



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ÉMERSON JOSÉ ALVES MATOS**

**ESTRUTURA POPULACIONAL E EFEITOS DA ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVELHAS MORADA NOVA**

**FORTALEZA**

**2021**

ÉMERSON JOSÉ ALVES MATOS

ESTRUTURA POPULACIONAL E EFEITOS DE ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVELHAS MORADA NOVA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Zootecnia. Área de concentração: Produção e Melhoramento Animal.

Orientador: D Sc. Raimundo Nonato Braga Lôbo.

FORTALEZA

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Biblioteca Universitária  
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

M382e Matos, Êmerson José Alves.  
Estrutura populacional e efeitos de endogamia sobre características de crescimento em ovelhas  
Morada Nova / Êmerson José Alves Matos. – 2021.  
45 f.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias,  
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Fortaleza, 2020.  
Orientação: Prof. Dr. Raimundo Nonato Braga Lôbo.

1. Peso ao nascimento. 2. Peso a desmame. 3. Ganho de peso ao pré-desmame. I. Título.

CDD 636.08

---

ÉMERSON JOSÉ ALVES MATOS

ESTRUTURA POPULACIONAL E EFEITOS DE ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO EM OVELHAS MORADA NOVA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Zootecnia. Área de concentração: Produção e Melhoramento Animal.

Aprovado em: \_\_/\_\_/\_\_\_\_.

BANCA EXAMINADORA

---

Prof. D Sc. Raimundo Nonato Braga Lôbo (Orientador)  
Embrapa Caprinos e Ovinos

---

Pesquisador D.ra. Maria Malane Magalhães Muniz  
University of Guelph, Department of Animal Biosciences, Centre for Genetic Improvement of  
Livestock

---

Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz  
Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida, pela saúde e por todas as conquistas alcançadas.

À Universidade Federal do Ceará e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de cursar o mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa.

Aos meus pais, José Arnaldo de Jesus Matos e Gilvania Alves Matos (*in memoriam*), pelo grande exemplo, apoio e por todo o esforço e dedicação para com nossa família. Sei que, independente da distância, vocês estarão sempre comigo.

À minha irmã, Aline Alves Matos, por sempre me desejar o melhor.

A Renan de Caldas Honorato, pelo carinho, companheirismo e por me incentivar a correr em busca dos meus sonhos.

À felina Penélope, pela presença sempre feliz na minha vida.

Ao professor Raimundo Nonato Braga Lôbo, pelos grandes ensinamentos, dedicação, confiança e paciência demonstrados durante a orientação.

Aos queridos amigos Leila Maria, Samuel França, Levi Afonso, Ingrid Rodrigues, Eduardo Pessoa, Alan Aguiar, Rafael Silva e Samilly Alves, que contribuíram com a felicidade de cursar a Pós-Graduação em Zootecnia na UFC.

A Wasline Terllizzie Rocha Lopes Borges, por todo o carinho recebido, por me receber em seu lar de braços abertos e pelos “toques”. Deus abençoe grandemente sua vida.

Ao corpo docente do programa de pós-graduação em Zootecnia da Universidade Federal do Ceará, pelos grandes ensinamentos.

Eu ainda tenho muito o que aprender. Mas, pelo menos, eu sei onde buscar. Quando eu estiver nas horas mais difíceis. Enquanto eu... (Como eu sei todas as coisas são possíveis) Enquanto eu acreditar. (Mariah Carey, 2002).

## RESUMO

Com o objetivo de descrever a estrutura populacional, avaliar a variabilidade genética e quantificar o efeito da endogamia sobre as características de crescimento de ovinos da raça Morada Nova, foram utilizados registros genealógicos de 6.573 animais. As características incluídas foram: peso ao nascer (PN, n = 4.340), peso ao desmame (PD, n = 2.308) e ganho de peso ao pré-desmame (GP, n = 2.071). O número efetivo de animais fundadores e ancestrais foram de 105 e 86, respectivamente. Destes, 39 ancestrais foram responsáveis por 50% da variabilidade genética nessa população. Os tamanhos efetivos para gerações máximas, completas e equivalentes foram de 57,31, 24,02 e 28,74, respectivamente. Os baixos valores obtidos na endogamia média (0,88%) e no coeficiente de parentesco médio (0,52%) indicaram variabilidade genética possível de ser explorada por seleção. No entanto, esses resultados podem estar relacionados à baixa integridade do pedigree, observada por meio do número de gerações equivalentes (1,09). A depressão por endogamia não foi constatada ( $P > 0,05$ ) nas características de crescimento avaliadas.

**Palavras-chave:** Ganho de peso ao pré-desmame. Peso ao nascimento. Peso a desmame.

## ABSTRACT

Genealogical records of 6,573 animals were used to describe the population structure, evaluate the genetic variability, and estimate the effect of inbreeding on the growth traits of Morada Nova sheep, which included birth weight (BW, n = 4,340), weaning weight (WW, n = 2,308), and pre-weaning weight gain (WG, n = 2,071). The effective numbers of founder and ancestral animals were 105 and 86, respectively; 39 ancestors were responsible for 50% of the genetic variability in this population. The effective sizes for maximum, complete, and equivalent generations were 57.31, 24.02, and 28.74, respectively. The low values obtained for the average inbreeding (0.88%) and average kinship coefficient (0.52%) indicated genetic variability that could be explored by selection. However, these results may be related to the low integrity of the pedigree, which was observed through the number of equivalent generations (1.09). Inbreeding depression was not observed ( $P < 0.05$ ) in the growth traits evaluated.

**Keywords:** Birth weight. Pre-weaning weight gain. Weaning weight.



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Caracterização do banco de dados genealógico de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.....	26
Tabela 2 – Estatística resumida da análise de pedigree de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.....	29
Tabela 3 – Intervalo de geração e desvio padrão (anos) por meio das quatro passagens gaméticas de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.....	29
Tabela 4 – Número médio de gerações, endogamia por geração e tamanho efetivo da população de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.....	30
Tabela 5 – Número de animais (N), endogamia média (F), coeficiente de parentesco (AR) e tamanho efetivo (Ne) de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil, por gerações completas rastreadas.....	30
Tabela 6 – Distribuição dos registros das características de peso corporal em diferentes classes endogâmicas de ovinos Morada Nova nascidos entre 2004 e 2008, e criados no Estado do Ceará, Brasil.....	31

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AR	Parentesco médio
ARCO	Associação Brasileira de Criadores de Ovinos
Embrapa	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
F	Endogamia
$f_a$	Número efetivo de ancestrais
$f_e$	Número efetivo de fundadores
GENECOC <sup>®</sup>	Programa de melhoramento genético de caprinos e ovinos de corte
GP	Ganho de peso ao pré-desmame
IG	Intervalo de geração
LSD	<i>Least Significant Difference</i>
$N_e$	Número ou tamanho efetivo
PD	Peso ao desmame
PN	Peso ao nascimento
SGR	Sistema de Gerenciamento de Rebanho
$\Delta c$	Taxa de coancestralidade
$\Delta F$	Taxa de endogamia

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	11
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	13
<b>2.1</b>	<b>A raça Morada Nova</b> .....	13
<b>2.2</b>	<b>Estrutura populacional e integridade do pedigree</b> .....	14
<b>2.2.1</b>	<i>Número ou tamanho efetivo populacional (<math>N_e</math>)</i> .....	15
<b>2.2.2</b>	<i>Intervalo de gerações (IG)</i> .....	16
<b>2.2.3</b>	<i>Probabilidade de origem do gene (número efetivo de fundadores e ancestrais)</i> .....	17
<b>2.2.4</b>	<i>Endogamia média (<math>F</math>) e parentesco médio (<math>AR</math>)</i> .....	18
<b>2.2.5</b>	<i>Índice de Fixação ou Estatísticas <math>F</math></i> .....	20
<b>2.3</b>	<b>Fatores ambientais que afetam o peso e crescimento de cordeiros</b> .....	21
<b>3</b>	<b>METODOLOGIA</b> .....	24
<b>3.1</b>	<b>Animais</b> .....	24
<b>3.2</b>	<b>Análise dos Pedigrees</b> .....	25
<b>3.3</b>	<b>Análise dos efeitos da endogamia sobre o desenvolvimento ponderal</b> .....	27
<b>4</b>	<b>RESULTADOS</b> .....	29
<b>5</b>	<b>DISCUSSÃO</b> .....	33
<b>6</b>	<b>CONCLUSÃO</b> .....	38
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	39

## 1 INTRODUÇÃO

A raça de ovelhas deslanadas Morada Nova é uma das principais raças localmente adaptadas ao Nordeste do Brasil. São animais rústicos, que por terem se adaptado ao clima semiárido da região, tornaram-se importante fonte de proteína para as populações locais. Estes ovinos são mochos, de cauda fina e média que não ultrapassa o jarrete, possuem peso médio de 40 a 60 kg para os machos e 30 kg para as fêmeas e apresentam dois tipos de pelagens, vermelha ou branca (ARCO, 2019). São animais de pequeno porte, prolíficos e possui aptidão para a produção de carne e pele sob condições adversas (MCMANUS; PAIVA; ARAUJO, 2010).

Uma redução no número efetivo de ovinos dessa raça vem sendo notada a cada ano, principalmente em função de crescente número de cruzamentos absorvente realizados entre esses ovinos e raças exóticas, como por exemplo ovinos da raça Dorper, o que coloca em risco a existência e a preservação deste importante grupo genético (FACÓ *et al.*, 2008). O eminente desaparecimento da raça Morada Nova também foi alertado por Pereira (2001), devido ao número reduzido de animais no rebanho. Muniz *et al.* (2012) apontam que a dificuldade em se adquirir animais dentro do padrão racial tem desestimulado os produtores e contribuído para a diminuição do efetivo da raça. Em função disso, em outubro de 2007, a Embrapa e parceiros, com o apoio financeiro do Banco do Nordeste do Brasil, iniciou um projeto intitulado “Núcleo de Melhoramento Genético de Conservação da Raça Morada Nova” (BELCHIOR; SHIOTSUKI, 2017).

O entendimento da estrutura populacional e da variabilidade genética, destes rebanhos, é de fundamental importância na orientação destes trabalhos. Uma vez que, mostra aqueles indivíduos mais utilizados e o impacto do processo seletivo sobre a diversidade genética da raça (MCMANUS *et al.*, 2019).

A diminuição do tamanho de uma população pode levar ao que é conhecido como perda por processo dispersivo, ou seja, mudança ao acaso da frequência gênica e consequente perda de variabilidade genética (FALCONER; MACKAY, 1996). Além disso, contribui para aumento da endogamia, que é caracterizada pelo o aumento do número de acasalamentos entre indivíduos geneticamente mais próximos do que a média da população. Entre os efeitos negativos da endogamia podemos citar: a expressão de alelos recessivos deletérios e a depressão endogâmica. Estes efeitos são favorecidos pelo aumento no número de locos homozigóticos na população (BOURDON, 2014). A constatação da influência do efeito

depressivo da endogamia no desempenho individual, segundo Barros (2012), é frequente, sendo possível observar este efeito em diferentes idades de crescimento. Estudos avaliaram os efeitos de endogamia sobre taxas de crescimento em ovinos das raças Santa Inês (PEDROSA *et al.*, 2010), Bharat Merino (GOWANE *et al.*, 2013), Guilan (ETEQADI; HOSSEIN-ZADEH; SHADPARVAR, 2014), Mehraban (YAVARIFARD; HOSSEIN-ZADEH; SHADPARVAR, 2014), Segureña (BARROS *et al.*, 2017) e Dorper (KIYA *et al.*, 2019), no entanto não foram encontrados na literatura estudos reportando efeitos de endogamia na raça Morada Nova.

Diante do exposto, objetivou-se: descrever a estrutura populacional, estimar a endogamia para avaliar a variabilidade genética presente e quantificar os possíveis efeitos da mesma sobre os pesos ao nascimento, ao desmame e no ganho de peso pré-desmame em ovinos da raça Morada Nova.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 A raça Morada Nova

O nome dessa raça é em homenagem a região de Morada Nova, Estado do Ceará, Brasil, onde, em 1937, o zootecnista Otávio Domingues caracterizou esse tipo étnico. Em sua descrição, ele sobressalta a ausência de lã, sendo a pele coberta de pelo cabrum grosseiro e curto (DOMINGUES, 1941). No entanto, o epônimo só foi oficializado durante uma reunião realizada pelo Ministério da Agricultura, no ano de 1977, em Fortaleza, Ceará (FIGUEIREDO, 1980).

A raça Morada Nova está entre os principais grupos raciais de ovinos deslanados do Nordeste brasileiro, não só devido às suas excelentes características reprodutivas (elevada habilidade materna, taxa de prolificidade, precocidade sexual e ausência de estacionalidade reprodutiva), mas, também, pela sua rusticidade e adaptação ao clima quente da região semiárida do Brasil (FACÓ *et al.*, 2008). O seu pequeno porte é uma vantagem estratégica em períodos de escassez de alimentos, pois suas exigências nutricionais são menores quando comparadas às de animais de grande porte (GONZAGA NETO *et al.*, 2005).

Segundo a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO, 2019), estes animais são caracterizados morfológicamente da seguinte forma:

- Animais deslanados, mochos, de pelagem vermelha ou branca - machos com 40/60 kg e fêmeas adultas com 30/50 kg;
- cabeça larga, alongada, perfil sub-convexo, focinho curto bem proporcionado, orelhas bem inseridas na base do crânio e terminando em ponta, e olhos de forma amendoada;
- pescoço bem inserido no tronco, podendo ter, ou não, brincos;
- linha dorso-lombar reta, admitindo-se ligeira proeminência de cernelha nas fêmeas; garupa curta com ligeira inclinação; cauda fina e média, não passando dos jarretes;
- membros finos, bem aprumados, cascos pequenos e escuros;
- pelagem pode variar de vermelha escura a clara (vermelha) e branca, ambas tidas como variedades da raça.
- são considerados defeitos que impedem o registro na associação (ARCO): pelagem atípica, descaracterizada; - Manchas de qualquer cor, sobre as pelagens branca ou vermelha; - Pêlos atípicos; Mucosas e cascos despigmentados; - Pele excessivamente

fina;- Constituição débil; Má conformação e aprumos defeituosos; Presença de chifres; Barba e toalha (babeiro); Orelhas grandes e pendentes; - Má formações bucais (prognatismo, retrognatismo); Lordose, cifose e escoliose; Cauda excessivamente grossa, curta ou mais de 25% de cor branca; Criptorquidia, monorquidia, hipoplasia ou acentuada assimetria testicular.

No entanto, Shiotsuki *et al.* (2016) apontam a necessidade de readaptação do padrão racial oficial na tentativa de reduzir o descarte, de animais, em função do não atendimento de características descritas no padrão racial. Segundo Facó *et al.* (2013), o cumprimento desse atual padrão pode impactar sobre o melhoramento genético da raça (redução do ganho genético para características produtivas como peso ao nascer) bem como para a redução da variabilidade genética na raça, induzindo o uso intensivo de um pequeno número de reprodutores e matrizes e comprometendo a conservação deste importante patrimônio genético.

## **2.2 Estrutura populacional e integridade do pedigree**

Diferentemente da população ideal proposta por Wright (1922), onde inexitem alterações de frequências alélicas, Valera *et al.* (2005) concluíram que os rebanhos comerciais não possuem tamanho infinito, os acasalamentos nem sempre ocorrem ao acaso, o número de reprodutores varia a cada geração e que não são todos os indivíduos que sobrevivem do nascimento à fase adulta, da mesma forma que a chance de se reproduzirem não é igual para todos. Além disso, as populações comerciais sofrem efeitos sistemáticos de migração, deleção e seleção o que levam a mudanças nas frequências gênicas e genotípicas (FALCONER; MACKAY, 1996).

O estudo de Kiya *et al.* (2019) mostrou que efeitos das mudanças na população ao longo das gerações podem ser observados por meio do estudo de sua estrutura genealógica, a qual revela a maneira como os genes foram herdados ao longo das gerações, bem como o impacto dessa herança na geração atual. Mesmo com as constantes descobertas na área de genética molecular, os estudos de avaliação da estrutura genética de populações com base em informações de pedigree continuam a serem utilizados em estudos com ovinos (BARROS *et al.*, 2017), equinos (BUSSIMAN *et al.*, 2018), caprinos (SOUSA *et al.*, 2018), bubalinos (HOSSEIN-ZADEH, 2016) e bovinos (SELL-KUBIAK; CZARNIECKI; STRABEL, 2018)

em todo o mundo, isso ocorre principalmente devido ao baixo custo e a simplicidade de obtenção, quando comparado ao uso de marcadores moleculares (CARNEIRO *et al.*, 2009).

Um pedigree bem estruturado, ou seja, com várias gerações conhecidas e com informações que reflitam a realidade do rebanho, é imprescindível na realização de estudos de estrutura de populações e contribui para a diminuição de incidência de erros quanto aos resultados obtidos (OKAMURA, 2015). Além disso, a falta de informações referentes ao desempenho e a recente introdução de animais na população, são fatores que podem levar à subestimação ou à superestimação dos parâmetros obtidos a partir dos registros genealógicos (GOYACHE *et al.* 2003).

Os parâmetros estimados que caracterizam uma população, segundo Oliveira (2009), permitem prevenir tendências negativas assim que essas se tornem evidentes, ou seja, possibilita a tomada de decisão a fim de minimizar quaisquer problemas de ordem genética na população. Desta forma, o autor mostrou que os principais parâmetros populacionais passíveis de serem obtidos por meio de informações de pedigree são: número ou tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ), probabilidade de origem do gene (número efetivo de fundadores e ancestrais), intervalo de gerações (IG), parentesco médio (AR), endogamia (F) e estrutura genética (estatística F).

### 2.2.1 *Número ou tamanho efetivo populacional ( $N_e$ )*

O número efetivo da população ( $N_e$ ) foi definido por Wright (1969) como o tamanho de uma população idealizada, que daria origem à taxa de endogamia ( $\Delta F$ ).

O coeficiente de endogamia (F) está intimamente relacionado ao  $N_e$ , pois, quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ascendentes comuns, assim como o coeficiente de endogamia (BREDA *et al.*, 2004).

Quando informações de pedigree estão disponíveis, o tamanho efetivo da população pode ser estimado a partir do aumento na taxa da endogamia ( $\Delta F$ ) entre duas gerações discretas, como em  $N_e = 1/2\Delta F$ , com  $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$ , em que  $F_t$  e  $F_{t-1}$  são a endogamia média em t e t-1 gerações, respectivamente. Entretanto, a constância no aumento da endogamia só é observada em uma “população ideal”, ou seja, de tamanho constante, ausente de migração, mutação ou seleção (FALCONER; MACKAY, 1996). O que não corresponde aos padrões de populações reais, que possuem ainda gerações sobrepostas, contribuições desiguais entre machos e fêmeas, e a presença de acasalamento não aleatório é comum, tornando a  $\Delta F$  um



parâmetro complexo de lidar. Nesses casos a definição de uma geração “anterior” é difícil de precisar (GUTIÉRREZ *et al.*, 2008). Muitas tentativas têm sido feitas para lidar com os diferentes cenários do mundo real, a fim de obter estimativas confiáveis do tamanho efetivo da população (CABALLERO, 1994; CABALLERO; TORO, 2000). No entanto, Gutiérrez *et al.* (2008) ressaltaram não existir um método padrão de aplicação geral para obter o tamanho efetivo da população. Aqui, apresentam-se duas abordagens diretas para lidar com essa tarefa: pelo cálculo do aumento na endogamia para cada indivíduo ( $\Delta F_i$ ) e pelo aumento individual da coancestralidade.

### 2.2.2 Intervalo de gerações (IG)

O intervalo de gerações é a idade média dos pais quando nascem seus filhos, do primeiro ao último, mantidos ou não para a reprodução (JAMES, 1977). Este índice, segundo Carneiro, Malhado, Martins Filho (2010), pode ser obtido considerando as quatro passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha. O IG está intimamente ligado às perdas de variabilidade genética, uma vez que essas ocorrem a cada geração; se o IG for curto, elas ocorrerão a uma taxa mais alta por unidade de tempo (NAVARRO, 2008).

A redução do intervalo médio de gerações, afirmaram Malhado *et al.* (2008), é fundamental para o aumento nos ganhos genéticos, podendo-se duplicar os ganhos genéticos ao reduzir o IG pela metade. Em termos de progresso genético, destacou Okamura (2015), a diminuição do intervalo de gerações é vista como algo desejado, mas o mesmo não é observado em termos de conservação da diversidade genética ou quando o progresso alcançado não compensa os efeitos negativos da endogamia.

Considerando que cada rebanho é conduzido de uma forma própria, com objetivos e critérios de seleção definidos por cada criador ou instituição responsável. Então, a simples finalidade, se rebanho comercial ou de conservação, reflete em menores ou maiores IGs. Em um rebanho de ovinos Morada Nova da variedade branca, Rodrigues *et al.* (2009) observaram um IG médio de 4,98 anos, enquanto McManus *et al.* (2019) encontraram 3,6 anos ao trabalhar com animais da variedade vermelha.

Em ovinos de outras raças foram observados os seguintes IG em anos: Xalda – 2,97 (GOYACHE *et al.*, 2003); Galego – 4,56 (ADAN *et al.*, 2007); Elsenburg Dormer – 3,27 (VAN WYK; FAIR; CLOETE, 2009); Santa Inês – 3,70 (PEDROSA *et al.*, 2010); Balluci – 3,33 (TAHMOORESPUR; SHEIKHLOO, 2011); Kermani – 4,48 (MOKHTARI *et al.*, 2013);

Santa Inês – 3,22 (TEIXEIRA NETO *et al.*, 2013); Guilan – 2,38 (ETEQADI; HOSSEIN-ZADEH; SHADPARVAR, 2014); Iran-Blak – 3,39 (MOKHTARI *et al.*, 2014); Mehraban Iranian – 2,15 (YAVARIFARD; HOSSEIN-ZADEH; SHADPARVAR, 2014); Segureña – 3,79 (BARROS *et al.*, 2017) e Dorper – 4,00 (KIYA *et al.*, 2019).

### 2.2.3 *Probabilidade de origem do gene (número efetivo de fundadores e ancestrais)*

Os animais fundadores, segundo Navarro (2008), são os animais aos quais todos os genes da população descendem. Mas, a representação individual de cada fundador em uma população referência varia devido ao uso preferencial ou não de alguns indivíduos reprodutores. Logo, acrescentou o autor, a probabilidade de origem dos genes proporciona informações de grande valor no conhecimento do fluxo destes e, portanto, da estrutura genética da população.

Os fundadores são aqueles que formaram a população base no rebanho, ou seja, aqueles que possuem pai e mãe desconhecidos, portanto, o número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) é o número de animais cuja contribuição genética produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população atual (LACY, 1989).

Boichard, Maignel, Verrier (1997) caracterizam como animais ancestrais todos aqueles indivíduos que tenham sua contribuição genética efetivada por meio do elevado número de descendentes em uma determinada população. Ainda de acordo com os autores, o número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ), representa o número mínimo de animais necessários para explicar a variabilidade genética da população estudada.

A identificação do número efetivo de fundadores e ancestrais são dois dos fatores mais importante para a avaliação da estrutura genética de uma população (BARROS, 2012). A perda de variabilidade genética da população, conforme Pedrosa *et al.* (2010), é percebida através da razão estabelecida entre  $f_e/f_a$ . Quando esse valor se distancia de um, indica que houve redução da variabilidade genética, causada pelo desequilíbrio entre ancestrais e fundadores. Os autores acrescentaram que essa estimativa explica como o uso abusivo de certos indivíduos como animais reprodutores pode levar a uma redução considerável no estoque genético. Além disso, a diminuição brusca da variação genética (conhecida como efeito gargalo) pode ter consequências importantes para a viabilidade ao longo das gerações de uma população. O desempenho individual, a resistência a doenças e parasitas e a

capacidade das populações de responder às mudanças ambientais podem diminuir por consequência da redução da variação genética (LACY, 1997). Entretanto, segundo Barros (2009), mesmo que o número de indivíduos seja reestabelecido em gerações futuras, os alelos que existiam em baixa frequência podem não mais existir na população.

A preservação da diversidade genética dos fundadores para a população atual pode ser medida pelo saldo das contribuições dos fundadores, além disso, a contribuição igualitária entre os fundadores proporciona um  $f_e$  igual ao número de fundadores e, quanto mais próximos esses coeficientes, maior será a diversidade genética da população. Portanto, com exceção de uma população ideal, o número efetivo de fundadores será sempre menor que o número real de fundadores (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997). Contudo, grupos compostos por poucos fundadores resultarão em populações com tamanho efetivo reduzido, aumento da endogamia (homozigosidade) e constante perda de alelos, por meio das oscilações genéticas (CARNEIRO *et al.*, 2007).

#### **2.2.4 Endogamia média ( $F$ ) e parentesco médio ( $AR$ )**

A endogamia é um sistema de acasalamento em que os indivíduos mais aparentados entre si que a média da população são utilizados como progenitores da geração seguinte (BOURDON, 2014). Assim, dois indivíduos aparentados podem carregar réplicas de um dos genes presentes no ancestral comum, e se eles acasalam, podem transmitir essas réplicas à sua progênie, resultando em indivíduos endogâmicos, conseqüentemente, seus descendentes podem carregar em um loco dois genes idênticos por ascendência (FALCONER; MACKAY, 1996).

O primeiro impacto da endogamia é a perda de alelos, decorrente da oscilação genética, que é diretamente proporcional ao aumento dos níveis de endogamia, o que leva a diminuição da variabilidade genética na população (MUIR, 2000). Devido esse aumento de homozigose, a progênie tende a ser mais uniforme, o que leva alguns produtores a utilizarem o sistema de acasalamento endogamico com a finalidade de aumentar a prepotência, que é a capacidade de um indivíduo produzir progênie cujo desempenho é especialmente semelhante ao seu (OLIVEIRA, 2009). No entanto, essa vantagem só é observada para características qualitativas, que são geralmente determinadas por locos pares de genes, como por exemplo a característica de cor de pelagem, e raramente observadas em características quantitativas, que são determinadas por um número maior de genes (KOURY FILHO, 2002).

Por outro lado, a diminuição da variabilidade genética decorrente do aumento da homozigose é um dos fatores genéticos que pode levar à depressão endogâmica, ocasionando decréscimo, dos desempenhos reprodutivos e/ou produtivos dos animais em relação à média da população (BARROS, 2012). Em geral, as características mais sensíveis ao aumento da homozigose são influenciadas por ação não aditiva dos genes e, por isso, beneficiam-se dos efeitos de combinação gênica (OLLIVIER, 1981).

Em rebanhos onde a intensidade de seleção é alta e utiliza-se de poucos reprodutores por longos períodos ocorrem perdas de genes entre gerações de forma mais significativa, dado que um pequeno grupo com forte relacionamento familiar é responsável pela manutenção de quase todo o conjunto genético da população (PEDROSA *et al.*, 2010). Portanto, os efeitos negativos da endogamia de animais podem ser prejudiciais à sustentabilidade dos sistemas de produção, levando a perdas econômicas. Segundo Pedrosa *et al.* (2010) a diferença observada entre pesos de cordeiros Santa Inês aos sessenta dias de idade em dois diferentes níveis de endogamia [ (0% ou muito próximo de 0) e 25%] foi de -620 gramas para o grupo consanguíneo. Alguns estudos mostraram que para o aumento de 1% na endogamia, observou-se uma perda de peso ao nascimento em vários em diferentes rebanhos, por exemplo: perda de 6,34 g em Mehraban iraniano (YAVARIFARD; HOSSEIN-ZADEH; SHADPARVAR, 2014); 9,00 g em Moghani iraniano (HOSSEIN-ZADEH, 2012); 3,40 g em Santa Inês (PEDROSA *et al.*, 2010); 11,90 g em Lecceses (SELVAGGI *et al.*, 2010); e 11,80 g em ovinos sem raça definida (BARCZAK *et al.*, 2009). Tais efeitos são potencializados, segundo Keller, Brinks (1978), quando esses animais são submetidos a ambientes mais estressantes. De acordo com Burrow (1998), a perda de variabilidade faz com que o sistema imunológico seja menos eficaz, dessa forma, compromete ainda mais os fatores reprodutivos, de crescimento e os intrínsecos a qualidade da carne. Assim, mesmo aqueles animais que nascem vivos, frequentemente possuem menos flexibilidade para enfrentar mudanças ambientais, tornando-se mais frágeis e suscetíveis (BARROS *et al.*, 2017).

Com o intuito de monitorar a endogamia nesses rebanhos, Wright (1922) desenvolveu o coeficiente de endogamia (F), definido como a probabilidade de que um indivíduo tenha dois alelos idênticos por descendência para um *locus* qualquer. Cada gameta tem a probabilidade igual a  $(\frac{1}{2})^n$  de união com outro do mesmo tipo, portanto  $F_x = (1/2)^{n+n'+1} (1+F_a)$ , em que:

$F_x$ = ao coeficiente de endogamia do indivíduo x;

n e n'= número de gerações nas linhas através das quais os pais e as mães são relacionados;

$F_a$ = coeficiente de endogamia do ascendente em comum.

Após calcular os  $F$  de todos os indivíduos presentes na população, é possível obter o coeficiente médio de endogamia por meio da média aritmética de todos os coeficientes obtidos (OKAMURA, 2015).

### 2.2.5 *Índice de Fixação ou Estatísticas F*

O índice de fixação desenvolvido por Wright (1978) é uma ferramenta que avalia a estrutura genética, ao assumir a existência de uma metapopulação (número total de animais de um rebanho ou uma raça) composta por várias subpopulações, que podem ser categorizadas de acordo com áreas geográficas, fazendas, linhagens, famílias, sexo, etc (NAVARRO, 2008).

Segundo Long (1986), o modelo de estatística  $F$  é subdividido em três níveis: individual ( $i$ ), dentro das subdivisões ( $s$ ) e dentro da população total ( $t$ ). Os principais parâmetros desse modelo são:  $F_{it}$ ,  $F_{is}$  e  $F_{st}$ . Todos são coeficientes médios de endogamia; o primeiro e o segundo avaliam a redução da heterose de um indivíduo em relação à metapopulação e a subpopulação, respectivamente; o terceiro, a redução da heterose das subpopulações em relação à metapopulação (OLIVEIRA, 2012). Os valores atribuídos por Barros (2012) aos parâmetros desse modelo são os seguintes:

- $F_{it}$  varia entre -1 e 1. Quando inferiores a zero indicam seleção a favor dos heterozigotos ou exogamia e maiores que zero apontam diferenciação genética entre subpopulações e a seleção contra heterozigotos ou endogamia;
- $F_{is}$  pode apresentar valor maior ou menor a zero. Números positivos indicam que a ocorrência de acasalamentos endogâmicos, os negativos, que a frequência de acasalamentos entre indivíduos não aparentados é maior dentro das subpopulações;
- $F_{st}$  varia de 0 a 1. Resultados próximos a um indicam maior diferenciação entre as subpopulações da metapopulação.

## 2.3 Fatores ambientais que afetam o peso e crescimento de cordeiros

Existem outros fatores, além dos genéticos, que contribuem nos desempenhos apresentados pelos animais. As características de crescimento deles são também influenciadas por efeitos relacionados ao ambiente como sexo, mês ou estação e ano de nascimento, tipo de

nascimento e ordem de parição ou idade da mãe ao parto (SOUSA; LÔBO; MORAIS, 2003). Araujo Filho *et al.* (2002) observaram influência do ano e taxa de lotação da pastagem nos pesos ao desmame em ovinos Morada Nova. Nesta mesma raça, Fernandes, Buchanan, Selaive-Villarroel (2001) perceberam efeitos do reprodutor, do ano de nascimento, do sexo do cordeiro, do tipo de nascimento, da idade e peso da ovelha ao parto nos pesos ao desmame e aos seis meses. Dessa forma, é preciso que, em testes de desempenho, sejam levadas em consideração as mudanças no desempenho devido aos efeitos de ambiente (SILVEIRA *et al.*, 2004). Da mesma forma, para avaliar o efeito da endogamia sobre as características de crescimento é importante consideramos tais efeitos.

A prolificidade das fêmeas da raça Morada Nova é um dos seus maiores atributos. Assim, é importante considerar esse tipo de ocorrência. Os tipos de nascimento documentados são: simples (se possui apenas uma cria), duplos (duas crias) ou triplos (três crias). Segundo Santana (1996), o tipo de nascimento pode influenciar o peso ao nascer e nas demais idades, de forma que animais de partos simples são mais pesados que os advindos de outros tipos. Mohammadi *et al.* (2010) explicaram que a competição intrauterina e, posteriormente, por leite materno, são as principais razões dos animais que nascem de partos múltiplos serem menores ao nascimento e apresentarem desenvolvimento inferior no período pré-desmame. Entretanto, os partos múltiplos impactam na produtividade, uma vez que, tanto em quilogramas de peso, quanto em gramas de ganho diário de peso, eles contribuem para o aumento da produção por unidade de ovelha acasalada (NUNES *et al.*, 1996).

O efeito negativo causado pelo tipo de nascimento sobre as características de ganho de peso é diminuído à medida em que os animais advindos de partos múltiplos crescem (BARROS, 2012). Isso provavelmente acontece devido ao efeito de ganho peso compensatório sofrido por animais de partos múltiplos, na fase pós-desmame. No entanto, observa-se que tal ganho não iguala estes aos indivíduos provenientes de partos simples.

A idade da ovelha ao parto deve ser considerada como efeito de ambiente sob o peso de suas crias em função de modificações morfofisiológicas que essas podem sofrer no período pré e pós-natal (BIFFANI *et al.*, 1999). Matrizes que estão em fase de crescimento produzem cordeiros mais leves, devido à competição por nutrientes entre mãe e feto e também por encontrar-se em desenvolvimento os órgãos reprodutores desta, resultando em uma menor irrigação sanguínea no útero (SOUSA *et al.*, 2003). Além disso, animais nascidos de fêmeas imaturas terão seu desenvolvimento prejudicado também nas fases pós-nascimento, uma vez que matrizes jovens produzem uma menor quantidade de leite, resultando em cordeiros com

menores ganhos de peso e, conseqüentemente, mais leves ao desmame (RIBEIRO *et al.* 2008).

Segundo Biffani *et al.* (1999), pode-se afirmar que o peso ao desmame apresenta diferentes efeitos, a habilidade da mãe e, por outro, o princípio da manifestação do mérito próprio do animal para se desenvolver. Nos mamíferos, as mães desempenham efeito maior que os pais sobre o fenótipo da progênie, pois, além da contribuição genética, elas podem influenciar os descendentes por meio do ambiente materno. Assim, as características de crescimento, principalmente até o desmame, são fixadas por dois genótipos, do próprio animal e de sua mãe (PIRES; LOPES, 2001). Enquanto, para a cria, a habilidade materna é um efeito ambiental, para a mãe, é um efeito genético herdado dos pais, de maneira que a superioridade genética de uma ovelha para habilidade materna é fruto de genes herdados de seus progenitores, pois ambos contribuíram com 50% do seu valor genético. Desta forma, o impacto da habilidade materna sobre o peso ao desmame da cria pode ser negativo ou positivo, pois ela pode impedir ou permitir a expressão total do potencial de crescimento do animal no período pré-desmame (KOCH, 1972; ROBISON, 1981).

O ano e a época/estação de nascimento são outros fatores que influenciam sobre os pesos dos animais. Ribeiro *et al.* (2008) defendem que eles produzem efeito (promotor/inibidor) não só nas fases iniciais de crescimento, mas em todo o ciclo de vida do animal. Cabe salientar que, quando o sistema de criação a pasto é usado, a importância desta informação é acentuada.

Os fatores ambientais alteram-se entre os anos, ou seja, existem anos mais secos e mais chuvosos que refletem na qualidade e quantidade das pastagens, resultando em maiores ou menores ganhos de peso dos animais (SOUZA *et al.*, 2002). Em alguns meses do ano são observadas elevadas temperaturas e maiores precipitações pluviométricas, contrastando com períodos de baixas temperaturas e ausência de chuvas. Tais condições geram, respectivamente, o aumento e a baixa oferta de alimentos em algumas estações do ano (MALHADO *et al.*, 2001; WOLF *et al.*, 2001). Segundo Souza *et al.* (2000) fêmeas que possuem o período pré-desmama na estação das águas, conseguem aumentar a produção de leite e quando suas crias começam a pastejar, consomem pastagem de melhor qualidade. Considerando o ano e/ou a estação de nascimento como possível causa de variação nos pesos, as comparações entre os indivíduos devem acontecer dentro do mesmo ano e época de nascimento (MALHADO *et al.*, 2001; WOLF *et al.*, 2001).

Os cordeiros machos são maiores e mais pesados que as fêmeas, diferença atribuída ao dimorfismo sexual na espécie e às influências hormonais (PACHECO; QUIRINO, 2008).

Segundo Costa Júnior *et al.* (2006), essa desigualdade de peso se destaca à medida que a idade dos indivíduos aumenta.

As fêmeas apresentam, geralmente, taxas de crescimento mais lentas do que os machos, isso ocorre devido o efeito do hormônio estrógeno em restringir o crescimento dos ossos longos do corpo (SOWAND; SOBOLA, 2008). Entre os machos, acrescentou Nunes (2008), o melhor desempenho é atribuído à testosterona, que possui efeito anabolizante e promove maior crescimento. Muitos estudos tem avaliado o efeito do sexo no ganho de peso em cordeiros e reportaram que os ovinos machos apresentam peso superior às fêmeas: Nunes *et al.* (1996), Analla, Montilla, Serradilla (1998), Silva, Araújo, Figueiredo (1998), Analla, Montilla, Serradilla (1999), Fernandes, Buchanan, Selaive-Villaroel (2001), Quesada, McManus, Couto (2002), Carolino, Lopes, Gama (2004), Rashidi *et al.* (2008), Baneh, Hafezian (2009), Mohammadi *et al.* (2010), Koritiaki *et al.* (2012), Rahimi, Rafat, Jafari (2014), Öztürk *et al.* (2018).



### 3 METODOLOGIA

#### 3.1 Animais

Os dados e as informações de pedigree de 6.573 animais foram coletados em 13 rebanhos de ovinos da raça Morada Nova, variedade vermelha, entre os anos de 2004 e 2018. Estas informações foram gerenciadas e armazenadas no Sistema de Gerenciamento de Rebanhos – SGR (LÔBO, 2013) usado pelo Programa de Melhoramento Genético de Caprinos e Ovinos de Corte (GENECOC<sup>®</sup>) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), de sua Unidade Embrapa Caprinos e Ovinos. Os rebanhos estavam localizados em quatro municípios do Estado do Ceará, Brasil: três na Mesorregião do Jaguaribe (Morada Nova, Limoeiro do Norte e Jaguaratama) e um na Mesorregião Noroeste Cearense (Sobral). Este último é de propriedade da Embrapa Caprinos e Ovinos, enquanto os demais são de criadores privados.

As características incluídas neste estudo foram: peso ao nascer (PN), peso ao desmame (PD) e ganho de peso pré-desmame (GP). Os dados incluíram: 4.340 registros de cordeiros nascidos de 105 reprodutores e 1.267 matrizes para PN; 2.308 registros de cordeiros nascidos de 86 reprodutores e 879 matrizes para PD; e 2.071 registros de cordeiros nascidos de 86 reprodutores e 879 matrizes para GP (Tabela 1).

**Tabela 1** - Caracterização do banco de dados genealógico de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.

Característica	Nº de desempenhos	Nº de reprodutores	Nº de matrizes	Média (kg)	Desvio Padrão (kg)	Coefficiente de variação (%)
PN	4340	105	1267	2,25	0,62	27,55
PD	2308	86	879	12,17	3,94	32,37
GP	2071	86	879	0,09	0,05	55,55

PN: peso ao nascimento; PD: peso ao desmame; GP: ganho de peso do nascimento ao desmame.

Fonte: elaborada pelo autor.

#### 3.2 Análise dos Pedigrees

Para a caracterização da estrutura populacional e a avaliação da variabilidade genética desta população foi utilizado o software Endog v 4.8 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005). Com ele foram calculados os seguintes parâmetros:

Tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), calculado através: (1) dos aumentos individuais da endogamia (GUTIÉRREZ; CERVANTES; GOYACHE, 2009) e (2) do pareamento da coancestralidade (CERVANTES *et al.*, 2011).

O primeiro método parte da equação proposta por Falconer, Mackay (1996) para uma população com tamanho de  $n$  indivíduos criados nas condições da população idealizada, a endogamia em uma geração  $t$  pode ser obtida por:  $F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$ . Gutiérrez *et al.* (2008) propuseram calcular os valores de endogamia e uma medida de gerações discretas equivalentes para cada animal pertencente a um subgrupo de animais de interesse (a chamada subpopulação de referência), em um cenário com gerações sobrepostas, em que um aumento individual na endogamia ( $\Delta F_i$ ) pode ser definido como:  $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$ , em que  $t$  é a “geração completa equivalente” (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997; MAIGNEL; BOICHARD; VERRIER, 1996).

Essa é estimada para o pedigree do indivíduo como a soma de todos os ancestrais conhecidos do termo de  $(1/2)^n$ , em que  $n$  é o número de gerações que separam o indivíduo de cada antepassado conhecido. Os valores da  $\Delta F_i$  calculados para cada indivíduo da subpopulação de referência servem para estimar a  $\overline{\Delta F}$ , e a partir disso, um número médio efetivo da população  $\overline{N_e}$  pode ser diretamente calculado como  $\overline{N_e} = 1/2\overline{\Delta F}$  (GUTIÉRREZ *et al.*, 2008).

O segundo método foi descrito pela primeira vez por Cervantes *et al.* (2011), o aumento na coancestralidade de pares para qualquer par de indivíduos  $j$  e  $k$ , pertencentes a sexos diferentes, pode ser definido assumindo que um acasalamento hipotético entre eles daria um indivíduo com um coeficiente de endogamia igual a  $c_{jk}$ , em que  $c_{jk}$  é o coeficiente de coancestralidade entre os indivíduos  $j$  e  $k$ . Portanto, o aumento na coancestralidade entre qualquer par de indivíduos  $j$  e  $k$  pode ser calculado como,  $\Delta c_{jk} = 1 - \sqrt{\frac{g_j + g_k}{2}} \sqrt{1 - c_{jk}}$ , onde  $c_{jk}$  é a endogamia de um descendente de ambos, e  $g_j$  e  $g_k$  são as gerações equivalentes discretas para os pais.

Semelhante ao método proposto por Gutiérrez *et al.* (2008), esse método também faz uso de uma subpopulação de referência. O cálculo da média do aumento da coancestralidade por todos ali envolvidos é então utilizado para obter o número efetivo estimado por  $\overline{N_{ec}} = 1/2\overline{\Delta c}$ .

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), conforme James (1972), foi calculado adotando  $f_e = 1/\sum_{k=1}^f q_k^2$ , em que  $f_e$  = número de fundadores e  $\sum_{k=1}^f q_k^2$  = somatório da contribuição esperada do número de progênies ( $q$ ) do fundador ( $k$ ) na população. O  $q_k$  é o coeficiente de parentesco médio do fundador  $k$ .

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) foi obtido segundo o método de Boichard, Maignel, Verrier (1997), em que é computada a contribuição marginal de cada ancestral por  $f_a = 1/\sum_{j=1}^a q_j^2$ , onde  $q_j$  é a contribuição marginal do ancestral  $j$ , que é a contribuição genética dada por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente.

O intervalo de gerações (IG), pelas quatro passagens gaméticas, segundo James (1977), utilizando-se as datas de nascimento de cada indivíduo e dos seus pais, de acordo a seguinte fórmula:  $L = 1/4 (LPM + LPF + LMM + LMF)$ ; em que: LPM = intervalo médio entre pai-filho; LPF = intervalo médio pai-filha; LMM = intervalo médio entre mãe-filho; LMF = intervalo médio mãe-filha.

O coeficiente de endogamia média ( $F$ ), como proposto por Meuwissen, Luo (1992), o incremento de endogamia ( $\Delta F$ ), calculado para cada geração, foi obtido por:  $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$ , em que  $F_t$  é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração atual (geração  $t$ ) e  $F_{t-1}$ , o coeficiente médio de endogamia estimado na geração anterior (geração  $t-1$ ).

O coeficiente de parentesco médio (AR), que pode ser interpretado como a representação do animal em todo o pedigree, segundo a fórmula proposta por Quaas (1976), aplicou-se um algoritmo para se obter um vetor  $c'$  descrito como:  $c' = (1/n) \mathbf{1}'\mathbf{A}$ ; sendo  $\mathbf{A}$  (matriz do parentesco do numerador) de tamanho  $n \times n$ . Por outro lado,  $\mathbf{A}$  foi obtida a partir da matriz  $\mathbf{P}$ , em que  $p_{ij}$  é igual a 1 se  $j$  é pai de  $i$ , e 0, caso contrário, que define os pais dos animais.

Os índices de fixação ( $F_{is}$ ,  $F_{it}$  e  $F_{st}$ ) da estatística  $F$  (Wright, 1931), para avaliar o potencial de formação de subpopulações na população, foram calculados a partir da metodologia proposta por Caballero e Toro (2000):  $F_{it} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$ ,  $F_{is} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$  e  $F_{st} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} = \frac{\bar{D}}{1 - \bar{f}}$ , em que  $\tilde{f}$  é coeficiente de parentesco médio da subpopulação e  $\tilde{F}$  o coeficiente de endogamia de toda a população, de modo que  $(1 - F_{it}) = (1 - F_{is})(1 - F_{st})$ .

A integridade do pedigree foi avaliada com base na equação proposta por MacCluer *et al.* (1983):

$$I_d = \frac{4I_{d_{pat}}I_{d_{mat}}}{I_{d_{pat}} + I_{d_{mat}}}$$

$$I_{d_k} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i \quad k = pat, mat$$

Onde, **k** representa a linha paterna (pat) ou materna (mat) de um indivíduo e **a<sub>i</sub>** é a proporção de ancestrais conhecidos na geração **i**. O **d** é o número de gerações consideradas no cálculo da completude do pedigree.

A equação mediu a integridade do pedigree de cada animal calculando a proporção de ancestrais conhecidos em cada geração ascendente (MACCLUER *et al.*, 1983). Dessa forma, tivemos que a segunda geração de um determinado animal recebeu uma medida de completude de 1,0 (100%), quando todos os quatro avós foram conhecidos, e 0,75 (75%), quando apenas três foram conhecidos, e assim por diante.

O número de gerações completas, o número máximo de gerações e o número de gerações equivalentes foram traçados com o propósito de somar informações a respeito da qualidade do pedigree.

### 3.3 Análise dos efeitos da endogamia sobre o desenvolvimento ponderal

Foi feita uma análise de variância com os pesos (PN, PD e GP) para as classes endogâmicas. Este estudo foi conduzido incluindo os efeitos de ambiente (fazenda, mês de nascimento, ano de nascimento, sexo, manejo, ordem de parto, sexo das crias – combinação do tipo de parto com o sexo das crias – e peso da mãe ao parto), além das classes de endogamia.

Com base no coeficiente de endogamia individual, todos os animais foram agrupados em quatro classes: primeira classe incluindo animais não endogâmicos ( $F=0$ ); segunda classe, animais com endogamia em até 0,15 ( $0 < F \leq 0,15$ ); terceira classe, animais com endogamia superior a 0,15 e menor ou igual a 0,25 ( $0,15 < F \leq 0,25$ ); e a quarta classe, animais com endogamia superior a 0,25 ( $F > 0,25$ ).

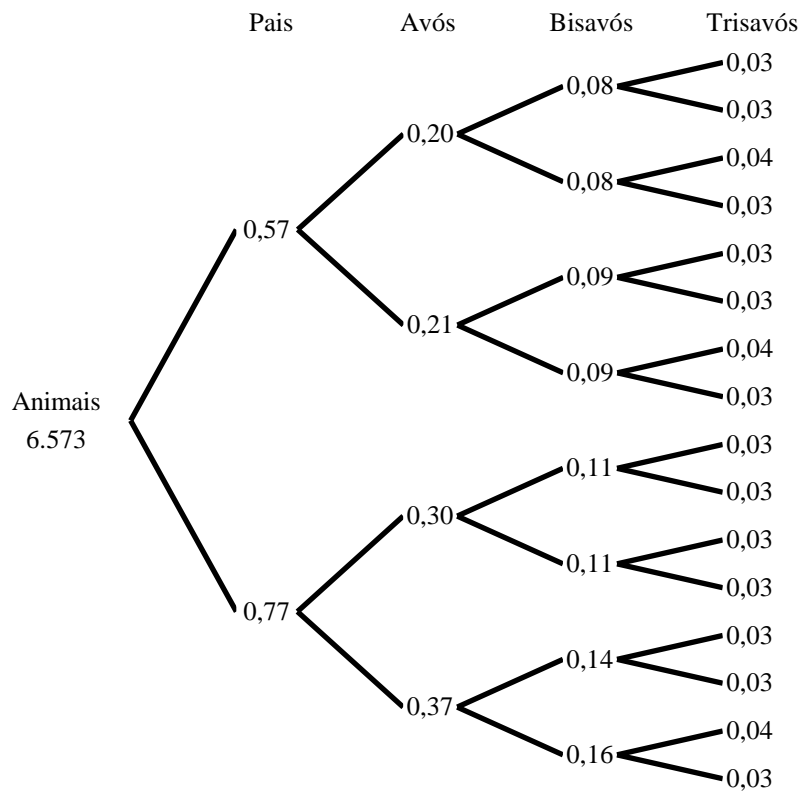
Várias análises estatísticas foram realizadas no The R Project for Statistical Computing, um conjunto de programas de software de código aberto (R CORE TEAM, 2019). Com o package “*stats*” realizamos a ANOVA dos dados e com o “*agricolae*” aplicamos o teste de Fisher (LSD) para diferenciação de médias dos registros das características de peso

corporal em diferentes classes endogâmicas. Outro *package* “*lubridate*” foi utilizado na manipulação dos dados em formato data e intervalo de tempo.

#### 4 RESULTADOS

Para os 6.573 animais contidos na matriz de parentesco, observaram-se seis (6) gerações (número máximo de gerações conhecidas). Na primeira geração ancestral, 67% dos pais foram conhecidos. A integridade do pedigree diminuiu consideravelmente nas gerações subsequentes, onde foram identificados apenas 27% dos avós, 10% dos bisavós, 3% dos trisavós, 0,4 % dos tetravós e 0,03% dos pentavós (fig. 1). A não expressiva profundidade do pedigree influenciou diretamente no número médio de gerações máximo (1,61) e equivalente (1,09).

Figura 1 - Porcentagem de pais conhecidos, de acordo com a profundidade do pedigree, para as linhas pai e mãe de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.



Fonte: elaborada pelo autor.

Do pedigree total, 2.850 animais possuíam pelo menos um parente desconhecido, compuseram a população base e representaram o número de animais fundadores (Tabela 2). O número efetivo de animais fundadores foi de 105.

A composição da população referência ficou a cargo dos outros 3.723 animais, com ambos os pais conhecidos. O número de indivíduos reconhecidos como ancestrais, sendo estes fundadores ou não, foi de 755. O número efetivo de ancestrais ficou em 86, enquanto que o número de ancestrais responsáveis por 50% da variabilidade genética nessa população foi de 39.

**Tabela 2:** Estatística resumida da análise de pedigree de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.

Parâmetros	
Tamanho da população	6.573
Tamanho da base da população	2.850
População referência	3.723
Número efetivo de fundadores ( $f_e$ )	105
Número de ancestrais	755
Número de ancestrais explicando 50%	39
Número efetivo de ancestrais ( $f_a$ )	86
Relação $f_e/f_a$	1,22
Endogamia média ( $F$ )	0,88%
Coefficiente de parentesco médio ( $AR$ )	0,52%

Fonte: elaborada pelo autor.

As quatro passagens gaméticas (Tabela 3) revelaram intervalos de geração de 2,98 (Pai-filho), 3,39 (Pai-filha), 3,20 (Mãe-filho) e 3,83 anos (Mãe-filha), com média de 3,6 anos.

**Tabela 3:** Intervalo de geração e desvio padrão (anos) por meio das quatro passagens gaméticas de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.

Passagens gaméticas	Registros	Intervalo de geração (Desvio padrão)
Pai-filho	44	2,98 (1,90)
Pai-filha	494	3,39 (1,63)
Mãe-filho	43	3,20 (1,35)
Mãe-filha	636	3,83 (1,87)
Intervalo de geração médio	-	3,60 (1,77)

Fonte: elaborada pelo autor.

Para toda a população, as estatísticas  $F$  de Wright foram as seguintes: -0,0142 para o parâmetro  $F_{is}$ , 0,0201 para  $F_{st}$  e 0,0062 para  $F_{it}$ . O tamanho efetivo da população pelo aumento individual da endogamia e da coancestralidade foram 21,68 e 28,97,

respectivamente. O  $N_e$  foi de 57,31, 24,02 e 28,74 para gerações máximas, completas e equivalentes, respectivamente (Tabela 4).

**Tabela 4:** Número médio de gerações, endogamia por geração e tamanho efetivo da população de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil.

	Máximo <sup>1</sup>	Completa <sup>2</sup>	Equivalente <sup>3</sup>
Número médio de geração	1,61	0,73	1,09
Aumento da endogamia por geração (%)	0,87	2,08	1,74
Tamanho efetivo da população ( $N_e$ )	57,31	24,02	28,74

<sup>1</sup>Máximo: número máximo de gerações rastreadas; <sup>2</sup>Completa: gerações completas para cada animal do pedigree; <sup>3</sup>Equivalente: gerações equivalentes para cada animal do pedigree.

Fonte: elaborada pelo autor.

As frequências absolutas e relativas dos acasalamentos entre parentes próximos registrados no pedigree foram baixos: um acasalamento entre irmãos completos (0,2%), 162 acasalamentos entre meios irmãos (2,46%) e 72 acasalamentos parentais (1,10%). Essas frequências influenciaram no coeficiente de endogamia média (0,88%) e no coeficiente de parentesco médio 0,52% (Tabela 2).

A endogamia média aumentou a partir da segunda geração (Tabela 5), com consequente redução do tamanho efetivo da população.

**Tabela 5:** Número de animais (N), endogamia média (F), coeficiente de parentesco (AR) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) de ovinos Morada Nova criados no Estado do Ceará, Brasil, por gerações completas rastreadas.

Geração	N	F (%)	AR (%)	$N_e$
0	2850	0,00		
1	2801	0,00	0,02	128,7
2	769	0,04	0,37	13,5
3	150	0,10	0,97	7,8
4	3	0,13	1,00	17,9

Fonte: elaborada pelo autor.

Observaram-se diferenças estatísticas (Tabela 6) no que se refere ao efeito da endogamia sobre os pesos ao nascer e ao desmame ( $p < 0,05$ ). Para PN, os menores pesos foram observados para indivíduos com endogamia entre 0 e 0,15, que não diferiram apenas daqueles com endogamia maior que 0,25 ( $p > 0,05$ ). O mesmo foi observado para o PD. No GP não foi observada diferença estatística ( $p < 0,05$ ) para as diferentes classes endogâmicas.



**Tabela 6:** Distribuição dos registros das características de peso corporal em diferentes classes endogâmicas de ovinos Morada Nova nascidos entre 2004 e 2008, e criados no Estado do Ceará, Brasil.

Classes consanguíneas	PN (kg)		PD (kg)		GP (kg/dia)	
	N	Média±SD	N	Média±SD	N	Média±SD
F=0	3.868	2,26±0.62 <sup>a</sup>	2033	12,23±4.04 <sup>a</sup>	1801	0,08±0.04 <sup>a</sup>
0 < F ≤ 0,15	361	2,13±0.59 <sup>b</sup>	216	11,09±3.02 <sup>b</sup>	212	0,10 ±0.13 <sup>a</sup>
0,15 < F ≤ 0,25	100	2,29±0.58 <sup>a</sup>	51	12,63±3.63 <sup>a</sup>	50	0,10±0.04 <sup>a</sup>
F>0,25	11	2,23±0.37 <sup>ab</sup>	8	11,94±2.61 <sup>ab</sup>	8	0,11±0.03 <sup>a</sup>

<sup>a, b</sup> As médias dentro de uma coluna com letras em sobrescrito diferentes são significativamente diferentes (P < 0,05). PN, peso ao nascer; PD, peso a desmama; GP, ganho de peso pré-desmama.

Fonte: elaborada pelo autor.

## 5 DISCUSSÃO

Com base no número médio de gerações máximas (1,61) e equivalentes (1,09) e na porcentagem de pais conhecidos até a quarta geração ancestral (Fig. 1), pode-se observar a ausência de muitas informações no pedigree, bem como a diminuição de sua qualidade no tempo. Apenas 56,64% dos indivíduos tinham ambos os pais conhecidos. Isto ocorreu porque em 2004 foi o início da coleta de informações dos rebanhos e, além disso, o controle não é completo, tendo em vista que alguns animais nascidos no campo nem sempre possuem identificação dos pais.

Em estudos que objetivavam a caracterização do sistema de produção de pequenos ruminantes no semiárido nordestino, Emerenciano Neto *et al.* (2011) e Guilherme *et al.* (2017), evidenciaram que, respectivamente, 62,5% e 65% das propriedades rurais não fazem uso de identificação e/ou escrituração zootécnica. Com isso, mesmo aqueles produtores que registram os acasalamentos, ao comprarem animais de outros rebanhos, muitas vezes não recebem informações sobre o grau de parentesco destes.

A taxa entre o número efetivo de fundadores e o número total de fundadores foi de aproximadamente 0,04, indicando desequilíbrio entre as contribuições dos fundadores na população. Desequilíbrios de 0,09 e 0,14 foram descritos, respectivamente, por Mokhtari *et al.* (2014) em ovelhas Iran-Black e por Rashidi, Mokhtari, Gutiérrez (2015), em cabras Markhoz.

O pequeno número de indivíduos responsáveis por 50% da variabilidade (39) é consequência do número efetivo reduzido de ancestrais (86). Ao compará-los, observa-se uma contribuição desigual por parte dos ancestrais que colaboram para a população referência, visto que menos da metade dos ancestrais são responsáveis por metade da variabilidade genética. Esse baixo índice é característico de rebanhos que fazem o uso excessivo de poucos animais na reprodução. Essa prática é bastante comum, especialmente em rebanhos ovinos cujos criadores primam excessivamente pelas características fenotípicas de seus animais, como o caso da raça Morada Nova (MUNIZ *et al.*, 2016). Estes criadores são excessivamente rigorosos neste aspecto, além de estarem muito próximos regionalmente, o que favorece os intercâmbios e o uso dos mesmos reprodutores.

A avaliação da perda de diversidade genética existente devido ao gargalo entre a base e as populações de referência pode ser melhor compreendida através da razão  $f_e/f_a$  (BOICHARD; Maignel; VERRIER, 1997). No presente estudo, esse valor foi de 1,22, o

que implica que o desequilíbrio entre fundadores e ancestrais resultou em redução da variabilidade genética. Outros estudos também observaram desequilíbrio semelhante: 1,09 nas raças Dorper (KIYA *et al.*, 2019); 1,12 na Segureña (BARROS *et al.*, 2017); e 1,7 na Baluchi (TAHMOORESPUR; SHEIKHLOO, 2011). Aliado a isso, observou-se que os baixos índices relacionados à probabilidade de origem do gene corroboram com o número médio de gerações (Tabela 4). Ao se conhecer maior número de gerações, segundo Rezende *et al.* (2017), existe a probabilidade de incremento na endogamia da população.

O intervalo médio de geração da população de referência foi de 3,6 anos (Tabela 3). Como os reprodutores permanecem por um período de tempo menor que as matrizes, seu intervalo de geração foi menor (3,18 anos) em comparação com o delas (3,51 anos). Com o objetivo de ter uma resposta de seleção mais favorável e uma perda de variabilidade aceitável, Ghafouri-Kesbi (2012) considerou três anos como uma meta a ser alcançada na criação de ovinos. McManus *et al.* (2019) observaram o mesmo intervalo de geração ao trabalhar com um rebanho numericamente maior de ovelhas Morada Nova. O intervalo de geração encontrado ficou entre os observados em outras raças localmente adaptadas: 3,22 para Santa Inês (TEIXEIRA NETO *et al.* 2013) e 3,91 para Somálias Brasileira (PAIVA *et al.* 2011).

Há importância em se utilizar mais de um indicador do tamanho efetivo da população, por estes seguirem tendências diferentes, o que depende da espécie ou da estrutura genética da população estudada (LEROY *et al.*, 2013). Sendo assim, na Tabela 4 foram calculados o tamanho efetivo da população pelo aumento individual da endogamia (21,68), pelo aumento individual da coancestralidade (28,97) e por meio do número médio de gerações máximas (57,31), completas (24,02) e equivalentes (28,74). Com exceção do  $N_e$  observado em gerações máximas, todos os outros valores estimados estão muito aquém do ideal (mínimo de 50), conforme recomendações da Organização para Alimentação e Agricultura - FAO (1998). Esse resultado foi esperado, uma vez que é notório o pequeno número de animais nos rebanhos desta raça e a pouca disponibilidade de material genético distinto para estes criadores, de forma que os mesmos acabam por usar a mesma base para manutenção de seus rebanhos.

O tamanho efetivo da população não é constante, segundo Fair, Van Wyk e Cloete (2012), e pode variar em função de mudanças nos níveis médios de endogamia, no intervalo de geração, no número de progenitores conhecidos e no número de progênie por progenitor. Ou seja, esses valores estimados de  $N_e$  podem ser ainda menores, caso se tenha um aumento na taxa endogamia da população.

Os diferentes valores observados para o  $N_e$  são explicados por Cervantes *et al.* (2011), que afirmaram que o aumento da endogamia e da coancestralidade assumirão um valor de tamanho efetivo assintótico idêntico, somente sob um sistema regular de endogamia e com um conhecimento muito profundo da genealogia. Valores baixos do tamanho efetivo (31,45 e 22,69) em ovinos também foram observados por McManus *et al.* (2019) e Paiva *et al.* (2011). Raças localmente adaptadas e com faixa ambiental crítica, de acordo com McManus *et al.* (2013), inclinam-se a apresentar valores mais baixos de  $N_e$ .

Pequenos tamanhos efetivos geralmente são associados a elevados níveis de endogamia ao longo das gerações, pois, quanto menor o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ascendentes comuns (BREDA *et al.*, 2004). No entanto, o aumento na endogamia por geração mostrou-se baixa, neste estudo (Tabela 5). Isso parece contraditório e de difícil explicação. É possível que isso seja função dos frequentes períodos de seca na região. Em alguns anos a mortalidade de animais é alta devido a este fenômeno, com a morte de muitos progenitores e suas crias, de forma que os criadores buscam em outros criatórios animais para recompor seus rebanhos. Isso poderia produzir gaps na passagem de alelos entre os animais de um mesmo rebanho e reduzir a endogamia dentro das subpopulações. Por outro lado, há a possibilidade de haver o repasse de informações incompletas por parte dos criadores. Provavelmente eles não registram todos seus animais de seu rebanho e em algum momento, com a redução do número de animais pelas intempéries, aqueles que não tinham sido registrados, passam a ser informados, para a recomposição numérica do rebanho no sistema.

O valor negativo e próximo de zero do  $F_{is}$  (-0,0142), que mede o desvio da casualidade nos acasalamentos, revela pequeno predomínio de acasalamentos endogâmicos dentro das subpopulações. O  $F_{st}$  (0,0201) apresentou um valor próximo à zero, o que indica existir pouca diferenciação entre as subpopulações. O valor do  $F_{it}$  (0,0062) corrobora os resultados para o  $F_{is}$  e o  $F_{st}$ , indicando baixa diferenciação genética entre subpopulações, bem como seleção e tendências baixas de endogamia na metapopulação.

A estimativa da endogamia computada para toda a população mostrou que, do número total de indivíduos, apenas 472 (7,2%) apresentaram algum nível de endogamia. O coeficiente de endogamia média foi de 0,88% e o coeficiente de parentesco médio, 0,52% (Tabela 2). Esses valores são considerados baixos e indicam uma considerável variabilidade genética nesta população. Os valores aqui observados são comparáveis aos das ovelhas Somali (PAIVA *et al.*, 2011) e Mallorquina (GOYACHE *et al.*, 2010). Tal variabilidade, na raça

Morada Nova, também foi descrita por McManus *et al.* (2019), Rodrigues *et al.* (2009) e Shiotsuki *et al.* (2014).

Os níveis de endogamia (Tabela 5) aumentaram após a segunda geração, em função do aumento do AR. O baixo valor obtido nesse estudo para o coeficiente de parentesco médio indica um baixo compartilhamento de alelos entre os indivíduos dessa população. A importância do AR e do F na avaliação da diversidade genética de uma população foi ressaltada por Barros *et al.* (2017). Justificando tais valores, as frequências absolutas e relativas dos acasalamentos entre irmãos completos, meio irmãos e parentais também foram baixas.

Em sentido oposto ao F e ao AR, a taxa entre o número efetivo de fundadores e o número total de fundadores, a razão  $f_e/f_a$ , o baixo número de ancestrais que contribuem com 50% da variabilidade genética e o pequeno tamanho efetivo apontam um comprometimento dessa variabilidade genética. Cabe ressaltar que, provavelmente, a grande quantidade de informações ausentes no pedigree, expressos através do baixo número médio de gerações equivalentes (1,09), tenha contribuído para alcançar baixos valores de F, AR e da estatística F.

Muitos são os fatores biológicos e metodológicos que determinam o efeito da endogamia em características de crescimento (HOSSEIN-ZADEH, 2012). Existem efeitos positivos e negativos da endogamia evidenciados para uma mesma população, como também características semelhantes afetadas de modo diferente (NORBERG; SØRENSEN, 2007; BARCZAK *et al.*, 2009). Contudo, neste estudo, as diferenças estatísticas observadas não foram conclusivas e não evidenciaram superioridade ou inferioridade, por parte dos indivíduos não endogâmicos em relação às classes endogâmicas, nos pesos ao nascimento e ao desmame, e no ganho de peso na fase pré-desmame.

Não se observou significância ( $p < 0,05$ ) para as classes endogâmicas quando a análise da variância para PN, PD e GP foi realizada. Como as classes de endogamia não apresentaram um padrão de significância não houve sentido em fazer uma análise de regressão.

Os resultados deste trabalho divergiram dos observados por Eteqadi, Hossein-Zadeh, Shadparvar (2014). Tais pesquisadores encontraram que, para PN e peso aos três meses de idade, houve superioridade dos indivíduos não endogâmicos e estimaram coeficientes de regressão para uma mudança de 1% na endogamia. A melhor integridade do pedigree, o tamanho da população (4,4 vezes maior) e o maior número de indivíduos endogâmicos na pesquisa deles provavelmente foram fatores que contribuíram para a diferença entre os dois estudos.

## 6 CONCLUSÃO

Não foram verificados efeitos depressores da endogamia nas características de crescimento pré-desmame desta população. Os coeficientes de endogamia média e de parentesco médio apontaram a existência de variabilidade genética possível de ser explorada por seleção na população da raça ovina Morada Nova estudada. No entanto, esses resultados podem estar ligados à baixa profundidade do pedigree. O comprometimento desta “variabilidade” é observado através dos índices ligados à probabilidade de origem do gene e ao tamanho efetivo.

## REFERÊNCIAS

- ADÁN, S. *et al.* Análisis de la información genealógica en la raza ovina Ovella Galega. **Archivos de Zootecnia**, 56, p. 587–592, 2007.
- ANALLA, M.; MONTILLA, J. M.; SERRADILLA, J. M. Analysis of Lamb weight and ewe litter size in various lines of Spanish Merino sheep. **Small Ruminant Research**, v. 28, p. 255-259, 1998.
- ANALLA, M.; MONTILLA, J. M.; SERRADILLA, J. M. Study of the variability of the response to inbreeding for meat production in Merino sheep. **Journal Animal Breeding and Genetics**, v.6, p. 481–488, 1999.
- ARAUJO FILHO, J. A. *et al.* Desempenho produtivo de ovino da raça Morada Nova em caatinga raleada sob três taxas de lotação. **Ciência Agronômica**, v.33, n.1, p. 51-57, 2002.
- ARCO. **Padrão racial:** Morada Nova. Disponível em: <http://www.arcoovinos.com.br/index.php/mn-srgo/mn-padroesraciais/34-morada-nova>. Acessado em: 01 de agos de 2019.
- BANEH, H.; HAFEZIAN, S. H. Effects of environmental factors on growth traits in Ghezel sheep. **African Journal of Biotechnology**, v. 8, p. 2903-2907, 2009.
- BARCZAK, E. *et al.* Inbreeding and inbreeding depression on body weight in sheep. **Journal of Animal Feed Sciences**, v.18, p.42–50, 2009.
- BARROS, E. A. **Estrutura populacional da raça ovina Segureña e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento**. 2012. 70 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2012.
- BARROS, E. A. **Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí**. Recife: UFRP, 2009. 63p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.
- BARROS, E. A. *et al.* Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 149, p. 128-133, 2017.
- BELCHIOR, E. B.; SHIOTSUKI, L. **Melhoramento genético de base comunitária: técnicas de transferência de tecnologia para ovinos e caprinos**. Brasília, DF: Embrapa, 2017.
- BIFFANI, S. *et al.* Fatores Ambientais e Genéticos que Influenciam o Desenvolvimento Ponderal até o Desmame de Animais Nelore Criados no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.4, p. 693-700, 1999.
- 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.

- BOURDON, R. M. Strategies Based on Pedigree Relationship: Inbreeding and Outbreeding. In: BOURDON, Richard M. **Understanding Animal Breeding**. 2. ed. London: Pearson Education Limited, 2014. Cap. 17. p. 337-371.
- BREDA, F.C. *et al.* Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p. 2017-2025, 2004.
- BURROW, H. M. The effects of inbreeding on productive and adaptive traits and temperament of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.55, p. 227-243, 1998.
- BUSSIMAN, F. O. *et al.* Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in Campolina horse population. **Animal**, [s.l.], v. 12, n. 11, p. 2246-2255, 2018.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, 73, p. 657–679, 1994.
- CABALLERO, A.; TORO, M. A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics Research Cambridge**, n.75, p. 331-343, 2000.
- CARNEIRO, P. L. S. *et al.* A raça Indubrasil no nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 2327-2334, 2009.
- CARNEIRO, P.L.S. *et al.* Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 84-91, 2007.
- CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: SIMPÓSIO NORDESTINO DE PRODUÇÃO ANIMAL, 6, Mossoró, 2010. **Anais [...]** Mossoró: Sociedade Nordestina de Produção Animal, 2010.
- CAROLINO, N.; LOPES, S.; GAMA, L. T. Consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo ovino da raça Churra Badana. **Archivos de Zootecnia**, v.53, p. 229-232, 2004.
- CERVANTES, I. *et al.* Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, [s.l.], v. 128, n. 1, p. 56-63, 2011.
- COSTA JÚNIOR, G. S. *et al.* Caracterização morfométrica de ovinos da raça Santa Inês criados nas microregiões de Teresina e Campo Maior, Piauí. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, n.6, p. 2260-2267, 2006.
- DOMINGUES, O. **Carneiro deslanado de Morada Nova**. Boletim da Sociedade Brasileira de Agronomia, v. 4, n. 1, p. 122, 1941.
- EMERENCIANO NETO, J. V *et al.* Caracterização e avaliação econômica de sistemas de produção de agricultura familiar no semiárido. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v.1, n.1, p. 22-29, 2011.



- ETEQADI, B.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Population structure and inbreeding effects on body weight traits of Guilan sheep in Iran. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 119, n. 1-3, p. 45-51, 2014.
- FACÓ, O. *et al.* Embrapa caprinos, Sobral, CE, Brazil. **Raça Morada Nova: Origem, Características E Perspectivas**, ed. 1 (série documentos no. 75), 2008.
- FACÓ, O. *et al.* O Padrão Racial e o Melhoramento Genético da Raça Morada Nova. **Revista ARCO**, Bagé - RS, p. 7-9, 2013.
- FAIR, M.D. VAN WYK, J.B.; CLOETE, S.W.P. Pedigree analysis of an ostrich breeding flock. **South African Journal of Animal Science**, South African, v. 42, p. 114-122, 2012.
- FALCONER D.S., MACKAY F.C., **Introduction to Quantitative Genetics**, 4th edn., Longman Group Ltd, England, 1996.
- FAO, 1998. **Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans**. Page 63 in Management of Small Populations at Risk. Food Agric. Org. United Nations, Rome, Italy.
- FERNANDES, A. A. O.; BUCHANAN, D.; SELAIVE-VILLAROEL, A. B. Avaliação dos fatores ambientais no desenvolvimento corporal de cordeiros deslanados da raça Morada Nova. **Revista Brasileira de Zootecnia** 30 (5):1460-1465, 2001.
- FIGUEIREDO, E. A. P. de. **Morada Nova of Brazil**. In: MASON, I. Prolific tropical sheep. Rome: FAO, 1980. p.53-58. (FAO Animal Production and Health Paper, 17). Disponível em: <http://www.fao.org/3/x6517e/X6517E03.htm>. Acessado em 07 de set de 2019.
- GHAFOURI-KESBI, F. Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. **Archiv Tierzucht**, v.55, p.375-384, 2012.
- GONZAGA NETO, S. *et al.* Body composition and nutritional requirements of protein and energy for Morada Nova lambs. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34(6): 2446–2456, 2005.
- GOWANE, G.R. *et al.* Population structure and effect of inbreeding on lamb growth in Bharat Merino sheep. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 114, n. 1, p.72-79, 2013.
- GOYACHE, F. *et al.* Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**. Vol. 106 (1), 3-14, 2010.
- GOYACHE, F. *et al.* Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 120, 95–105, 2003.
- GUILHERME, R. F. *et al.* Characterization and typology of sheep and goat production systems in the State of Paraíba, a semi-arid region of northeastern Brazil. **Semina: Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 38, n. 4, p. 2163-2178, 2017.

GUTIÉRREZ, J. P., CERVANTES, I., GOYACHE, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, p. 126, 327-332, 2009.

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

GUTIÉRREZ, J. P. *et al.* Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, Madrid, Spain, v. 40, p. 359-378, 2008.

HOSSEIN-ZADEH, N. G. Analysis of population structure and genetic variability in Iranian buffaloes (*Bubalus bubalis*) using pedigree information. **Animal Production Science**, [s.l.], v. 56, n. 7, p.1130-1135, 2016.

HOSSEIN-ZADEH, N. G. Inbreeding effects on body weight traits of Iranian Moghani sheep. **Archiv Tierzucht**, 55(2):171- 178, 2012.

JAMES J. W. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. **Animal Production**, 24, 109-112, 1977.

JAMES, J. Computation of genetic contributions from pedigrees. **Theoretical and Applied Genetics**, 42: p. 272-273, 1972.

KELLER, D. G.; BRINKS, J. S. Inbreeding by environment interactions for weaning weight in Hereford cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.46, p. 48-53, 1978.

KIYA, C. K. *et al.* Population structure of a nucleus herd of Dorper sheep and inbreeding effects on growth, carcass, and reproductive traits. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 177, p.141-145, 2019.

KOCH, R.M. The role of maternal effects in animal breeding: VI. Maternal effects in beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 35, n.6, p. 1316- 1323, 1972.

KORITIAKI, N. A. Fatores que afetam o desempenho de cordeiros Santa Inês puros e cruzados do nascimento ao desmame. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, Salvador, v.13, n.1, p. 258-270, 2012.

KOURY FILHO, W. Mitos e realidades sobre consanguinidade ou endogamia. **Revista ABCZ**, ano 2, n.10, 2002.

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

LACY, R. C. Importance of genetic variation to the viability of mammalian populations. **Journal of Mammalogy**, 78, p. 320–335, 1997.

LEROY, G. *et al.* Methods to estimate effective population size using pedigree data: examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, 45: 1, 2013.

- LÔBO, R.N.B. **SGR - Sistema de Gerenciamento de Rebanhos**: manual de usuário (Versão 2,0 Construído em 20121106) [Recurso eletrônico], -- Brasília, DF: Embrapa, 2013.
- LONG, J.C. The Allelic Correlation Structure of Gainjand Kalam-Speaking People. I The Estimation and Interpretation of Wright's F'-Statistics. **Genetics**, 112, p. 629-647, 1986.
- MACCLUER, J. *et al.* Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal Heredity**, v.74, p. 394-399, 1983.
- MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breed estimated from pedigree information. **Interbull Bull.** 14, 49–54, 1996.
- MALHADO, C. H. M. *et al.* Influência da época de nascimento sobre as percentagens de crescimento do nascimento aos 550 dias de idade em bovinos da raça Guzerá criados em duas regiões brasileira. In: REUNION LATINO AMERICANA DE PRODUÇION ANIMAL, 17, **Anais [...]** Ciudad de la Habana, Cuba, 2001.
- MALHADO, C. H. M. *et al.* Progresso genético e estrutura populacional de rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.9, p. 1163-1169, 2008.
- MCMANUS, C. *et al.* Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 42, 404–413, 2013.
- MCMANUS, C. *et al.* Pedigree analysis of Brazilian Morada Nova hair sheep. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 170, p.37-42, jan. 2019.
- MCMANUS, C.; PAIVA, S.R.; ARAUJO, R.O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**. 39, 236–246, 2010.
- MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetic Selection Evolution**, v.24, p. 305-313. 1992.
- MOHAMMADI, K. *et al.* Effects of environmental factors on pre-weaning growth traits in Zandi lambs. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, p. 837-840, 2010.
- MOKHTARI, M. S. *et al.* Genetic diversity in Kermani sheep assessed from pedigree analysis (Short communication). **Small Ruminant Research**, 114, p. 202–205, 2013.
- MOKHTARI, M. S. *et al.* Pedigree analysis of Iran-black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. **Small Ruminant Research**, 116, p. 14–20, 2014.
- MUIR, W. M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Journal of Animal Science**, v.79, p. 1-11, 2000.
- MUNIZ, M. M. M. *et al.* Application of genomic data to assist a community-based breeding program: a preliminary study of coat color genetics in Morada Nova sheep. **Livestock Science**, v.190, p. 89-93, 2016.

- MUNIZ, M. M. M. *et al.* Características raciais de ovinos da raça Morada Nova e seus impactos sobre o descarte involuntário de animais: resultados preliminares. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 49, 2012, Brasília. **Anais [...]** Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2012. (CD-ROM).
- 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, 180f. Tese (Doutorado em Produção Animal) - Facultad de Veterinária/ Universidad Computense de Madrid, 2008.
- NORBERG, E., SØRENSEN, A. C. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. **Journal of Animal Science**. 85, p. 299–304, 2007.
- NUNES, A. P. *et al.* Fatores ambientais que afetam o desempenho de cordeiros Ile de France, do desmame aos 60 dias pós-desmame. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas-Rs, v. 2, p.93-98, 1996.
- NUNUES, M. T. **Crescimento e desenvolvimento**. In: AIRES, M. M. Fisiologia. 3.ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, p.1097-1104, 2008.
- OKAMURA, V. **Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree**. 2015. 39 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal ) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande- Ms, 2015.
- OLIVEIRA, P. S. **Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber**. 2009. 95 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)- Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2009.
- OLIVEIRA, R. R. **Demografia e Estrutura Populacional da raça caprina Murciano-granadina na Espanha com base em análise de Pedigree**. 2012. 86 f. Tese (Doutorado em Zootecnia), Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2012.
- OLLIVIER, L. **Éléments de génétique quantitative**. INRA et Masson, Paris, pp: 152. 1981.
- ÖZTÜRK, A. *et al.* The Effects of Some Environmental Factors on Birth Weight and Estimation of Heritability and Repeatability for Birth Weight of Akkaraman Sheep in Konya Province. **Turkish Journal of Agriculture – Food Science And Technology**, [s.l.], v. 6, n. 12, p.1755-1757, 17 dez. 2018.
- PACHECO, A.; QUIRINO, C. R. Estudo das características de crescimento em ovinos. **Pubvet**, v.2, n.29, p. 1982-1263, 2008.
- PAIVA, S. R. *et al.* Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of brazilian somali hair sheep.: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, [s.l.], v. 43, n. 7, p. 1449-1457, 2 mai. 2011.

- PEDROSA, V. B. *et al.* Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 93, n. 2-3, p.135-139, out. 2010.
- PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2001. p. 320-330.
- PIRES, A. V.; LOPES, P. S. Efeito materno em suínos. **Revista Ceres**, 48(276):p. 115-125, 2001.
- QUAAS, R. L. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics** 32: p. 949-953, 1976.
- QUESADA, M.; MCMANUS, C.; COUTO, F. A. A. Efeitos genéticos e fenotípicos sobre as características de produção e reprodução de ovinos deslanados no Distrito federal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, p. 342-349, 2002.
- RAHIMI, S. M.; RAFAT, S. A.; JAFARI, S. Effects of environmental factors on growth traits in Makuie sheep. **Biotehnologija U Stocarstvu**, [s.l.], v. 30, n. 2, p. 185-192, 2014.
- RASHIDI, A. *et al.* Genetic parameter estimates of body weight at different ages and yearling fleece weight in Markhoz goats. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, 21, 1395–1403, 2008.
- RASHIDI, A.; MOKHTARI, M.S.; GUTIÉRREZ, J.P. Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 124, p. 1-8, mar. 2015.
- R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. (2019). URL <<https://www.R-project.org/>>.
- REZENDE, M. P. G. *et al.* Estrutura populacional do rebanho nelore criado no semiárido do nordeste brasileiro. **Ciência Animal Brasileira**, [s.l.], v. 18, p. 1-14, 2 out. 2017.
- RIBEIRO, E. L. A. *et al.* Desempenho produtivo de ovelhas submetidas a acasalamento no verão ou no outono no Norte do Paraná. **Semina: Ciências Agrárias**, v.29, n.1, p. 229- 236, 2008.
- ROBISON, O.W. The influence of maternal effects on the efficiency of selection: a review. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v.8, p.121-137, 1981.
- RODRIGUES, D. S. *et al.* Estrutura populacional de um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciência Animal**, Maceió, Al, p.103-110, 2009.
- SANTANA, A. F. **Correlação entre circunferência escrotal e medidas corporais de ovinos deslanados no Estado do Ceará**. Fortaleza: 1996. 87p. (Especialização em Produção e Reprodução de Pequenos Ruminantes) -Universidade Estadual do Ceará - UECE, 1996.
- SELL-KUBIAK, E.; CZARNIECKI, Ł.; STRABEL, T. Challenges in inbreeding estimation of large populations based on Polish Holstein-Friesian cattle pedigree. **Journal of Applied Genetics**, [s.l.], v. 59, n. 3, p.313-323, 11 abr. 2018.

- SELVAGGI, M. *et al.* Inbreeding depression in Laccese sheep. **Small Ruminant Research**, v.89, p.42-46, 2010.
- SHIOTSUKI, L. *et al.* The impact of racial pattern on the genetic improvement of Morada Nova sheep. **Animal Genetic Resources/Ressources Génétiques Animales/Recursos Genéticos Animales**, [s.l.], v. 58, p. 73-82, 14 mar. 2016.
- SHIOTSUKI, L. *et al.* Genetic parameters for growth and reproductive traits of Morada Nova sheep kept by smallholder in semi-arid Brazil. **Small Ruminant Research**, [s.l.], v. 120, n. 2-3, p. 204-208, ago. 2014.
- SILVA, F. L. R., ARAÚJO, A. M., FIGUEIREDO, E. A. Características de crescimento e de reprodução de ovinos Somalis no Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.27, p.1107-1114, 1998.
- SILVEIRA, J. C. *et al.* Fatores ambientais e parâmetros genéticos para características produtivas e reprodutivas em um rebanho Nelore no estado do Mato Grosso do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 33(6):p. 1432-1444, 2004.
- SOUSA, J. E. R. *et al.* Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Archivos de Zootecnia**, [s.l.], v. 67, n. 259, p. 428-434, 15 jul. 2018.
- SOUSA, J. E. R. *et al.* Influência dos fatores de ambiente no desempenho ponderal de bovinos da raça Nelore no Estado do Ceará. **Revista Ciência Agrônômica**, v.34, n2, p.133-138, 2003.
- SOUSA, W. H.; LÔBO, R. N. B.; MORAIS, O. R. Ovinos Santa Inês: Estado de Arte e Perspectivas. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE CAPRINOS E OVINOS DE CORTE, 2, João Pessoa/PB, **Anais [...]** João Pessoa/ PB, 2003.
- SOUZA, J. C. *et al.* Efeito do ambiente sobre o peso de bovinos da raça Guzerá no Estado de São Paulo. **Archives of Veterinary Science**, v.7, n.1, p. 57-63, 2002.
- SOUZA, J. C. *et al.* Fatores do ambiente sobre o peso ao desmame de bezerros da raça Nelore em regiões tropicais brasileiras. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 5, p. 881-885, 2000.
- SOWAND, O. S.; SOBOLA, O. S. Body measurements of West African Dwarf sheep as parameters for estimation of live weight. **Tropical Animal Health and Production**, v.40, p.433-439, 2008.
- TAHMOORESPUR, M., SHEIKHLOO, M. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, 99, p. 1-6, 2011.
- TEIXEIRA NETO, M. R. *et al.* Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 48, n. 12, p.1589-1595, dez. 2013.
- VALERA, M. *et al.* Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v.95, 2005.

VAN WYK, J. B.; FAIR, M. D.; CLOETE, S. W. P. Case study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **Livestock Science**, [s.l.], v. 120, n. 3, p. 218-224, 2009.

WOLF, J. *et al.* Estudo de efeitos de meio sobre o peso aos 205 e 365 dias em animais da raça Guzerá em três regiões do Brasil. In: REUNION LATINO AMERICANA DE PRODUÇION ANIMAL, **Anais [...]**17, 2001.

WRIGHT, S. Coefficients of Inbreeding and Relationship. **The American Naturalist**, Vol. 56, 645. p. 330-338, 1922.

WRIGHT, S. **Evolution and the Genetics of Populations: The Theory of Gene Frequencies**, Vol. II, University of Chicago Press, Chicago, USA, 1969.

WRIGHT S. Evolution and the genetics of populations. Vol. 4. **Variability within and among natural populations**. Chicago: University of Chicago Press, 1978.

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

YAVARIFARD, R.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Population genetic structure analysis and effect of inbreeding on body weights at different ages in Iranian Mehraban sheep. **Journal of Animal Science and Technology**, [s.l.], v. 56, n. 1, p.1-9, dez. 2014.