22, 3,15 e 7,21 respectivamente; o número máximo de gerações também foi menor do que nas raças Baluchi (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011) e Santa Inês (Teixeira Neto et al., 2013); e o número de gerações completas foi mais baixo do que nas raças Segureña (Barros, 2012) e Somalis Brasileira (Paiva et al., 2011). Os baixos valores desses parâmetros refletem a baixa integralidade dos *pedigrees* dos indivíduos da raça Morada Nova.

Nos primeiros 13 anos de formação da raça, a quantidade de animais registrados foi baixa, com média de 50,76 registros/ano. No período de 1988-2010 o número de animais registrados/ano foi crescente, ainda que com pequenas oscilações, alcançando o maior número de registros (807) em 2010. Por outro lado, na última década (2011-2018) ocorreu queda expressiva na quantidade de registros, com média de 282,87. O número de fêmeas registradas foi maior em todo o período estudado, com uma relação macho:fêmea de 1:3 (Figura 4).

A diminuição do número de registros reflete o maior interesse por raças mais produtivas em detrimento da Morada Nova (Carneiro et al., 2009). Este aspecto é preocupante na medida em que os indivíduos da raça Morada Nova apresentam excelente habilidade materna, precocidade sexual, boa fertilidade e prolificidade, bem como, menor porte e elevada adaptação às condições climáticas do semiárido, resultando em menor custos de manutenção das matrizes e elevada eficiência reprodutiva (Facó et al., 2013). Desse modo, faz-se necessário concentrar esforços para aumentar e manter o interesse pela raça, minimizando o risco de extinção.

Outro fato que pode ter influenciado na redução da quantidade de registros é o elevado número de animais que não atendem ao padrão oficial da raça, os quais apresentam rudimentos de chifres, mucosa e/ou cascos despigmentados, pelagem preta e problemas reprodutivos como criptorquidia (Facó et al., 2013). Ressalta-se que a maioria dos animais que não são registrados são machos, o que causa desbalanceamento na relação macho:fêmea, reduzindo a variabilidade genética da raça.

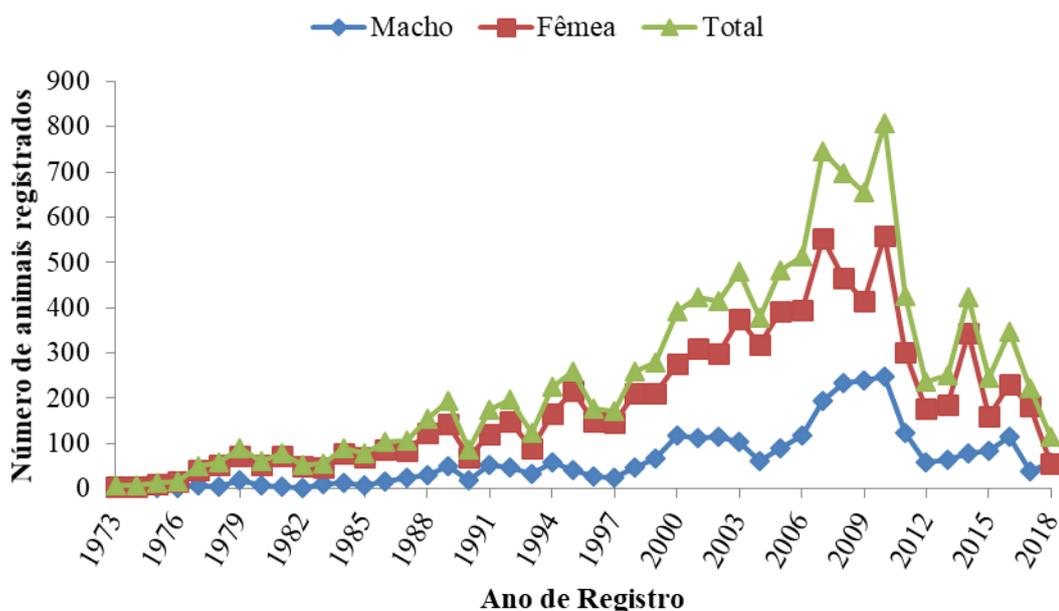


Figura 4. Número de animais da raça Morada Nova registrados junto a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO) no período de 1973 a 2018

O número de animais registrado por rebanho variou de 6 a 600 animais ao longo dos 45 anos de existência da raça, sendo que 52,78% de todos os indivíduos registrados pertenciam aos 18 maiores rebanhos, que em sua maioria absoluta, estão localizados no Nordeste brasileiro; a maioria dos rebanhos (75,18%) tiveram menos de 100 indivíduos registrados. Essa concentração de animais na região Nordeste provavelmente ocorreu pela adaptabilidade da raça às condições climáticas do semiárido.

Dos 141 rebanhos não foi identificado nenhum do tipo núcleo e isolado; 80,85% foram classificados como rebanhos comerciais, sendo que 23,68% utilizaram reprodutores adquiridos ou do próprio rebanho e não os comercializavam, portanto

classificados como Comercial I; 76,32% utilizaram somente reprodutores adquiridos de outros rebanhos e não os comercializavam, então classificados como Comercial II. Os demais rebanhos (19,15%) foram classificados como multiplicadores, dos quais 82,14% utilizaram reprodutores do próprio rebanho e adquiridos de terceiros e os comercializavam (Multiplicadores do tipo I) e 17,86% utilizaram reprodutores comprados de terceiros e os comercializavam, portanto, Multiplicadores do tipo II (Tabela 6).

O uso de reprodutores externos possibilita o fluxo gênico entre os rebanhos (Barro, 2012). Esta alternância de reprodutores evita a subdivisão da população, facilita o fluxo gênico e a migração e, portanto, contribui para a conservação do grupo genético (Carneiro et al., 2009). Os tipos de rebanho encontrados neste estudo sugerem que não houve subdivisão da população ovina Morada Nova.

Tabela 6. Tipos de rebanhos da raça Morada Nova em função da origem e formas de utilização de reprodutores

Tipo de rebanho	Proporção (%)	Usa reprodutores externos	Usa reprodutores próprios	Vende reprodutores	Quantidade de rebanhos
Multiplicador I	16,31	Sim	Sim	Sim	23
Multiplicador II	2,82	Sim	Não	Sim	4
Comercial I	19,15	Sim	Sim	Não	27
Comercial II	62,50	Sim	Não	Não	87

O intervalo de gerações médio (IG) foi de $3,67 \pm 2,04$ anos, com pequena diferenciação entre as passagens gaméticas de pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, cujos valores foram $3,30 \pm 1,72$; $3,66 \pm 1,98$; $3,61 \pm 2,00$ e $3,73 \pm 2,13$, respectivamente. As passagens gaméticas podem ser influenciadas por diversos fatores, tais como: espécie, raças, tipo de criação e por políticas de substituições de machos e fêmeas (Paiva et al., 2011 e Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011). Na raça Morada Nova, os valores mais elevados das passagens gaméticas materna foi, certamente, consequência da substituição mais lenta das matrizes que dos reprodutores.

Valores mais baixos de IG proporcionam maior incremento no ganho genético anual para as características selecionadas, uma vez que o tempo necessário para que os genes sejam transferidos dos pais para os filhos e se expressarem na população, será menor (Rego Neto et al., 2017). No entanto, IG longos podem ser desejáveis, pois reduzem o incremento na taxa anual de endogamia, aumentando, conseqüentemente, o tamanho efetivo da população e contribuindo assim para a preservação da diversidade genética da população (Santana Junior & Bignardi, 2015). O IG médio da raça Morada Nova encontra-se em um ponto intermediário que possibilita ganhos genéticos anuais satisfatórios e contribui para a manutenção da diversidade genética.

O coeficiente de relação médio (CR) apresentou-se estável nas primeiras duas décadas de formação da raça, com valores anuais inferiores a 0,01%; nas três décadas subsequentes o CR médio foi 1,44%, atingindo o valor mais alto (3,04%) em 2011. O CR médio de toda a população foi 1,30%, sendo que 82,00% dos indivíduos possuíam CR menor que 2,00% (Figura 5).

Valores de CR médio encontrados em raças sob conservação e em raças comerciais variaram de 0,06% a 5,80% (Barros et al., 2017; Paiva et al., 2011) e 0,73% a 3,94% (Pedrosa et al., 2010; Figueredo, 2018) respectivamente, sendo que CR acima de 2,10% são considerados altos (Ghafouri-Kesbi, 2012). O CR verificado na raça Morada Nova pode ser consequência da introdução de reprodutores oriundos de rebanhos base, os quais por não dispor de informações genealógicas, pode ter subestimado o valor real.

A endogamia (F) foi nula nas primeiras duas décadas de formação da raça. Nas três décadas seguintes ocorreram oscilações com tendências crescente, e nos últimos anos o F alcançou valor superior a 10%, sendo que em 2011 foi verificado o valor mais elevado (17,12%). Durante os 45 anos foi encontrado o coeficiente médio de endogamia de 6,55% (Figura 5).

Os valores baixos ou nulos de F nos primeiros 17 anos de formação da raça (1973-1990) pode ter sido influenciado pela baixa disponibilidade de informações dos animais ancestrais e não necessariamente pela ausência de parentescos entre os indivíduos acasalados. De 1991 até 2018, 24,13% dos indivíduos da raça eram

endogâmicos, com valor médio de 27,14%. Dentre esses indivíduos endogâmicos, 91,04% apresentaram valor de $F > 10,0\%$ (Figura 5).

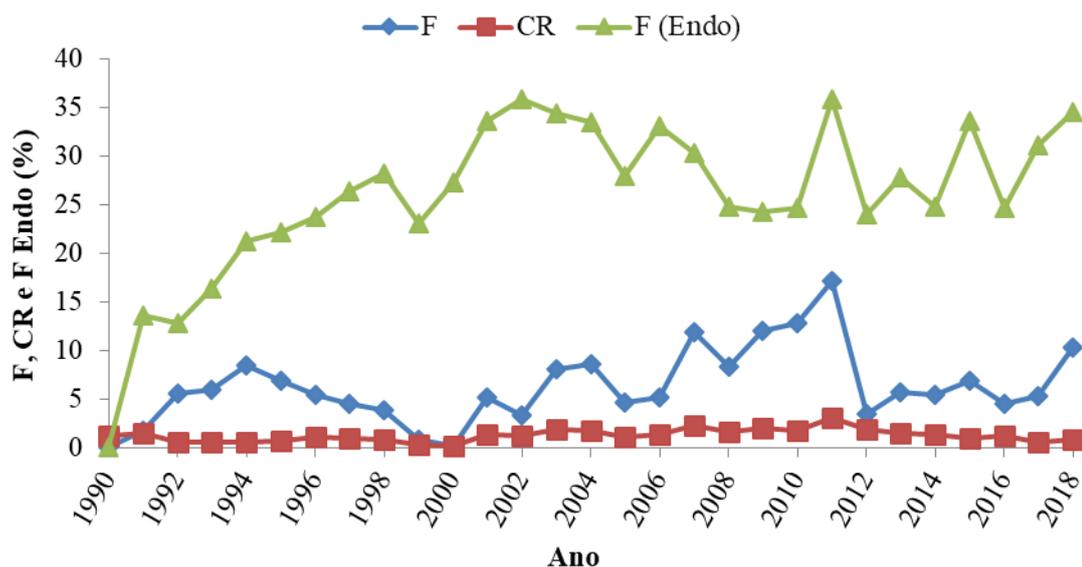


Figura 5. Valores da endogamia (F), coeficiente médio de relação (CR) e endogamia de animais endogâmicos F (Endo) em ovinos da raça Morada Nova

Admitindo a possibilidade de subestimação dos parâmetros devido ao elevado número de indivíduos sem ancestralidade conhecida, ao considerar apenas os indivíduos com gerações completas, o CR e o F bem como a quantidade de indivíduos endogâmicos foram expressivamente mais elevados que aqueles encontrados na população total (Tabela 7).

Tabela 7. Número de animais (N), coeficiente de endogamia médio (F), animais endogâmicos (FEndo), número de animais endogâmicos (N Endógamos) e coeficiente de relação médio (CR) da raça Morada Nova em função do número de gerações completas

Geração	N	F (%)	F (Endo) (%)	N Endógamos	CR (%)
1	2462	0,57	22,68	70	1,03
2	1438	10,25	16,23	908	1,84
3	836	21,32	23,29	765	2,91
4	350	26,30	27,89	330	3,80
5	298	35,95	40,88	262	5,80
6	299	47,63	47,63	299	8,47
7	123	53,20	53,20	123	9,48

N= número de animais em cada geração

A determinação dos valores de CR e F em função do número de gerações completas, a despeito da esperada relação direta, evidencia a importância da integralidade dos *pedigrees* na efetividade do controle dos acasalamentos. Um animal que apresenta elevado coeficiente de endogamia, porém baixo coeficiente de CR, pode ser utilizado na reprodução sem prejuízos da variabilidade da população (Goyache et al., 2010). No presente estudo foi identificado número considerável de animais com esse perfil, os quais podem ser utilizados em acasalamentos direcionados para reduzir a perda da diversidade genética da raça.

Considerando apenas os animais que possuíam no mínimo duas gerações completas (pais e avós conhecidos), o valor médio de F foi 21,90%, com variação de 8,42% a 30,39% no período de 1991-2018 (Figura 6). O nível de endogamia dos indivíduos com ancestralidade conhecida (mínimo de duas gerações completas) mostrou-se mais fidedigno para a raça Morada Nova, uma vez que, o baixo número de animais disponíveis para reprodução proporcionou a ocorrência de muitos acasalamentos consanguíneos. Ressalta-se que valores de F superiores a 10% podem aumentar a homozigose e a presença de genes recessivos indesejáveis (Alcalá et al., 1995), predispondo a população à depressão endogâmica (Paiva et al., 2011), podendo

provocar o aparecimento de defeitos fenotípicos e influenciar negativamente as características produtivas (Vostry et al., 2018).

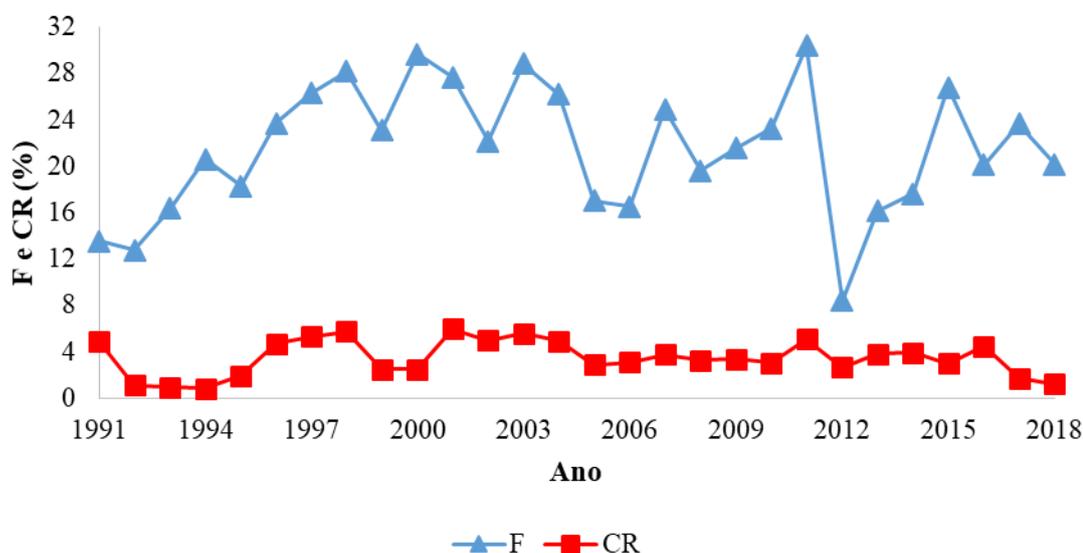


Figura 6. Valores da endogamia (F) e coeficiente de relação (CR) dos ovinos da raça Morada Nova que apresentam no mínimo duas gerações completas

Os valores obtidos para F_{IS} e F_{IT} foram -0,0149 e 0,0594, respectivamente; o valor de F_{ST} foi 0,0732, denotando moderada diferenciação genética entre as populações, visto que este parâmetro expressa a distância genética entre as subpopulações (Hartl & Clark, 2010). Valor similar F_{ST} (0,088) foi verificado em ovinos nativos nigerianos (Agaviezor et al., 2012). O valor de F_{ST} encontrado revelou a ausência de estruturação da população (Teixeira Neto et al., 2013), sendo que o uso de reprodutores externos (não próprios) proporcionou a troca genética entre os rebanhos.

Os dez principais fundadores foram responsáveis por 19,01% da variabilidade genética da raça, sendo que as fêmeas (03) e os machos (07) apresentaram CR médio de 5,42% e 13,59%, respectivamente. Os três principais fundadores (dois machos e uma fêmea), tiveram 113 filhos e apresentaram CR médio de 10,23% (Figura 7). A contribuição de cada fundador para a variabilidade genética varia em função da quantidade de descendentes deixados na população (Teixeira Neto et al., 2013).

Os 26 principais ancestrais (fundadores ou não), 18 machos e 8 fêmeas, foram responsáveis por 50,45% da variabilidade genética da raça; o principal ancestral era macho e teve 55 filhos (Figura 7). A quantidade de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética nos grupos genéticos é bastante variada, tendo sido observado 28, 50, 69, 304 e 425 nas raças Zandi (Ghafouri-Kesbi, 2010), Mallorquina (Goyache et al., 2010), Santa Inês (Pedrosa et al., 2010), Merino (Azor et al., 2008) e Segureña (Barros et al., 2017), respectivamente. Vale ressaltar que quando poucos ancestrais são responsáveis pela maior parte da variabilidade genética essa situação pode proporcionar a ocorrência do efeito gargalo, caso não ocorra mudança no direcionamento dos acasalamentos (Oliveira et al., 2016).

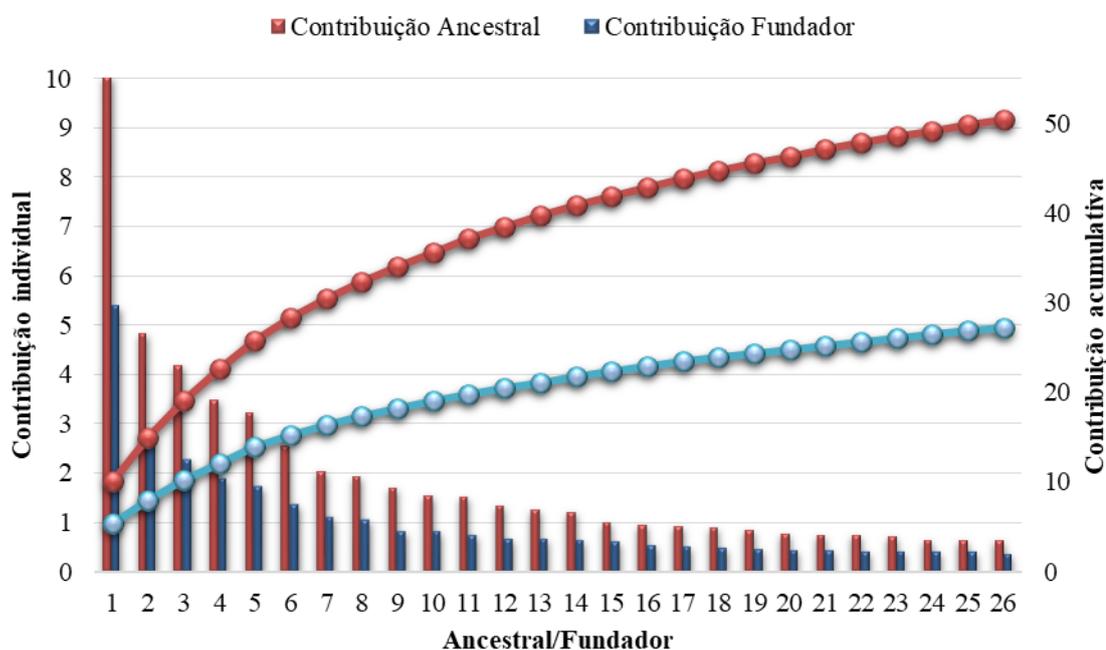


Figura 7. Coeficiente de relação e contribuição acumulativa e individual dos principais fundadores e ancestrais para a variabilidade genética da raça Morada Nova

Os números totais e efetivos de animais fundadores e ancestrais foram iguais, 1.276 e 48. Portanto a relação entre o número efetivo de fundadores e ancestrais (f_e/f_a) foi igual a 1, a qual tem sido sugerida como ideal (Boichard et al., 1997). Quando os valores são exatamente iguais ($f_e=f_a$), significa que os genes dos animais que contribuíram para formação da raça continuam presentes de maneira efetiva no rebanho

atual (Amaral, 2012). Por outro lado, os valores de f_e e f_a devem ser o mais próximo possível do número da população fundadora para assegurar a variabilidade da raça (Rego Neto et al., 2017). Entretanto, o f_e e f_a da raça Morada Nova corresponderam a apenas 3,76% do total, ocorrendo o efeito fundador e, por consequência, reduzindo a variabilidade genética da raça.

O tamanho efetivo (N_e) nos primeiros seis anos de formação da raça foi nulo devido a impossibilidade de sua quantificação; nas duas décadas subsequentes o N_e elevou gradativamente até alcançar o valor de 22,09; no período seguinte após uma queda (13,09) o N_e elevou expressivamente durante nove anos, atingindo o valor mais alto em todo o período de existência da raça (84,81). Entretanto, nos últimos quatro anos o N_e caiu para 41,10 (Figura 8).

O uso de animais sem genealogia conhecida pode influenciar e mascarar o valor do N_e da população (Vozzi, 2014). Na raça Morada Nova tem ocorrido a inserção de animais de genealogia desconhecida ao longo das gerações, o que pode ter levado a subestimação dos valores do N_e .

O N_e permaneceu por 21 anos com o valor muito abaixo de 50, valor recomendado pela FAO (1988). Esse baixo N_e leva a perda da viabilidade genética, o que pode afetar negativamente as características ligadas à produção e a sobrevivência, e dessa forma contribuir para o desinteresse dos criadores pela raça (Rego Neto et al., 2017). Destarte políticas devem ser adotadas por instituições oficiais no sentido de manter o $N_e > 50$ para assegurar a variabilidade genética ao longo das gerações, minimizando o risco de desaparecimento deste grupo genético.

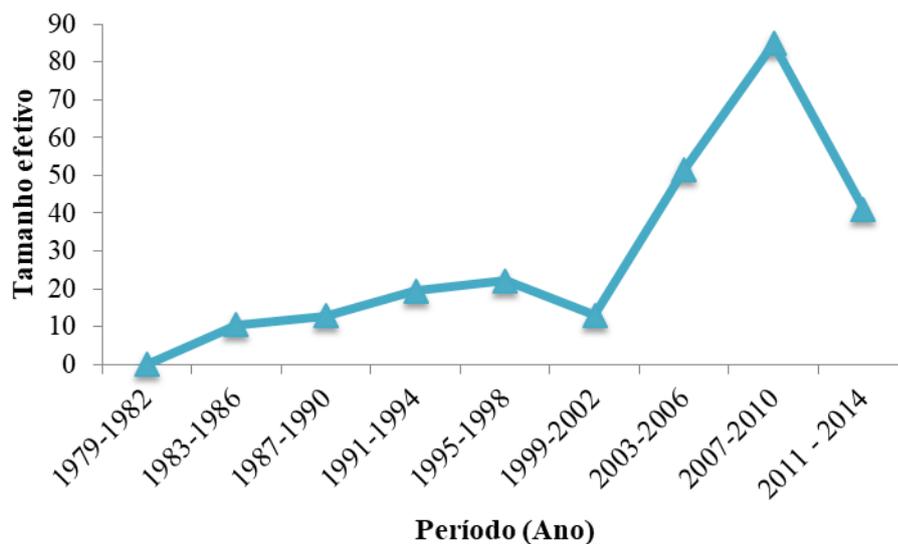


Figura 8. Tamanho efetivo da população de ovinos da raça Morada Nova no período de 1979 a 2014

O índice de conservação genética (ICG) individual variou de 1 a 11,76, com média geral de 2,22; esse parâmetro aumentou anualmente 0,08 nos machos e 0,05 nas fêmeas (Figura 9). Apenas 11 animais apresentaram ICG >11, destes animais, nove pertenciam ao mesmo rebanho, cuja média de ICG foi 5,88. Ressalta-se que neste referido rebanho tem sido utilizada biotécnicas da reprodução como inseminação artificial e transferência de embriões.

O conhecimento sobre animais com ICG alto pode contribuir na seleção de reprodutores para programas de reprodução (Paiva et al., 2011), bem como, nortear os acasalamentos buscando a manutenção da variabilidade genética da população (Rego Neto et al., 2017). Os indivíduos com elevado ICG, identificados neste estudo, poderão ser utilizados de forma estratégica em acasalamentos direcionados para manter ou aumentar o nível de participação dos fundadores nas próximas gerações da raça Morada Nova.

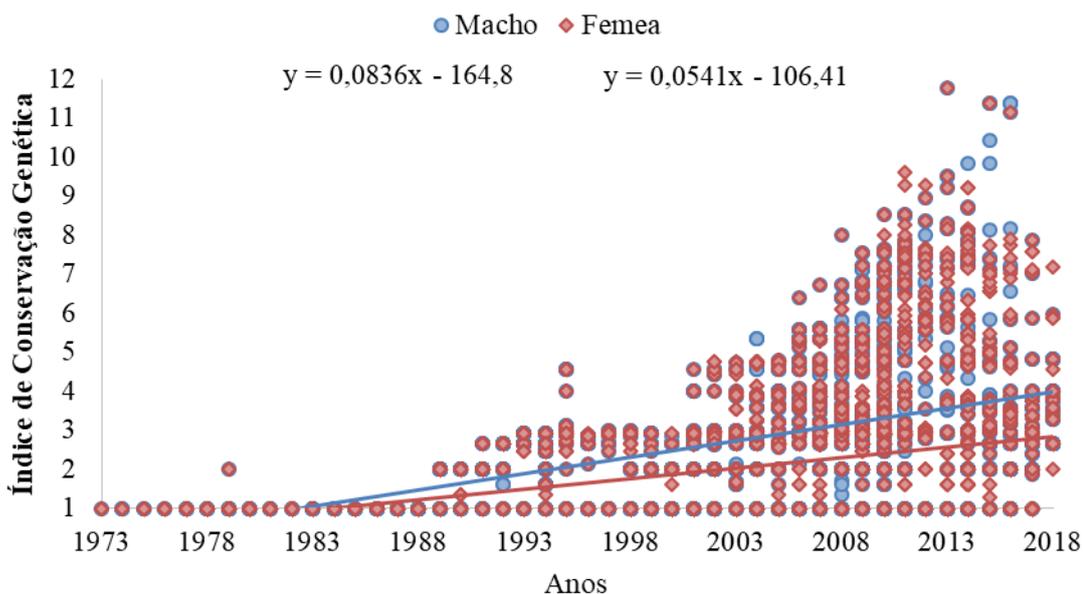


Figura 9. Índice de Conservação Genética (ICG) de machos e fêmeas por ano de registro da raça Morada Nova

A maioria dos indivíduos (63,71%) apresentaram ICG baixo (≤ 3); 55,35% das fêmeas e 20,02% dos machos apresentaram ICG igual a 1,0 (Figura 10). Embora esses valores possam estar subestimados devido à presença de ancestrais sem genealogia conhecida, ainda reflete um cenário preocupante, pois, há grande quantidade de indivíduos com apenas um fundador em sua genealogia. Por outro lado, foram identificados animais com ICG mais elevados (7 a 11), os quais podem ser utilizados em acasalamentos direcionados com o propósito de elevar a variabilidade genética da raça.

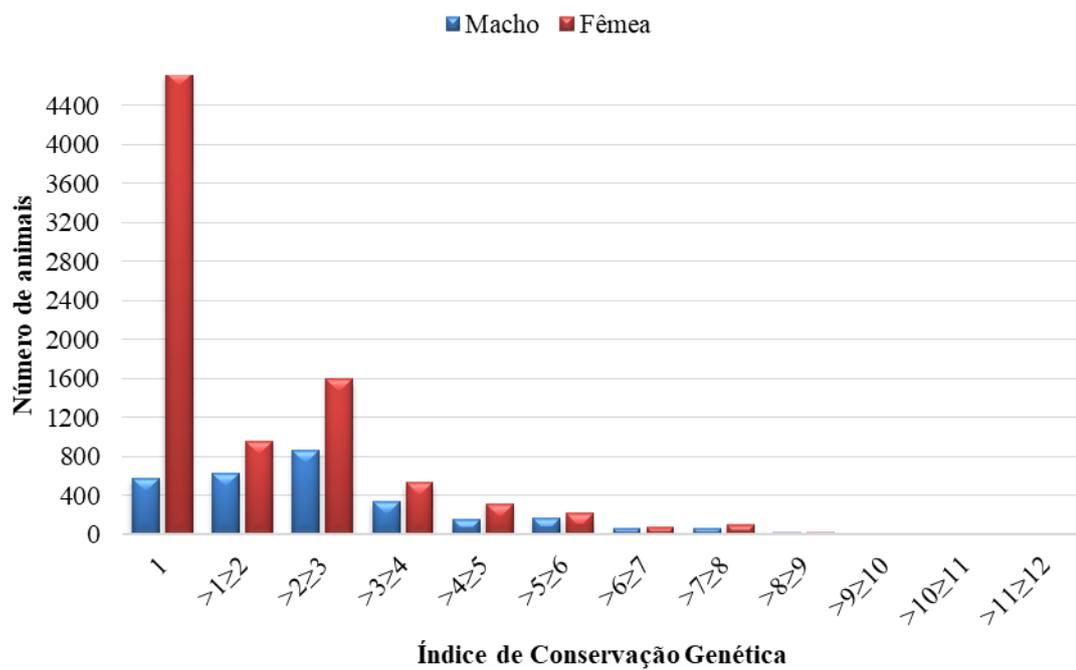


Figura 10. Número de animais por Índice de Conservação Genética (ICG) da raça Morada Nova

V – CONCLUSÕES

Os ovinos da raça Morada Nova apresentam baixa integralidade do *pedigree*, o que subestimou os valores dos parâmetros que têm como base de cálculo as informações da ancestralidade;

O número de animais registrados/ano tem sido pouco expressivo ao longo da formação da raça, com tendência agravante de redução nos últimos oito anos, o que, provavelmente, está diminuindo a variabilidade genética da raça;

O nível elevado de endogamia dos indivíduos com o duas ou mais gerações completas sugere a ocorrência de impacto negativo sobre as características ligadas à sobrevivência e a produtividade, a despeito do valor deste parâmetro na população total se mostrar baixo;

Existem alguns indivíduos que apresentam número considerável de fundadores em seu *pedigree*, os quais podem ser usados para manter ou elevar a variabilidade genética nas futuras gerações.

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, p. 18–29, 1992.
- AMARAL, R.S. **Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em nelore mocho do Nordeste do Brasil**. 2012. 107p. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 2012.
- AGAVIEZOR, B.O.; PETERS, S.O.; ADEFENWA, M.A.; YAKUBU, A.; ADEBAMBO, O.A.; OZOJE, M.; IKEOBI, C.O.; WHETO, M.; AJAYI, O.O.; AMUSAN, S.A.; EKUNDAYO, O.J.; SANNI, T.M.; OKPEKU, M., ONASANYA, G. O.; DONATO, M. de; ILORE, B.M.; KIZILKAYA, K.; IMUMORIN, I.G. Morphological and microsatellite DNA diversity of Nigerian indigenous sheep. **Journal of Animal Science and Biotechnology**, v. 3, p. 2-16, 2012.
- AZOR, P.J.; CERVANTES, I.; VALERA, M.; ARRANZ, J.J.; MEDINA, C.; GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; MUÑOZ, A.; MOLINA, A. Análisis preliminar de la estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 104, n. 2, p. 295-302, 2008.
- BARROS, E.A. **Estrutura populacional da raça ovina Segurenã e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento**. 2012. 70p. Tese (Doutorado Integrado em Zootecnia) Universidade Federal Rural de Pernambuco / Universidade Federal da Paraíba / Universidade Federal do Ceará. 2012.
- BARROS, E.A.; BRASIL, L.H. de.; TEJERO, J.P.; DELGADO-BERMEJO, J.V.; RIBEIRO, M.N. Population structure and genetic variability of the Segurenã sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, v. 149, p. 128-133, 2017.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v.29, p.5-23, 1997.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F. e.; TORRES, R.A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2327-2334, 2009.
- FACÓ, O.; SILVA, P.H.T. da.; SHIOTSUKI, L.; LÔBO, R.N.B.; SILVA, K.M.; MORAIS, O.R. de. O padrão racial e o melhoramento genético da raça Morada Nova. **ARCO Revista**. Bagé, n.2, p.7-9, 2013.

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

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

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

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

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

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

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

HARTL, D.; CLARK L., ANDREW G. **Princípios de Genética de Populações**, 4ª EDIÇÃO – Porto Alegre: ARTMED, 2010.

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

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

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

MCMANUS, C.M.; HERMUCHE, P.; PAIVA, S.R.; MORAIS, J.C.F.; PAULA, F.; MELO, C.B.; MENDES, C.Q. Distribuição geográfica genética de raças de ovinos no Brasil e sua relação com fatores ambientais e climáticos, como a classificação de risco para a conservação. **Bagé: ARCO**, 2014.

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

MOKHTARI, M.S.; MORADI SHAHRBABA, M.; ESMAILIZABDEH, A.K.; ABDOLLAHI-ARPAHAHI, R.; GUTIÉRREZ, J.P. Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis. **Small Ruminant Research**, v. 114, p. 202-205, 2013.

MUNIZ, L.M.S.; SOUZA, L.A.; BARBOSA, A.C.B.; AMBROSINI, D.P.; OLIVEIRA, A.P.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; DUARTE, R.A.B. The Polled Gir Polled in Northeastern Brazil: population genetic structure via analysis of pedigree. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.6, p.1656-1664, 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.

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

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

PAIVA, S.R.; FARIA, D.A.; LACERDA, T.; FACÓ, O.; LOBO, R.N.B.; BARRETTO, G.B.; CARNEIRO, P.L.S.; MCMANUS, C. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, n.7, p.1449-1457, 2011.

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

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

REGO NETO, A.A.; SARMENTO, J.L.R.; SANTOS, N.P.S.; 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.

SANTANA, M.L.; BIGNARDI, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. **Tropical animal health and production**, v.47, n.8, p.1573-1580, 2015.

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

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

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

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.

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

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