

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ  
PROGRAMA DE DOUTORADO INTEGRADO EM ZOOTECNIA**

**DEMOGRAFIA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA CAPRINA  
MURCIANO-GRANADINA NA ESPANHA COM BASE EM ANÁLISE DE  
*PEDIGREE***

**REJANE RODRIGUES DE OLIVEIRA**  
Zootecnista

**RECIFE - PE  
DEZEMBRO - 2012**

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO  
UNIVERSIDADE FEDERAL DA PARAÍBA  
UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ  
PROGRAMA DE DOUTORADO INTEGRADO EM ZOOTECNIA**

**DEMOGRAFIA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA CAPRINA  
MURCIANO-GRANADINA NA ESPANHA COM BASE EM ANÁLISE DE  
*PEDIGREE***

**REJANE RODRIGUES DE OLIVEIRA**

**RECIFE - PE  
DEZEMBRO - 2012  
REJANE RODRIGUES DE OLIVEIRA**

**DEMOGRAFIA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA CAPRINA  
MURCIANO-GRANADINA NA ESPANHA COM BASE EM ANÁLISE DE  
*PEDIGREE***

Tese apresentada ao Programa de Doutorado Integrado em Zootecnia, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, do qual participam a Universidade Federal da Paraíba e Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do título de Doutor em Zootecnia.

Área de Concentração: Produção Animal

**Comitê de Orientação:**

Profa. Dra. MARIA NORMA RIBEIRO– Orientador Principal

Profa. Dra. LUCIA HELENA DE ALBUQUERQUE BRASIL– Co-orientadora

Prof. Dr. JUAN VICENTE DELGADO BERMEJO – Co-orientador

**RECIFE - PE  
DEZEMBRO- 2012**

Ficha catalográfica elaborada nas normas da Biblioteca Central da  
UFRPE

**REJANE RODRIGUES DE OLIVEIRA**

**DEMOGRAFIA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA CAPRINA  
MURCIANO-GRANADINO COM BASE EM ANÁLISE DE PEDIGREE**

Tese defendida e aprovada pela Comissão Examinadora em 27 de dezembro de 2012.

Comissão Examinadora:

---

Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Laura Leandro da Rocha  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Unidade Serra Talhada

---

Prof. Dr. Edgard Cavalcanti Pimenta Filho  
Universidade Federal da Paraíba  
Centro de Ciências Agrárias

---

Prof. Dr. Severino Benone Paes Barbosa  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Zootecnia

---

Prof.<sup>a</sup> Dra. Maria de Mascena Diniz Maia  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Biologia

---

Prof. Dra. Maria Norma Ribeiro  
Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Departamento de Zootecnia  
Presidente

**RECIFE-PE  
DEZEMBRO – 2012**

*“Vasta cadeia do ser! Que Deus começou,  
Naturezas estéreas, humano, anjo, homem,  
Besta, pássaro, peixe, inseto, que nenhum olho pode ver,  
Nenhuma lente pode alcançar; do Infinito a vós,  
De vós ao nada. – Nos poderes superiores  
Estaríamos forçando, poderes inferiores em nós;  
Ou em toda criação deixar uma lacuna,  
Onde, a um passo em falso, a grande escala é destruída;  
Da cadeia da Natureza qualquer elo que você rompa,  
Décimo, ou décimo milionésimo,  
Quebra a cadeia da mesma forma”.*

**Alexander Pope (1714)**

*Quando não tiver mais nada  
Nem chão, nem escada  
Escudo ou espada  
O seu coração  
Acordará!...*

*Quando estiver com tudo  
Lã, cetim, veludo  
Espada e escudo  
Sua consciência  
Adormecerá!...*

*Quando não se têm mais nada  
Não se perde nada  
Escudo ou espada  
Pode ser o que se for  
Livre do temor...*

*Quando se acabou com tudo  
Espada e escudo  
Forma e conteúdo  
Já então agora dá  
Para dar amor...*

*Amor dará e receberá  
Do ar, pulmão  
Da lágrima, sal  
Amor dará e receberá  
Da luz, visão  
Do tempo espiral...*

*Amor dará e receberá  
Do braço, mão  
Da boca, vogal  
Amor dará e receberá  
Da morte  
O seu dia natal...*

*(Mantra – Nando Reis)*

*Aos meus filhos **Gabriel** e **Rafaela** pelo muito amor,*

**Dedico**

## AGRADECIMENTOS

Sempre, acima e antes de tudo, agradeço a **DEUS** por ser o *meu refúgio*, o *meu consolador*, *meu ajudador*, *meu provedor*, *meu libertador*, *meu socorro*, *minha restauração*, *meu abrigo*, *minha alegria*!

Agradeço à minha *família*: minha mãe (**Jaidete**), meus irmãos (**Roberto**, **Jailton**, **Rosimere**, **Gilson** – “jiboia”), minha tia (**Cida**) e, principalmente, meus filhos amados (**Gabriel** e **Rafaela**), que suportaram minha ausência em feriados, Natais e aniversários... e mesmo quando presente, permaneci, muitas vezes, ausente...

Agradeço às minhas colegas de Doutorado **Rosália**, **Laura**, **Núbia**, **Dênea**, **Soraya** e **Janaína** por todas as vezes que me fizeram sorrir, quando o que mais queria era chorar.

Agradeço a minha orientadora, **Maria Norma Ribeiro**, pelo suporte, orientação, amizade e paciência.

Agradeço aos professores: **Lúcia Helena de Albuquerque Brasil** e **Francisco Fernando Ramos de Carvalho** pela ajuda e suporte.

Agradeço a **Coordenação do PDIZ** pela oportunidade de concluir este Doutorado.

Agradeço a **FACEPE** pelo apoio financeiro com a concessão da bolsa.

Agradeço a **CAPRIGRAN** pelos dados, sem os quais este trabalho não seria realizado.

Agradeço ainda às minhas *eternas* amigas: **Isabelle Batista**, **JosianeVELOZO**, **Adriane Cunha**, **Luciene Wanderley** e **Telma Leite**, tão meigas, doces e fortes, que com seus exemplos de lealdade, responsabilidade e ternura, muito me ajudaram nos momentos mais difíceis dessa jornada!

Por fim, deixo meus sinceros agradecimentos a todos que direta ou indiretamente, contribuíram para que este trabalho fosse, em fim, finalizado.

**MUITO OBRIGADA.**



## SUMÁRIO

	Página
Lista de Tabelas.....	XI
Lista de Figuras.....	XII
Resumo Geral.....	XIII
Abstract.....	XIV
Considerações Iniciais.....	01
<b>Capítulo 1- Referencial Teórico .....</b>	<b>04</b>
Introdução.....	05
1. Histórico e situação atual da raça Murciano-Granadina.....	06
2. Demografia e sua importância para a conservação.....	08
3. Estrutura de população.....	08
3.1 Heterozigotidade.....	09
3.2 Tamanho ou número efetivo da população.....	10
3.2.1 Número efetivo de fundadores e de ancestrais.....	10
3.3 Estatística <i>F</i> de Wright.....	11
3.4 Distância genética.....	12
3.5 Equilíbrio de Hardy-Weinberg.....	13
3.6 Consanguinidade.....	14
3.7 Coeficiente médio de parentesco.....	14
3.8 Intervalo de gerações.....	15
3.9 Contribuição genética de rebanhos para a estrutura genética da raça estudada..	16
4. Panorama do estudo da genética de populações no mundo.....	17
5. Considerações Finais.....	23
6. Referências Bibliográficas.....	24
<b>Capítulo 2 - Demografia e Análise de <i>Pedigree</i> de populações da raça Murciano-Granadina na Espanha.....</b>	<b>34</b>
Resumo.....	35
Abstract.....	36
Introdução.....	37
Material e Métodos.....	38
Resultados e Discussão.....	40

Conclusões.....	47
Referências Bibliográficas.....	48
<b>Capítulo 3 - Estrutura populacional da raça caprina Murciano-Granadina da Espanha com base em análise de <i>pedigree</i>.....</b>	<b>50</b>
Resumo.....	51
Abstract.....	52
Introdução.....	53
Material e Métodos.....	55
Resultados e Discussão.....	58
Conclusão.....	66
Referências Bibliográficas.....	67
<b>Considerações Finais.....</b>	<b>72</b>

## LISTA DE TABELAS

### Capítulo 2

	Página
1. Demografia do rebanho Murciano-Granadina com base em análise de <i>pedigree</i> .....	40
2. Número de gerações ( $NG$ ), incremento de consanguinidade por geração ( $\Delta F\%$ ) e tamanho efetivo da população ( $Ne$ ) para os três tipos de gerações consideradas.....	41
3. Número de rebanhos ( $N$ ) por grupo de criadores, separados por sexo (macho e fêmea) no período estudado.....	42
4. Intervalo de gerações (em anos) e erro-padrão para as passagens gaméticas no <i>pedigree</i> das populações de Murciano-Granadina estudadas.....	43
5. Distribuição do número total de animais, número de reprodutores, frequência de registros (em relação ao total) e frequência acumulada por ano de nascimento, para os rebanhos avaliados da raça Murciano-Granadina.....	44

### Capítulo 3

	Página
1. Estrutura da população do rebanho Murciano-Granadina, com base em análise de <i>pedigree</i> .....	59
2. Descrição dos ancestrais e fundadores que mais contribuíram para a variabilidade genética do rebanho de Murciano-Granadina.....	61
3. Contribuição dos fundadores por rebanho da raça Murciano-Granadina.....	62
4. Consanguinidade média ( $F$ ) e coeficiente médio de parentesco ( $AR$ ) por número máximo de gerações para a raça Murciano-Granadina .....	63
5. Consanguinidade média estimada com base nas gerações completas (animais com pai e mãe conhecidos) para os rebanhos estudados .....	64

## LISTA DE FIGURAS

### Capítulo 1

	Página
1 Mapa da região de origem da raça Murciano-Granadina, Murcia, Espanha..	07
2. Animais das raças Granadina (A) e Murciana (B).....	07
3. Matriz e reprodutor da raça Murciano-Granadina.....	07

### Capítulo 2

1 Representação do <i>pedigree</i> dos animais da raça caprina Murciano-Granadina.....	46
--	----

### Capítulo 3

1 Contribuição acumulada de genes ancestrais da população referência do rebanho Murciano-Granadina.....	60
---	----

## RESUMO GERAL

Com o objetivo de estudar a estrutura de populações e a demografia da raça caprina Murciano-Granadina, foram avaliadas 24.444 informações de *pedigree*, pertencentes ao banco de dados da *Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina - CAPRIGRAN*. Para compor a estrutura da população, foram avaliados os seguintes parâmetros populacionais: número de gerações completas; número de gerações equivalentes; número efetivo de animais fundadores (*fe*); número efetivo de ancestrais (*fa*); coeficiente de consanguinidade (estatísticas *F* de Wright) e coeficiente médio de parentesco (*AR*), concluindo-se que a existência de variabilidade genética nas populações estudadas da raça caprina Murciano-Granadina da Espanha encontra-se em níveis satisfatórios, permitindo sua utilização em programas de melhoramento e de conservação de recursos genéticos. Para o censo demográfico, foram analisadas informações quantitativas sobre número de macho e fêmeas; intervalo médio de gerações (*IG*); tamanho efetivo da população (*Ne*), resultando na baixa profundidade dos *pedigrees* limitante na obtenção de parâmetros mais acurados e mais precisos. Os rebanhos menores apresentaram taxa sexual inferior ao recomendado, ao passo que o *IG* médio observado (2,77 anos) demonstra que a população está sob intenso trabalho de melhoramento genético, o que pode comprometer a variabilidade genética no futuro.

**Palavras-chave: Diversidade genética, Consanguinidade, Heterozigozidade.**

## ABSTRACT

Aiming at studying the structure of population and demography of Murciano-Granadina goat breed, 24,444 data on *pedigree*, from *Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina* – CAPRIGRAN, were analyzed. In order to set population structure the following population data were analyzed: complete generations; complete generation equivalent; effective number of founders ( $f_e$ ); effective number of ancestors ( $f_a$ ); inbreed coefficient ( $F$ -statistics) and average relatedness coefficient ( $AR$ ). The conclusion was that the levels of genetic variability in the studied population of Murciano-Granadina goat breed were in satisfactory level, allowing its utilization in programs of genetic improvement and conservation of genetic resources. As for demographic census, quantitative data were studied regarding: number of males and females; medium generation intervals ( $GI$ ); effective number ( $N_e$ ). The conclusion was that low depth of pedigrees limits getting more precise parameters. Smaller herds presented sex rate under recommended and the medium  $GI$  observed (2.77 years) demonstrates that population is under intense improvement work that can compromise genetic variability in the future.

**Key-words:** Genetic diversity, Inbreed, Heterozygosis.

## CONSIDERAÇÕES INICIAIS

Ao longo dos anos, percebe-se um aumento bastante significativa da população humana, o que reflete diretamente na produção de alimentos cada vez mais dependente de espécies resistentes e produtivas tanto na agricultura quanto na pecuária. Ao observar o desenvolvimento humano, percebe-se que as espécies foram melhoradas geneticamente para produzirem cada vez mais e melhor (maior produção por área e/ou por indivíduo). Contudo, a base para os trabalhos de melhoramento são as raças/espécies nativas, adaptadas através das gerações às condições ambientais de biomas com características especiais de relevo, clima e vegetação, dentre outros fatores.

A partir das espécies de animais domésticas usadas para a produção de alimentos, os pequenos ruminantes ganham destaque por sua capacidade reprodutiva, adaptação e rusticidade, além da ampla área geográfica onde se distribuem. Neste cenário, a criação de pequenos ruminantes, notadamente caprinos, desponta como uma das mais importantes do ponto de vista econômico, social e cultural. Esses animais estão presentes no cotidiano das pessoas pela culinária, calçados e vestimentas, músicas, ritos religiosos e ditos populares, principalmente.

Os caprinos foram os primeiros animais domesticados pelo homem com a função específica de produzir alimentos (leite e carne) e fornecer abrigo e proteção (couro). O rebanho mundial de caprinos passa de 800.000.000 cabeças e atualmente a Ásia possui o maior rebanho mundial, com 514 milhões de cabeças ou 60% do efetivo mundial. Em seguida, a África com 291 milhões de cabeças ou 33.8%. A América do sul possui 21,4 milhões de cabeças ou 2,5% do total e a Europa apresenta um rebanho de 18 milhões de animais, representando 2.1% do total. O Brasil possui um rebanho de cerca 12.000.00 cabeças, dos quais 4% encontram-se nas regiões Sul e Sudeste (consideradas desenvolvidas) e 96% do total de caprinos distribuídos nas regiões Norte, Centro-oeste e Nordeste (consideradas em desenvolvimento).

No Brasil, assim como nos demais países em desenvolvimento, os caprinos assumem uma grande importância social e econômica em determinadas circunstâncias, são a única forma de renda e deles depende a sobrevivência de muitos criadores, principalmente aqueles que têm a agricultura e a pecuária como fonte de subsistência.

A região Nordeste, que concentra 94% do rebanho caprino nacional, caracteriza-se por condições de clima, solo e vegetação típicos do semiárido. Encontram-se na

1 região animais *nativos*, criados em sua maioria de forma extensiva com grande  
2 exploração da caatinga e poucos cuidados com o manejo; os animais *melhorados*  
3 *geneticamente* ou de *raças exóticas*, com especialização para produção de carne ou leite  
4 e que, apesar de mais produtivos, necessitam de maiores atenções quanto à nutrição,  
5 ambiência e manejo sanitário e aqueles *sem padrão racial definido* (SPRD), que, assim,  
6 como os nativos, são criados com poucos insumos.

7 A Caatinga é um bioma rico em espécies vegetais e animais, que apresenta um  
8 conjunto de característica que a torna única, como distribuição irregular de chuvas, altas  
9 taxas de evapotranspiração, solos rasos e arenosos, vegetação hiperxerófila, dentre  
10 outras. O nome “caatinga” é de origem indígena e significa “mata branca”, uma alusão  
11 ao fato das plantas perderem as folhas durante os períodos de estiagem.

12 As raças desenvolvidas e criadas no semiárido representam uma fonte de genes  
13 importantes para a sobrevivência e reprodução dos indivíduos. As raças nativas de cada  
14 país são fundamentais para a produção agrícola sustentável e, sua conservação e  
15 utilização são objetos de grande preocupação internacional. Contudo, após gerações sob  
16 a ação de condições ambientais que lhes conferiram características de adaptabilidade e  
17 rusticidade, muitas ainda continuam sem programa de gestão genética adequada, fato  
18 que tem contribuído para perdas importantes da diversidade genética intrarracial. Essa  
19 diversidade genética é importante porque assegura às futuras gerações a capacidade de  
20 adaptação às variações ambientais, assim como permite que programas de  
21 melhoramento genético sejam realizados.

22 Através da obtenção de parâmetros populacionais, principalmente aqueles que  
23 dizem respeito à *consanguinidade*, é possível quantificar a diversidade genética. Para  
24 isto, o uso de metodologias que permitam avaliar o estado de conservação das raças,  
25 tem sido prática comum em diversos países.

26 A biologia molecular, por exemplo, é um ramo das ciências biológicas que  
27 permite avaliar o indivíduo ao nível de seu DNA. A descoberta de uma enzima de  
28 restrição termoestável tornou possível “cortar” uma fração do código genético e, assim,  
29 realizar estudos mais precisos sobre a estrutura genética das populações. Marcadores  
30 genéticos (AFLP, RFLP, Microsatélite, Minissatélite, RAPD) e outras técnicas de  
31 manipulação de DNA (PCR, DNA *fingerprint*) têm sido usados em estudo de  
32 diversidade genética em muitas raças de animais domésticos de diferentes espécies ao  
33 redor do mundo. É uma ferramenta útil, porém com gastos ainda elevados por necessitar  
34 de pessoal qualificado, equipamentos e materiais específicos com custo de aquisição e



1 manutenção elevados. Além disso, é necessário ter acesso a algum tipo de material do  
2 animal como pele, sangue e tecido para proceder com as análises, ou seja, o contato  
3 direto com o animal é indispensável.

4 Outra maneira que permite acessar as informações genéticas de indivíduos é a  
5 sua genealogia. Análises com base em informações de *pedigrees* são úteis em estudos  
6 de estrutura de populações, pois permitem avaliar a estrutura genética ao longo das  
7 gerações, desde que haja um bom volume de informações e que as mesmas sejam  
8 confiáveis, configurando-se como um método relativamente simples, barato e não  
9 invasivo. Faz-se necessária apenas o registro dos principais eventos que ocorrem com o  
10 animal (nascimento, ascendência, produção, dentre outros).

11 O estudo de diversidade genética é muito útil nos estudos com raças nativas,  
12 pois permite avaliar o estado de conservação destas raças, contribuindo com  
13 informações para o estabelecimento de programas de conservação e gestão adequada  
14 das raças, notadamente aquelas em perigo. Por *gestão genética*, entende-se a realização  
15 de um planejamento que permite a utilização adequada das práticas de reprodução, a fim  
16 de manter a consanguinidade sob controle. Estas ações contribuem para reduzir perdas  
17 de diversidade, quedas dos índices zootécnicos e perda de genes importantes e que ainda  
18 não foram suficientemente identificados.

19 Quando se trata de animais de produção, o método de melhoramento mais  
20 praticado dentro das raças (seleção) depende da existência de variabilidade na  
21 população. Assim, o conhecimento da *diversidade genética* de populações é útil para  
22 programas de conservação e melhoramento e, garantir a sua manutenção é primordial  
23 para o sucesso desses programas.

24

25

26

27

28

29

30

31

1

2

3

4

5

6

7

8

## **CAPÍTULO 1.**

9

**Demografia e estrutura populacional da raça caprina Murciano-Granadina na**

10

**Espanha com base em análise de *pedigree***

11

12

## **REFERENCIAL TEÓRICO**

13

1 **Demografia e estrutura populacional da raça caprina Murciano-Granadina na**  
2 **Espanha com base em análise de *pedigree***

3  
4 **INTRODUÇÃO**  
5

6 A genética de populações é um ramo da biologia que trata da aplicação das leis  
7 de Mendel e de outros princípios desta área de estudo, cuja composição diz respeito à  
8 coleção da frequência de genótipos diferentes presentes nessa população (FALCONER  
9 & MACKAY, 1981; GRIFFITHS *et al.*, 2008).

10 O estudo das populações também inclui a investigação das várias forças que  
11 resultam em mudanças evolutivas nas espécies ao longo do tempo e, conseqüentemente,  
12 mudanças na composição ou na estrutura genética das populações. Os processos  
13 genéticos básicos relacionados à composição genética da população são: o efeito dos  
14 padrões de reprodução em genótipos diferentes; mudanças na composição da população  
15 devidas à *migração*; a taxa de introdução de novas variações genéticas na população por  
16 *mutação*; a produção de novas combinações de características por *recombinação*; as  
17 mudanças na composição da população devidas ao efeito da *seleção natural* e da *deriva*  
18 *genética*.

19 O estudo da estrutura genética de uma população é geralmente baseado em  
20 informações genealógicas ou moleculares, de onde são obtidos parâmetros  
21 populacionais usados na gestão de populações exploradas comercialmente ou daquelas  
22 que são alvo de programas de conservação.

23 Objetivou-se com este trabalho fazer uma revisão de literatura sobre demografia  
24 e estrutura genética de populações (parâmetros e causas de alteração), a partir de  
25 levantamento bibliográfico sobre o tema.

26

## 1 **1. Histórico e situação atual da raça Murciano-Granadina**

2           Aproximadamente 20% do rebanho caprino espanhol consistem de animais da  
3 raça Murciano-Granadina (FALAGÁN, 1999; MARTINEZ, *et al.*, 2007). A raça tem  
4 sua origem em outras duas raças espanholas (Murciana e Granadina) sendo bem  
5 adaptada ao clima mediterrânico, caracterizado por condições semiáridas com baixa  
6 pluviosidade e temperaturas altas (FERNANDEZ *et al.*, 2009).

7           As raças Murciana e Granadina têm sua origem na região de Murcia, Espanha  
8 (Figura 1.) e durante muitos anos o melhoramento genético foi feito com vistas a manter  
9 as raças geograficamente separadas (MARTÍNEZ *et al.*, 2010). Entre os anos de 1960 e  
10 1970, houve a junção das duas raças num único livro genealógico. O registro teve início  
11 em 1975 e foi criado para o melhoramento genético com estímulo ao cruzamento entre  
12 as duas raças, sendo intensificado nos últimos 40 anos, dando origem a Murciano-  
13 Granadina.

14           A raça Murciano-Granadina apresenta biótipo leiteiro, com pelagem uniforme  
15 podendo ser negra ou caoba, com mucosas escuras. Os animais apresentam porte  
16 mediano cujo peso oscila entre 50kg e 70kg para machos; e de 40 a 55 kg para fêmeas  
17 (figura 2). O bom desenvolvimento do aparelho mamário garante produções de leite  
18 satisfatórias o que, segundo o controle leiteiro oficial da AMURCYL (*Asociación de*  
19 *Criadores de cabra de raza Murciano-Granadina de Castilla y Leon*), estão em torno  
20 de 310kg de leite para fêmeas de primeiro parto; e 550kg de leite para fêmeas de  
21 segundo parto em diante, por lactação.

22           O programa de melhoramento genético da raça baseia-se na seleção de animais  
23 que apresentam melhor desempenho para produção e composição do leite, fatores  
24 economicamente importantes pela geração de empregos (diretos e indiretos) e pela  
25 obtenção de produtos de qualidade nutricional reconhecidos. Na Espanha, o leite de

1 cabras Murciano-Granadina dá origem a um queijo fino, maturado em vinho tinto,  
2 muito apreciado pelos consumidores.

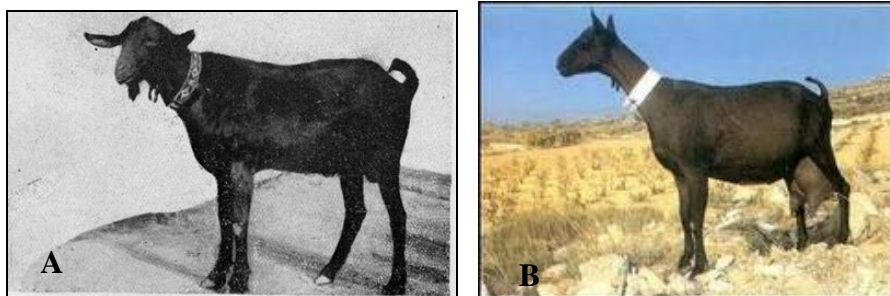
3



4

5 **Figura 1.** Mapa da região de origem da raça Murciano-Granadina, Murcia, Espanha

6



7

8 **Figura 2.** Animais das raças Granadina (A) e Murciana (B)



9

10 **Figura 3.** Matriz e reprodutor da raça Murciano-Granadina

11

12

13

## 1    **2. Demografia e sua importância para a conservação**

2            Demografia refere-se ao estudo das populações e sua evolução temporal quanto  
3    ao tamanho, sua distribuição espacial, sua composição e suas características gerais  
4    (CARVALHO *et al.*, 1998). Ao caracterizar uma população, o primeiro passo é definir  
5    o seu tamanho total e tamanho efetivo ( $N_e$ ). Outro aspecto refere-se aos elementos que  
6    afetam esse tamanho (nascimentos, mortes, migrações, taxas sexuais, intervalo de  
7    gerações). De modo geral, a demografia pode ser definida como a distribuição dos  
8    aspectos estáticos de uma população num determinado momento (tamanho e  
9    composição), assim como, sua evolução no tempo.

10           Avaliações demográficas são usadas, muitas vezes, em conjunto com estudos  
11    sobre estrutura de populações animais a fim de conhecer o comportamento reprodutivo  
12    das raças e a evolução quantitativa dos rebanhos (LÉON *et al.*, 2005; BAHMANI, *et al.*,  
13    2011; BARROS *et al.*, 2011).

14           A dinâmica de uma população permite verificar a possível perda de variabilidade  
15    genética, variações no número e tamanho efetivo (relação macho:fêmea adequada).  
16    Tanto para a conservação, quanto para o melhoramento genético, o conhecimento dos  
17    aspectos de distribuição geográfica e tendência de crescimento ou diminuição no tempo  
18    são aspectos que favorecem a condução das atividades futuras para manter a  
19    variabilidade genética, evitando aumentos indesejados da consanguinidade.

## 20           **3. Estrutura de populações**

21           As aplicações do estudo de populações são facilmente vistas em genética  
22    (medicina, agricultura e conservação de recursos genéticos), bem como em ciências a  
23    exemplo da ética e da política sociais, quando do planejamento e tomadas de decisões  
24    em diferentes tipos de estudos (HARTL & CLARK 2010).

1           A partir dessas aplicações ou usos, o estudo de populações para a conservação  
2 de recursos genéticos vem ganhando cada vez mais visibilidade, uma vez que as ações  
3 humanas (desmatamentos, poluição, produção de alimentos em grande escala, dentre  
4 outros.) estão contribuindo de forma gradativa para o desaparecimento de importantes  
5 espécies animais e vegetais, pondo em risco a própria existência humana devido à  
6 relação direta entre suas necessidades (alimentos, medicamentos, vestuário.) e a  
7 diversidade de organismos no ambiente no qual essas populações estão inseridas.

8           Estudos de estrutura de população incluem investigação sobre heterozigossidade  
9 observada e esperada, número efetivo, estatística  $F$  de Wright, distância genética,  
10 equilíbrio de Hardy-Weinberg, consanguinidade, coeficiente médio de parentesco e  
11 contribuição genética do rebanho (FUTUYMA, 2009; GRIFFITHS *et. al.*,2008).

### 12 **3.1. Heterozigossidade**

13           A heterozigossidade é uma medida de variabilidade genética e sempre se compara  
14 a heterozigossidade observada ( $H_o$ ) com a esperada ( $H_e$ ).

15           Estudos sobre a heterozigossidade têm sido desenvolvidos em populações  
16 animais com o objetivo primário de quantificar os indivíduos heterozigotos e mensurar  
17 características relacionadas à capacidade adaptativa (*fitness*) dos animais, ou seja, a sua  
18 capacidade reprodutiva e de crescimento.

19           A quantidade de heterozigotos presentes numa população é fundamental para a  
20 manutenção da diversidade genética. A diminuição do número de heterozigotos é  
21 reflexo direto de acasalamentos consanguíneos, e estes são resultados da falta de um  
22 manejo reprodutivo adequado, que oriente os acasalamentos de forma a evitar o  
23 aumento da homozigose. Este parâmetro tem relação inversa com o número efetivo,  
24 pois populações pequenas têm maior probabilidade de serem consanguíneas.

25

## 1    **3.2. Tamanho ou número efetivo da população ( $N_e$ )**

2            O  $N_e$  é um parâmetro importante para a definição de estratégias de conservação,  
3    assim como para o conhecimento do grau de consanguinidade de uma população, o que,  
4    segundo FALCONER & MACKAY (1996), representa o número de indivíduos que  
5    daria origem à variância calculada da amostra, ou à taxa de consanguinidade, em  
6    relação à população ideal; isto é, o tamanho efetivo de um rebanho representa o número  
7    de indivíduos que contribuem efetivamente para a variância de amostragem ou taxa de  
8    consanguinidade, desde que acasalados de acordo com as premissas de uma *população*  
9    *ideal* ( infinita no sentido de eliminar-se a deriva genética; de reprodução sexuada;  
10    acasalamentos aleatórios; igual taxa sexual; ou seja, número de fêmeas igual ao número  
11    de machos e onde todos os casais são férteis e têm o mesmo número de prole). Expressa  
12    a situação do rebanho em termos do número efetivo de indivíduos que se acasalam,  
13    sendo uma maneira de tratar o desvio particular da estrutura de reprodução ideal  
14    (VILLELA *et al.*, 2009).

15

### 16    **3.2.1. Número efetivo de fundadores e de ancestrais ( $N_{ef}$ e $N_{fa}$ )**

17            O Número Efetivo de Ancestrais ( $N_{fa}$ ) é um valor teórico que fornece o número  
18    mínimo de antepassados necessários para explicar a diversidade genética completa da  
19    população de referência. A relação entre o número efetivo de fundadores ( $N_{ef}$ ) e o  
20    número efetivo de ancestrais ( $N_{fa}$ ) permite avaliar gargalos genéticos na população  
21    (FEELY *et al.*, 2003). O número efetivo de fundadores tem sido geralmente obtido  
22    segundo metodologia descrita por LACY (1989). Vale dizer que o conhecimento desse  
23    parâmetro é importante, pois, a partir da relação entre número efetivo de fundadores e o  
24    número efetivo de ancestrais, se tem uma ideia da intensidade do “efeito gargalo



1 genético” na população (ARAÚJO *et al.*, 2008), sendo ideal que o número efetivo de  
2 fundadores seja o mais próximo possível do tamanho da população fundadora.

3 Além disso, o  $N_e$  permite quantificar a variabilidade genética de uma população  
4 ou rebanho, o fluxo gênico entre as gerações, permitindo direcionar práticas de manejo  
5 que visem minimizar a consanguinidade dos rebanhos.

### 6 **3.3. Estatística $F$ de Wright**

7 Em 1921, Sewall Wright, geneticista e estatístico americano, desenvolveu seus  
8 estudos sobre “sistemas de acasalamentos”. As definições, métodos e resultados que ele  
9 apresentou neste e em outros dois trabalhos publicados simultaneamente, tiveram um  
10 grande e duradouro efeito sobre a teoria e aplicação da genética de populações (HILL,  
11 1985). Esses estudos serviram de base para o desenvolvimento de modelos estatísticos  
12 que permitissem uma abordagem analítica, adaptada às populações que se subdividem  
13 em unidades menores, chamados de *Índices de Fixação* ou *F-estatístico* (LONG, 1986).

14 O modelo do  $F$ -estatístico está estratificado em três níveis: individual ( $i$ ), dentro  
15 das subdivisões ( $s$ ) e dentro da população total ( $t$ ), segundo LONG (1986). Os principais  
16 parâmetros desse modelo são:  $F_{IT}$  (índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade  
17 em toda a população), o  $F_{ST}$  (índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade entre  
18 populações devido à subdivisão) e  $F_{IS}$  (índice de fixação ou coeficiente de  
19 consanguinidade dentro da população, isto é, consanguinidade média entre indivíduos  
20 dentro de toda população).

21 Na interpretação do  $F$ -estatístico, deve-se considerar que quando o valor de  $F_{IT}$  é  
22 nulo; isto é, indicativo de deficiência de heterozigotos na população, ocorre um excesso  
23 de indivíduos homozigotos na população estudada e a população apresenta-se  
24 consanguínea. Um  $F_{IS}$  nulo também indica baixa variação genética na população. O  $F_{ST}$   
25 mede todos os efeitos da estrutura populacional combinada e é a medida mais inclusiva

1 da subdivisão da população. Valores de  $F_{ST}$  entre 0 e 0,05 indicam pequena  
2 diferenciação genética na população; entre 0,05 a 0,15 é indicativo de moderada  
3 diferenciação e, valores entre 0,15 e 0,25 indicam forte diferenciação genética (HARTL  
4 & CLARK, 2010).

5 Em estudos de diversidade genética, a existência de subpopulações é algo  
6 natural. HARTL & CLARK (2010) afirmam que raramente os membros de uma espécie  
7 são distribuídos de forma homogênea no espaço. Segundo esses autores, existe, quase  
8 sempre, algum tipo de agrupamento ou agregação, levando a população a uma  
9 subdivisão. As formas de manejo praticadas pelo homem em animais domésticos  
10 também levam à formação de subpopulações cujo fator principal, normalmente, é a  
11 diferença regional entre os rebanhos (áreas geográficas, formas de uso de reprodutores,  
12 nível de consanguinidade praticado, dentre outros).

13 A utilização dos índices de fixação de Wright, em trabalhos sobre diversidade  
14 genética e estrutura de populações, tem se tornado bastante popular, tanto em  
15 investigações que envolvem a utilização de ferramentas moleculares, quanto em estudos  
16 de genealogia (SERRANO *et al.*, 2009; VILLELA *et al.*, 2012; BARROS *et al.*, 2011)

### 17 **3.4. Distância Genética**

18 Em um estudo genético de estrutura de populações, Wright demonstrou que a  
19 variação na frequência de genes em subpopulações pode ser analisada por índices de  
20 fixação ou *F-estatísticos*.

21 A estatística *F* de Wright é aplicável a qualquer população quando existem  
22 apenas dois alelos em um *locus*. Na presença de alelos múltiplos, no entanto, a equação  
23 não se aplica, exceto para o caso especial de diferenciação aleatória sem seleção (NEI,  
24 1973). Partindo desse pressuposto, NEI (1973) desenvolveu um método pelo qual a  
25 diversidade genética (heterozigosidade) de uma população subdividida pode ser

1 analisada em seus componentes, ou seja, a diversidade genética dentro e entre  
2 subpopulações. Este método é aplicável para qualquer população na qual se considere o  
3 número de alelos por *loco*, o padrão de forças evolutivas tais como mutação, migração,  
4 seleção e os métodos reprodutivos do organismo utilizado.

5 O conhecimento da distância de Nei é muito importante para estudos de  
6 diversidade genética. Pela teoria de Nei, a diversidade genética é definida pelo uso de  
7 frequências gênicas da geração atual, não tendo nenhuma pressuposição acerca dos  
8 *pedigrees* dos indivíduos, bem como da seleção e migração no passado. Isto fez com  
9 que esta abordagem pudesse ser empregada para qualquer situação, com ou sem seleção  
10 (MORAES & DERBYSHIRE, 2003).

### 11 **3.5. Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW)**

12 O princípio de Hardy-Weinberg diz que em uma população suficientemente  
13 grande e na ausência de seleção, migração e mutação, o equilíbrio é atingido após uma  
14 geração de acasalamento ao acaso, de maneira que a relação genotípica torna-se igual ao  
15 quadrado da frequência gênica e com as sucessivas gerações de acasalamentos ao acaso,  
16 permanece inalterada (CRUZ, 2005).

17 A importância do estudo da frequência gênica reside no fato de que o primeiro  
18 passo para se identificar os genótipos que constituem uma população é estimar as  
19 frequências dos genes que estão presentes na população, já que a frequência de um  
20 determinado gene é estimada comparativamente à frequência de seu alelo. Qualquer  
21 desvio significativo do *EHW* indica que a população está subdividida, que existe uma  
22 consanguinidade significativa ou fluxo de genes de outra população (VALENTE *et al.*,  
23 2001; MENEZES *et al.*, 2006).

24 Os desvios do equilíbrio de Hardy-Weinberg podem ter origem em diferentes  
25 fatores como acasalamentos direcionados, subdivisões dentro das populações,

1 coancestrais e antepassados comuns, seleção natural, migração ou fluxo de genes a  
2 partir de uma população externa, técnica de amostragem incorreta e presença de alelos  
3 nulos não detectáveis experimentalmente (MENEZES *et al.*, 2006). Para programas de  
4 conservação de recursos genéticos, as informações sobre desequilíbrio nas proporções  
5 dos genótipos de uma população em risco podem ajudar a direcionar ações que visem a  
6 restaurar ou minimizar seus possíveis efeitos.

### 7 **3.6. Consanguinidade**

8 A consanguinidade é definida como o resultado do acasalamento de indivíduos  
9 com algum grau de parentesco. Tanto em animais de produção quanto em populações  
10 naturais, a consanguinidade causa perdas pela expressão de genes não-desejáveis que,  
11 por sua vez, são responsáveis pela diminuição de vigor e susceptibilidade a doenças,  
12 processo conhecido como “depressão endogâmica” (NARAIN, 2000).

13 Em estudos populacionais, a maneira mais usual de se mensurar a  
14 consanguinidade é através da estatística  $F$  de Wright, que mede a consanguinidade entre  
15 os indivíduos, entre as subpopulações e para a população como um todo. A importância  
16 do conhecimento da taxa de consanguinidade para a conservação de recursos genético, é  
17 traduzida pelo risco de erosão ou perda de diversidade genética intrarracial a médio e  
18 longo prazo (GAMA, 2006).

### 19 **3.7. Coeficiente Médio de Parentesco ( $AR$ )**

20 Indivíduos parentes são aqueles que têm pelo menos um ancestral comum na sua  
21 genealogia. Dessa forma, a chance de um alelo ser levado por um deles e um alelo  
22 levado pelo outro serem ambos descendentes de uma molécula idêntica de DNA, isto é,  
23 homozigose por descendência, é maior do que se os indivíduos acasalados não fossem  
24 parentes. A probabilidade dessa homozigose extra por descendência é chamada de  
25 *coeficiente médio de parentesco*, denominado na literatura por  $AR$ .

1 O *AR* é um parâmetro que permite conhecer as relações de parentesco entre  
2 indivíduos, sendo elemento importante para o gerenciamento dos programas de seleção.  
3 Conhecer o *AR* dos reprodutores é essencial para que se faça a escolha mais adequada  
4 dos animais a serem usados na reprodução, devendo-se, portanto, dar preferência ao uso  
5 de reprodutores com baixos valores de *AR*, para o controle da consanguinidade a longo  
6 prazo. (BARROS *et al.*, 2011). Essa medida contribui para diminuir a consanguinidade,  
7 minimizando as possíveis perdas de material genético de origem (RODRIGUES *et al.*,  
8 2009).

9 Os valores de referência para o coeficiente de parentesco é descrito pela FAO  
10 (1998), como sendo 0 (não consanguíneo) e 1 (para populações consanguíneas, sem  
11 variação genética).

### 12 **3.8. Intervalo de Gerações(IG)**

13 A determinação da perda de variação genética em um período específico de  
14 tempo (como o intervalo entre as gerações, por exemplo) é importante, porque essa é a  
15 medida de tempo usada no desenvolvimento de políticas de conservação e de  
16 melhoramento genético. Assim, é igualmente válido considerar o intervalo de gerações  
17 (*IG*) e o número efetivo (*Ne*) para prever a taxa esperada de declínio de  
18 heterozigosidade em populações naturais ou comerciais (ALLENDORF & LUIKART,  
19 2006).

20 Normalmente, populações que estão sob ação de melhoramento genético  
21 tendem a ter *IG* menores devido ao menor tempo de permanência dos reprodutores nos  
22 rebanhos. Contudo, quando se trata de programas de conservação, devem-se adotar  
23 medidas para aumentar o *IG* como a manutenção de reprodutores no rebanho pelo maior  
24 tempo possível, principalmente aqueles considerados fundadores, como forma de  
25 garantir maior participação desses na constituição genética da população. Por outro

1 lado, em programas de melhoramento genético, quanto menor for o intervalo de  
2 geração, maior será o ganho genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho  
3 genético anual, para características alvo de seleção (MEDEIROS, 2011).

#### 4 **3.9. Contribuição genética de rebanhos para a estrutura genética da raça estudada**

5 A importância dos rebanhos em uma população pode ser definida como a  
6 contribuição dos rebanhos com reprodutores machos para a população. Com base na  
7 metodologia de VASSALLO *et al.* (1986), os rebanhos são classificados como:

8 a) *Rebanhos núcleo*, quando os criadores usam apenas seus próprios  
9 machos, nunca os comprando, mas sim vendendo os excedentes.

10 b) *Rebanhos multiplicadores*, quando os criadores utilizam machos  
11 comprados e também vendem os machos excedentes.

12 c) *Rebanhos comerciais*, quando os criadores usam machos comprados e  
13 nunca se vendem os excedentes.

14 Em geral, *rebanhos núcleos* são compostos de raças puras ou linhagens  
15 sintéticas. Nesse grupo, aplica-se alta intensidade de seleção, com vistas a maximizar o  
16 progresso genético. Os melhores indivíduos são selecionados para reposição do próprio  
17 rebanho, e parte dos demais indivíduos é utilizada na reposição do rebanho  
18 multiplicador ou na comercialização e, o restante é destinado ao abate (LOPES, 2012).

19 Os *rebanhos multiplicadores* recebem raças puras ou linhagens sintéticas do  
20 rebanho núcleo, e faz-se o cruzamento entre essas raças ou linhagens para produção de  
21 animais *F1* ou híbridos. Além de aproveitar a complementação de raças ou linhagens  
22 pela prática do cruzamento, esse tipo de rebanho tem a finalidade de produzir fêmeas e  
23 machos híbridos, e os melhores animais são utilizados na reposição do rebanho  
24 comercial. Os *rebanhos comerciais* utilizam material proveniente do rebanho núcleo

1 e/ou, do rebanho multiplicador, dependendo do sistema de cruzamento adotado, para  
2 produção de híbridos que são destinados ao abate.

3 A estrutura organizacional da população de caprinos e ovinos no Brasil não  
4 atende a estrutura piramidal clássica com rebanhos elite, multiplicadores e comerciais.  
5 A passagem do progresso genético dos rebanhos de elite para os rebanhos comerciais  
6 fica comprometida nos rebanhos multiplicadores. Animais de alto padrão,  
7 independentemente do tipo de avaliação, têm custo muito elevado e tendem a circular  
8 somente entre os criadores de rebanhos de elite (LÔBO, 2012).

#### 9 **4. Panorama do estudo da genética de populações no mundo**

10 A gestão eficaz da diversidade genética animal é essencial para o  
11 desenvolvimento sustentável e segurança alimentar de centenas de milhões de pessoas  
12 (FAO, 2010). Os animais que apresentam maior capacidade adaptativa têm maior  
13 chance de sobreviver às variações ambientais causadas, principalmente, pelas mudanças  
14 climáticas. Essas variações ambientais incluem, dentre outras coisas, alterações no  
15 regime hídrico, redução na disponibilidade de alimentos e aparecimentos de doenças,  
16 que afetam os rebanhos e conseqüentemente, afetam o abastecimento do mercado  
17 mundial de produtos de origem animal.

18 Os animais que apresentam tais características de adaptação são tidos como  
19 animais de baixa produção, uma vez que, biologicamente, as duas funções (adaptação e  
20 produção) estão em posição antagônica. Por isso são, muitas vezes, substituídos por  
21 raças mais “especializadas”, de maior produção, mas que são, também, de menor  
22 rusticidade; ou seja, de menor resistência e maior susceptibilidade às variações  
23 ambientais. Essa substituição dos animais adaptados tem sido a principal causa de perda  
24 de diversidade genética nos rebanhos. Perder variabilidade significa perder genes

1 importantes, de forma irreversível (permanente) e que, muitas vezes, são ainda  
2 desconhecidos.

3 Contudo, não são apenas os animais de raças nativas os únicos a sofrerem com a  
4 perda de variabilidade genética. A produção animal hoje está baseada na utilização de  
5 poucas raças de alta produtividade (FAO, 2010). O uso dessas raças melhoradas  
6 geneticamente pode levar a população a baixos níveis de variabilidade genética, pelo  
7 uso excessivo de poucos reprodutores, através das técnicas modernas de reprodução  
8 (inseminação artificial, transferência de embriões e fertilização *in vitro*).

9 Para entender os processos de como as raças evoluem e como a diversidade está  
10 distribuída, um número relativamente grande de pesquisas tem sido desenvolvido na  
11 área da conservação de recursos genéticos animais, com base na obtenção e  
12 interpretação dos parâmetros populacionais. Esses estudos são geralmente feitos com  
13 base em dados de *pedigree* e moleculares, sendo utilizadas para diversas espécies  
14 animais, tanto domésticas quanto selvagens.

15 Os esforços ao redor do mundo para conservação e melhoramento de recursos  
16 genéticos animais (RGAn) incluem não apenas o conhecimento da estrutura de  
17 populações, como também faz uso de métodos para a sua conservação *in situ* e *ex situ*.

18 A conservação *in situ* refere-se à conservação do material genético no ambiente  
19 onde a espécie ou raça evoluiu (RAMALHO *et al.*, 2000). Na conservação *in situ*, a  
20 criação no *habitat* natural e em “núcleos de conservação” das raças ameaçadas é  
21 imprescindível, e os criadores são peças fundamentais nesse processo, pois, além de  
22 manter os rebanhos, são também responsáveis pela manutenção do ambiente (bioma) no  
23 qual as raças nativas se desenvolveram, fatores essenciais para o equilíbrio do  
24 agroecossistema.



1 A conservação *in situ* apresenta algumas vantagens, como: (1) animais vivos  
2 podem ser avaliados e melhorados através dos anos; (2) genes deletérios podem ser  
3 identificados e eliminados da população; (3) os animais vivos constituem um meio  
4 imediato de uso; (4) eles constituem um banco de genes para uso futuro; (5) os animais  
5 podem apresentar vantagens econômicas (resistência, tolerância, etc.) que podem ser  
6 utilizadas economicamente; (6) a produção de animais vivos pode compensar  
7 parcialmente os gastos com sua manutenção; (7) os animais podem ser uma vitrine viva  
8 para apreciação de suas potencialidades.

9 Um número grande e crescente de raças tem perdido material genético e  
10 encontra-se em risco necessitando de intervenções adequadas para conter esse processo.  
11 Em muitos casos, a única maneira de salvar estas raças é a conservação *ex situ*, ou seja,  
12 pela preservação fora do seu *habitat* natural (FRANKHAM, *et al.*, 2010). A formação  
13 de um banco de germoplasma é prática comum nos programas de conservação *ex situ*.  
14 E, assim como na economia, esse banco tem a função principal de “guardar” material  
15 genético para uso futuro (óvulos, embriões, sêmen, DNA isolado, amostras de tecidos,  
16 pelo).

17 Nas principais regiões do mundo, pesquisas vêm sendo desenvolvidas com o  
18 intuito de estudar o patrimônio genético de animais selvagens e domésticos. Estas  
19 pesquisas incluem avaliações genéticas com uso de ferramentas específicas, como  
20 estudos do cromossomo Y e DNA mitocondrial (PÉREZ-PARDAL *et al.*, 2010;  
21 PARTIFITT & HUISMANS, 1998), que permitem obter informações mais acuradas  
22 sobre a origem das raças.

23 Os estudos sobre estrutura de populações estão sendo realizados na tentativa de  
24 contribuir com informações para a gestão de recursos genéticos animais. O gado  
25 zebuíno de dupla aptidão, por exemplo, vem sendo estudado por suas qualidades

1 específicas como resistência a doenças, tolerância ao calor, capacidade de sobreviver e  
2 reproduzir-se sob estresse térmico (calórico) e em sistemas com baixo insumo de  
3 alimentos (METTA *et al.*, 2004). Os caprinos são, em alguns países, a principal fonte de  
4 proteína devido às peculiaridades da espécie como tamanho, hábito alimentar e  
5 capacidade adaptativa. As pesquisas com essa espécie se baseiam no estudo da  
6 heterozigosidade observada e esperada, consanguinidade média,  $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$  e  $F_{IT}$ ,  
7 revelando a existência de variabilidade genética.

8 Na Ásia, assim como outras regiões do planeta, a produção animal está baseada  
9 na utilização de animais adaptados a ambientes e condições de criações específicas,  
10 principalmente em propriedades familiares (ZHOU *et al.*, 2005). A Índia é um dos  
11 maiores centros de biodiversidade do mundo, rica em diversidade de animais  
12 domésticos com 30 raças fenotipicamente caracterizadas de gado zebu (KALE *et al.*,  
13 2010), várias pesquisas com raças ovinos (CHEN *et al.*, 2006; ARORA & BHATIA,  
14 2006; GIRISH *et al.*, 2007; MANDAL *et al.*, 2005; METTA *et al.*, 2004; KALE *et al.*,  
15 2010), raças caprinas (KUMAR, *et al.*, 2005; MAHMOUDI, 2010) e búfalos (YANG *et*  
16 *al.*, 2011; VIJH *et al.*, 2008) são as principais espécies domésticas sob investigação da  
17 diversidade genética.

18 Na África, os trabalhos sobre conservação de recursos genéticos estão baseados  
19 na identificação de espécies e raças ameaçadas, através de pesquisas de caracterização  
20 genética (morfológica e molecular), levantamentos demográficos e estudos sobre a  
21 estrutura genética dessas populações (PEREIRA *et al.*, 2009; MACHUGH *et al.*, 1997;  
22 LI *et al.*, 2007; HASSEN *et al.*, 2007; OKOMO-ADHIAMBO, 2002). Geralmente, os  
23 estudos neste continente estão voltados para ações na tentativa de conter a perda  
24 acelerada de diversidade genética dos rebanhos que fornecem alimento e renda para  
25 70% dos habitantes da na zona rural e constituem um tesouro de resistência a doenças

1 (OKOMO-ADHIAMBO, 2002). Os estudos também visam comprovar variações  
2 genéticas entre tipos (HASSEN *et al.*, 2007), origem e fluxo genético (PEREIRA *et al.*,  
3 2009; LI *et al.*, 2007). Outras pesquisas incluem investigações sobre resistência ao  
4 *Trypanosoma*, doença limitante da produtividade bovina (MURRAY *et al.*, 1990).

5 Na Europa, os trabalhos desenvolvidos com estrutura de populações de animais  
6 domésticos visam gerar informações para gestão dos programas de melhoramento e  
7 conservação (ALCALÁ, *et al.*, 2005; BARTOLOMÉ *et al.*, 2011; BÖMCKE *et al.*,  
8 2011; CASTEL *et al.*, 2010; CERVANTES *et al.*, 2009; GOYACHE *et al.*, 2010;  
9 LÉON *et al.*, 2005; SERRANO *et al.*, 2009).

10 No Brasil, a preocupação com a situação genética dos rebanhos é um tema que  
11 vem ganhando cada vez mais espaço devido ao provável comprometimento da  
12 variabilidade genética. A pecuária brasileira, a exemplo do que acontece nos demais  
13 países em desenvolvimento, é praticada de forma quase “artesanal”, nas pequenas e  
14 médias propriedades rurais. Conceitos tradicionais de criação, aliados a sistemas com  
15 baixos insumos, são favorecidos com a criação de animais de raças ou grupo genéticos  
16 nativos, adaptados a tais situações. Já no caso de criações mais tecnificadas com  
17 utilização de animais melhorados geneticamente, a perda de variabilidade genética  
18 compromete a continuidade do processo de melhoramento genético.

19 Os estudos sobre estrutura genética de populações, em sua maioria, foram  
20 desenvolvidos com marcadores moleculares que fornecem informações úteis para  
21 determinar a real situação genética das populações, pois são capazes de cobrir  
22 potencialmente todo o genoma (REGITANO & COUTINHO, 2001). Destacam-se os  
23 trabalhos de IGARASH, *et al.*, 2000; CUNHA *et al.*, 2004; ARAÚJO *et al.*, 2004;  
24 EGITO *et al.*, 2004; SILVA *et al.*, 2006; ARAÚJO *et al.*, 2006; ROCHA *et al.*, 2007;  
25 SILVA *et al.*, 2007; ÁLVAREZ *et al.*, 2008; ARAÚJO *et al.*, 2008; MALHADO *et al.*,

1 2008; MORAES *et al.*, 2010; MEDEIROS 2011 e SILVA *et al.*, 2012 que avaliaram a  
2 diversidade de diferentes raças e espécies através da estimação de parâmetros  
3 populacionais como  $H_e$  e  $H_o$ ,  $AR$ , consanguinidade,  $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$  e  $F_{IS}$ , ancestrais e co-  
4 ancestrais e equilíbrio de Hardy-Weinberg, além da distância genética entre raças.

5 Os marcadores moleculares em geral são ainda onerosos e, por isso, quando  
6 possível deve-se lançar mão de dados genealógicos para a realização de estudos dessa  
7 natureza. Estes têm se mostrado eficientes na obtenção de informações sobre a estrutura  
8 de populações com custos reduzidos.

9 No Brasil, informações genealógicas ainda estão aquém do ideal quanto à  
10 quantidade e qualidade das informações. Limitam-se, muitas vezes, às informações  
11 sobre ascendentes, sem informações produtivas ou outras que ajudem, por exemplo, na  
12 seleção de animais para reprodução. Contudo, é uma ferramenta que tem sido utilizada  
13 com frequência em trabalhos cujo tema principal é o estudo da variabilidade genética.  
14 Alguns estudos dessa natureza já foram desenvolvidos no Brasil, destacando-se os de  
15 FARIA *et al.* (2002) e FARIA *et al.* (2001); MALHADO *et al.* (2008); CARNEIRO *et*  
16 *al.* (2009); REIS FILHO *et al.* (2010), com bovinos; ARAÚJO, *et al.* (2008); CUNHA  
17 *et al.* (2008); BARROS *et al.* (2011); MEDEIROS (2011) com caprinos; RODRIGUES  
18 *et al.* (2009); AMARAL *et al.* (2012), com ovinos.

19 De maneira geral, os resultados indicam que é possível desenvolver programas  
20 de conservação, desde que sejam consideradas as peculiaridades do manejo reprodutivo  
21 a fim de evitar aumento indesejado da consanguinidade, que levaria a declínio nas  
22 características produtivas (MANDAL *et al.*, 2005). Contudo, as ações para a  
23 conservação ainda são insuficientes diante das necessidades de proteger o patrimônio  
24 genético existente.

25

26

## 1 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

2 Os trabalhos desenvolvidos com estrutura de populações nas várias espécies e  
3 raças de animais domésticos têm, de maneira geral, contribuído para fornecer  
4 informações úteis aos programas de conservação e melhoramento genético e, em alguns  
5 países ou regiões, têm contribuído diretamente para a gestão eficaz desses recursos.

6 Em termos gerais, as pesquisas indicam haver um nível de variabilidade genética  
7 baixo nas raças e espécies pesquisadas, nos diferentes continentes. No entanto, a  
8 diversidade genética existente ainda justifica a elaboração e execução de estratégias de  
9 conservação e melhoramento, com vistas a obter ganhos com manutenção dessa  
10 diversidade. O mau gerenciamento, principalmente reprodutivo, conduz as populações a  
11 um aumento indesejado da consanguinidade e conseqüente perda de diversidade.

12 No cenário mundial, o Brasil vem cada vez mais buscando maneiras de  
13 promover o melhoramento dos rebanhos. No entanto, a preocupação com a conservação  
14 de recursos genéticos tão importantes em economias emergentes, que têm sua base na  
15 agricultura e pecuária é recente.

16

## 1 6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 2 ALCALÁ, M.; FRANGANILLO, A.R.; CÓRDOBA, M.V. Analisis Genetico e lós  
3 niveles de consaguinidad em la raza Retinta. **Archivos de Zootecnia**. 44, 157-265,  
4 1995.
- 5 ALLENDORF, F.W.; LUIKART, G. **Conservation and the Genetics of Populations**.  
6 Blackwell Publishing. 2006.
- 7 ALVAREZ, I.; ROYO, L.J.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I.; ARRANZ, J.J.;  
8 GOYACHE, F. Relationship between genealogical and microsatellite information  
9 characterizing losses of genetic variability: Empirical evidence from the rare Xalda  
10 sheep breed. **Livestock Science**, 115: 80-88. 2008.
- 11 AMARAL, B. C.; SILVA, D.B.S.; BANARI, A.C. Et al. Análise de parâmetros  
12 populacionais a partir do *pedigree* de ovinos criolos do Pantanal. In: IX Simpósio  
13 Brasileiro de Melhoramento Animal João Pessoa, PB , 2012. **Anais...** João  
14 Pessoa:SOCIEDADE BRASILEIRA DE PRODUÇÃO ANIMAL, Paraíba, 2012.
- 15 ARAÚJO, A.M.; GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M. Et al. Diversidade  
16 Genética em uma população da raça naturalizada Moxotó no Brasil. In: V Simpósio  
17 da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. 2004, Pirassununga, SP.  
18 **Anais...** Pirassununga:SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO  
19 ANIMAL, São Paulo, 2004.
- 20 ARAÚJO, A.M.; GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M., et al. Genetic  
21 Diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized  
22 Brazilian Moxotó breed. **Genetics and Molecular Biology**, 29, 1, 67-74 2006.
- 23 ARAÚJO, I.I.M.; FRANÇA, C.M.B.; CUNHA, E.E.; et al. Variabilidade genética por  
24 meio da probabilidade de origem do gene em caprinos nativos da raça Moxotó. In:

1 Zootec, 2008, João Pessoa, PB. **Anais...** João Pessoa: SOCIEDADE BRASILIERA  
2 DE MELHORAMENTO ANIMAL, Paraíba, 2008.

3 ARORA, R. & BHATIA, S. Genetic diversity of Magra sheep from India using  
4 microsatellite analysis. **Asian-Australian Journal of Animal Science** Vol. 19, No.  
5 7 : 938 – 942, 2006

6 BAHMANI, H.R.; TAHMOORESPUR, M.; ASLAMINEJAD, A.A. et al. Assessment  
7 of Demographic, Geographical and Genetic Risks in Markhoz Goat Population.  
8 **Journal of Animal and Veterinary Advances** 10 (2): 162-168, 2011

9 BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O.; ARAÚJO, A.M. Estrutura  
10 populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de**  
11 **Zootecnia**. 60 (231): 543-552. 2011

12 BARTOLOMÉ, E.; CERVANTES, I.; VALERA, M. et al. Influence of foreign breeds  
13 on the genetic structure of the Spanish sport horse population. **Livestock science**  
14 142, 2011

15 BÖMCKE, E.; GENGLER, N.; COTHRAN, E.G. Genetic variability in the Skyros  
16 pony and its relationship with other Greek and foreign horse breeds. **Genetics and**  
17 **Molecular Biology**, 34, 1, 68-76, 2011

18 CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. et al. Raça  
19 Indubrasil no nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista**  
20 **Brasileira de Zootecnia**, V.38, N.12, P.2327-2334, 2009.

21 CARVALHO, J.A.; SAWYER, D.O.; RODRIGUES, R.N. **Introdução a alguns**  
22 **conceitos básicos e medidas em demografia**. 2ª edição, São Paulo:ABEP, 1998

23 CASTEL, J.M., RUIZ, F.A., MENA, Y., SÁNCHEZ-RODRÍGUEZ, M. Present  
24 situation and future perspectives for goat production systems in Spain. **Small**  
25 **Ruminant Research** 89, 207-210. 2010

- 1 CERVANTES, I.; GUTIÉRREZ, J.P.; MOLINA, A. et al. Genealogical analyses in  
2 open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. **Journal of**  
3 **Animal Breeding Genetics** 126 ,335–347, 2009
- 4 CRUZ, COSME DAMIÃO. **Princípios de Genética Quantitativa** – Viçosa: UFV,  
5 2005.
- 6 CUNHA, E.E, EUCLYDES, R.F., TORRES, R.A. *et al.* Efeitos da seleção individual e  
7 da seleção baseada no *blup* em populações diferentes, quanto ao tipo de  
8 acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, V.56,  
9 N. 1, P.94-106 2004.
- 10 EGITO, A.A., PAIVA, S.R., MAMANI, E.M. et al. Variabilidade genética de raças  
11 bovinas baseada em marcadores STR. In:V Simpósio da Sociedade Brasileira de  
12 Melhoramento Animal. **Anais...** Pirassununga: SOCIEDADE BRASILEIRA DE  
13 MELHORAMENTO ANIMAL 2004.
- 14 FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4<sup>a</sup>  
15 edição. Pearson, 1996.
- 16 FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., SOSAHKIAN, L.A.  
17 Parâmetros Populacionais do Rebanho Sindi Registrado no Brasil. **Revista**  
18 **Brasileira de Zootecnia**, 30(6S):1989-1994, 2001
- 19 FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, L.A.  
20 Pedigree Analysis in the Brazilian Zebu breeds. In: 7th World Congress on  
21 Genetics Applied to Livestock Production, August 19-23, 2002, Montpellier,  
22 France. **Anais...**Montpellier, France, 2002.
- 23 FEELY D.B., BROPHY, P., QUINN, K. Characterisation of the Connemara pony  
24 population in Ireland. **International Committee of Connemara Pony Societies**.  
25 2003.



- 1 FERNANDEZ, C.; MARTÍNEZ, B.; GÓMEZ, E. et al. Qualitative Analysis of official  
2 milk control in Valencia Community (Spain) by self organizing maps. **Tropical  
3 and Subtropical Agroecosystems**, 11. 2009
- 4 FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION - FAO **Situação mundial dos  
5 recursos genéticos animais para agricultura e alimentação – versão resumida.**  
6 FAO Rome, Italy. 2010.
- 7 FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION – FAO. **Management of small  
8 populations at risk- Secondary Guidelines for Development of National Farm  
9 Animal Genetic Resources Management Plans.** FAO Rome, Italy. 1998
- 10 FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D., BRISCOE, D.A. **Introduction to Conservation  
11 Genetics.** 2ª edition. Cambridge University Press. 2010.
- 12 FUTUYMA, D. J. **Biologia evolutiva**, 3ª EDIÇÃO, FUNPEC EDITORA, 2009.
- 13 GAMA, L.T. Programas de seleção e conservação dos recursos genéticos animais: a  
14 experiência da Europa mediterrânea. In: Anais de Simpósios da 43ª Reunião Anual  
15 da SBZ – João Pessoa – PB, 2006. **Anai...** João Pessoa: SOCIEDADE  
16 BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 2006
- 17 GIRISH, H.; SIVASELVAM, S. N.; KARTHICKEYAN, S. M. K. et al. Molecular  
18 characterisation of Nilagiri sheep (*Ovis aries*) of South India based on  
19 microsatellites. **Asian-Australian Journal of Animal Science** Vol. 20, No. 5: 633  
20 – 637, 2007
- 21 GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A. et al. Análisis demográfico y  
22 genético de la raza ovina Mallorquina. **Itea** Vol. 106 (1), 3-14. 2010
- 23 GRIFFITHS, ANTHONY J. F. et al. **Introdução à Genética** – Rio De Janeiro:  
24 Guanabara Koogan, 2008.

- 1 HARTL, D.; CLARK L., ANDREW G. **Princípios de Genética de Populações**, 4<sup>a</sup>  
2 EDIÇÃO – Porto Alegre: ARTMED, 2010.
- 3 HASSEN, F.; BEKELE, E.W.; AYALEW, W. et al. Genetic variability of five  
4 indigenous Ethiopian cattle breeds using RAPD markers. **African Journal of**  
5 **Biotechnology** Vol. 6 (19), pp. 2274-2279, 2007
- 6 HILL, W.G. Fixation probabilities of mutant genes with artificial selection. **Génét.**  
7 **Sél.Evol.**, 17(3), 351-358, 1985.
- 8 IGARASHI, M. L. S. P.; MACHADO, T. M.; FERRO, J. A.; CONTEL, E. P. B.  
9 Structure and Genetic Relationship Among Brazilian Naturalized and Imported  
10 Goat Breeds. **Biochemical Genetics**, Vol. 38, Nos. 11/12, 2000.
- 11 KALE, D.S.; RANK, D.N.; JOSHI, C.G. et al. Genetic diversity among Indian Gir,  
12 Deoni and Kankrej cattle breeds based on microsatellite markers. **Indian Journal**  
13 **of Biotechnology**, vol.9, 126-130. 2010
- 14 KUMAR, D.; DIXIT, S.P.; SHARMA, R. et al. Population structure, genetic variation  
15 and management of Marwari goats. **Small Ruminant Research**, vol. 59, 2005
- 16 LACY, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and  
17 founder genome equivalents. **Zoo Biology** 8:111-123. 1989.
- 18 LEÓN, J.M.; LOZANO, J.M.; MARTÍNEZ, E., et al. Análisis demográfico de la cabra  
19 Granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. **Archivos de**  
20 **Zootecnia**. 54: 311-315. 2005
- 21 LI, M.H.; ZERABROK, M.; VANGEN, O. et al. Reduced genetic structure of north  
22 Ethiopian cattle revealed by Y-chromosome analysis. **Heredity** (2007) 98, 214–221
- 23 LÔBO, R.N.B. Programas de seleção para caprinos e ovinos no Brasil. Disponível  
24 em:<[http://www.sbpcnet.org.br/livro/57ra/programas/CONF\\_SIMP/textos/raimundobragalobo.htm](http://www.sbpcnet.org.br/livro/57ra/programas/CONF_SIMP/textos/raimundobragalobo.htm)>. Acesso em: 14. set. 2012

- 1 LONG, JEFFREY C. The Allelic Correlation Structure of Gainjand Kalam-Speaking  
2 People. I. The Estimation and Interpretation of Wright's F'-Statistics. **Genetics**  
3 112: 629-647, 1986.
- 4 LOPES, P.S. Melhoramento Genético de Suínos. Disponível em: <  
5 [http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/MELHORAM  
7 ENTO%20DE%20SUINOS.pdf](http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/MELHORAM<br/>6 ENTO%20DE%20SUINOS.pdf)> acesso em: 14. set. 2012.
- 8 MACHUGH, D.E.; SHRIVER, M.D.; LOFTUS, R.T. et al. Microsatellite DNA  
9 variation and Evolution, Domestication and Phylogeography of Taurine and Zebu  
10 Cattle (*Bos indicus*). **Genetics** 146 1071-1086. 1997
- 11 MAHMOUDI, B. Genetic diversity of Lori goat population based on microsatellite  
12 marker. **Asian Journal of Animal Sciences** 4(1):13-19, 2010.
- 13 MALHADO, C.H.M., CARNEIRO, P.L.S., PEREIRA, D.G., MARTINS FILHO, R.  
14 Progresso Genético e Estrutura Populacional do rebanho Nelore no Estado da  
15 Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, V.43, N.9, P.1163-1169, Set.  
16 2008.
- 17 MANDAL, A.; PANT, K.P.; NOTTER, D.R. et al. Studies on inbreeding and its  
18 effects on growth and fleece traits of Muzaffarnagari sheep. **Animal Science**. Vol  
19 18, No. 10 : 1363-1367. 2005
- 20 MARTÍNEZ, A.M.; ROCHA, L.L.; QUIROZ, J.; DELGADO, J.V. Estudio de la  
21 diversidad genética intrarracial de la cabra Murciano-Granadina con microsátélites  
22 de ADN. **Archivos de Zootecnia** 56 (Sup. 1): 417-420. 2007.
- 23 MARTÍNEZ, A.M.; VEJA-PAN, J.L.; LÉON, M.E. et al. Is the Murciano-Granadina a  
24 single goat breed? A molecular genetics approach. **Arquivo Brasileiro de Medicina  
Veterinária e Zootecnia**, v.62, n.5, p.1191-1198, 2010

- 1 MEDEIROS, S.B. **Estrutura populacional dos rebanhos da raça Saanen**  
2 **participantes do programa de melhoramento genético de caprinos leiteiros.**  
3 2011, 34p. Dissertação (Mestrado em Produção Animal). Universidade Federal  
4 Rural do Semiárido Mossoró-RN.
- 5 MENEZES, M.P.C.; MARTINEZ, A.M.; RIBEIRO, M.N. , et al. Caracterização  
6 genética de raças caprinas nativas Brasileiras utilizando-se 27 marcadores  
7 microssatélites. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.4, p.1336-1341, 2006.
- 8 METTA, M.; KANGINAKUDRU, S.; GUDISEVA, N. et al. Genetic characterization  
9 of the indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite  
10 markers – a preliminary study. **BMC Genetics** 2004, 5:16
- 11 MORAES, E.F.; SILVA, S.V.; LEAL, C.A.S.; et al. Polimorfismo genético da  $\alpha$ 1-  
12 caseína em cabras do semiárido do nordeste brasileiro. **Ciência Animal Brasileira**  
13 **- UFMG., GOIÂNIA, V. 11, N. 3, P. 695-699. 2010.**
- 14 MORAES, P.L.R.; & DERBYSHIRE, M.T.C. Diferenciação genética e Diversidade  
15 em populações naturais de *Cryptocarya Aschersoniana* Mez (lauraceae). **Biota**  
16 **Neotropica**, v3 (n1), 2003.
- 17 MURRAY, M.; TRAIL J.C.M.; D'IETEREN, G.D.M. Trypanotolerance in cattle and  
18 prospects for the control of trypanosomiasis by selective breeding. **Rev. sci. tech.**  
19 **Off. int. Epiz.**, 1990, 9 (2), 369-386
- 20 NARAIN, P. GENETIC DIVERSITY – Conservation and Assessment. **Current**  
21 **Science**, vol. 79, n. 2, 2000.
- 22 NEI, MASATOSHI. Analysis of Gene Diversity in subdivided populations.  
23 **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of**  
24 **America**. Vol. 70, n. 12, part I, p. 3321-3323, 1973.

- 1 OKOMO-ADHIAMBO, M. Characterization of genetic diversity in indigenous cattle  
2 of east Africa: use of micro satellite DNA techniques. **International Livestock**  
3 **Research Institute** (ILRI), Nairobi, Kenya, 2002
- 4 PARFITT, S.C & HUISMANS, H.H. Mitochondrial DNA analysis of two Southern  
5 African Indigenous cattle breeds. **South African Journal of Animal Science**.  
6 28(2). 1998
- 7 PEREIRA, F.; QUEIROS, S.; GUSMAO, L. et al. Tracing the History of Goat  
8 Pastoralism: New Clues from Mitochondrial and Y Chromosome DNA in North  
9 Africa. **Molecular Biology and Evolution**. 26(12):2765–2773. 2009
- 10 PÉREZ-PARDAL, L.; ROYO, L.J.; BEJA-PEREIRA, A. et al. Multiple paternal  
11 origins of domestic cattle revealed by y-specific interspersed multilocus  
12 microsatellites. **Heredity**, 105, 511–519. 2010
- 13 RAMALHO, M.A.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B. **Genética na agropecuária**.  
14 Editora UFLA, 2000.
- 15 REGITANO, L.C.A. & COUTINHO, L.L. **Biologia Molecular aplicada à produção**  
16 **animal**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2001.
- 17 REIS FILHO, J.C.; LOPES, P.S.; VERNEQUE, R.S.; et al. Population structure of  
18 Brazilian Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.12, p.2640-  
19 2645, 2010.
- 20 ROCHA, L.L.; BENÍCIO, R.C.; OLIVEIRA, J.C.V. Uso de polimorfismo de proteínas  
21 no estudo genético de caprinos da raça Moxotó. **Archivos de Zootecnia**. 56 (215):  
22 287-298. 2007.
- 23 RODRIGUES, D.S.; RIBEIRO, M.N.; OLIVEIRA, S.M.P. Estrutura populacional de  
24 um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciência**  
25 **Animal**, 19(1):103-110. 2009.

- 1 SERRANO, M.; CALVO, J.H.; MARTÍNEZ, M. et al. Microsatellite based genetic  
2 diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat  
3 breed. **BMC Genetics**, 10:61. 2009
- 4 SILVA, N.M.V.; RIBEIRO, M.N.; ROCHA, L.L.; et al. Caracterização da Esterase-D  
5 em caprinos da raça Canindé. **Archivos de Zootecnia**. 56 (Sup. 1): 467-471. 2007.
- 6 SILVA, N.M.V; RIBEIRO, M.N., ROCHA, L.L., et al. Polimorfismo Genético da  
7 leptina e do receptor do hormônio do crescimento em caprinos. **Archivos de**  
8 **Zootecnia**. 61 (234): 187-195. 2012.
- 9 SILVA, N.M.V; RIBEIRO, M.N.; LARA, M.A.C.; et al. Polimorfismo da  
10 Hemoglobina em caprinos da raça Canindé. In: IV Congresso Nordeste de  
11 Produção Animal, 2006, Petrolina, PE. **Anais...Petrolina: SOCIEDADE**  
12 **NORDESTINA DE PRODUÇÃO ANIMAL**. Pernambuco, 2006.
- 13 VALENTE, J., DURÃES, M.C., MARTINEZ, M.L., TEIXEIRA, N.M.  
14 **Melhoramento Genético de bovinos de leite**. Juiz de Fora:EMBRAPA gado de  
15 leite, 2001.
- 16 VASSALLO J.M, DÍAZ C., GARCÍA-MEDINA J.R, . A note on the population  
17 structure of the Avileña breed of cattle in Spain, **Livest Prod Science**15: 285-288,  
18 1986
- 19 VIJH, R.K.; TANTIA, M.S.; MISHRA, B. et al. Genetic relationship and diversity  
20 analysis of indian water buffalo (*Bubalus bubalis*). **Journal of Animal Science**,  
21 86:1495-1502. 2008
- 22 VILLELA, L.C.V. SILVA, E.C., CAETANO, A.R. et al. Seleção de caprinos Moxotó  
23 para núcleo de conservação a partir de marcadores microssatélites. In.: Anais da  
24 49a Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia A produção animal no  
25 mundo em transformação. **Anais...** Brasília, DF. Sociedade Brasileira de Zootecnia

- 1 VILLELA, L.C.V., PAIVA, S.R., FACÓ, O. *et al.* Conservação in situ de recursos  
2 genéticos animais no Brasil: espécies de pequeno porte - MEMÓRIA  
3 DESCRITIVA DO 1º WORKSHOP. DOCUMENTOS ONLINE 94, EMBRAPA,  
4 2009.
- 5 YANG, W.C.; TANG, K.Q.; MEI, J. *et al.* Genetic diversity analysis of an indigenous  
6 Chinese buffalo breed and hybrids based on microsatellite data. **Genetics and**  
7 **Molecular Research** 10 (4): 3421-3426. 2011
- 8 ZHOU, G.L.; H.G. JIN; ZHU, Q. *et al.* Genetic diversity analysis of five cattle breeds  
9 native to China using microsatellites. **Journal of Genetics**, Vol. 84, No. 1, 2005  
10

1  
2  
3  
4  
5  
6  
7  
8  
9  
10  
11  
12  
13  
14

**Capítulo 2**

**Demografia e análise de *pedigree* de populações da raça caprina Murciano-Granadina na Espanha**



1 **DEMOGRAFIA E ANÁLISE DE *PEDIGREE* DE POPULAÇÕES DA RAÇA**  
2 **CAPRINA MURCIANO-GRANADINA NA ESPANHA**

3 Oliveira,R.R<sup>1</sup> Ribeiro M.N<sup>1</sup> Plegezuelos, J. <sup>2</sup> León, J.M.<sup>2</sup>Brasil, L.H.A<sup>1</sup>

4 **RESUMO**

5 A análise demográfica de uma população diz respeito à investigação da  
6 composição populacional com relação à natalidade, mortalidade e migração.  
7 Assim, com o objetivo de avaliar a demografia de caprinos da raça Murciano-  
8 Granadina através de informações de genealogia, foram analisadas 24.444  
9 informações de *pedigree* coletadas entre os anos de 1992 e 2006, obtendo-se os  
10 seguintes resultados demográficos: 23.647 registros ou 96,74% são de fêmeas;  
11 13.641 registros ou 55,80% apresentam pelo menos um dos pais conhecidos,  
12 sendo que 12.120 ou 49,58% dizem respeito à informação paterna e 13.453 ou  
13 55,02% referem-se à informação materna; o IG médio foi de 2,77 anos; o  
14 número de reprodutores foi 797 com número de crias variando entre 1 e 123; o  
15 número total de criadores é de 49 com número de animais/rebanho, variando  
16 entre 1 e 2.585. Conclui-se que a baixa profundidade dos *pedigrees* foi  
17 limitante na obtenção de parâmetros mais acurados e mais precisos. Os  
18 rebanhos menores apresentaram taxa sexual menor e o IG médio encontrado  
19 demonstra que a população está sob intenso trabalho de melhoramento  
20 genético, o que pode comprometer a variabilidade genética no futuro.

21 **Palavras-Chave:** melhoramento genético, consanguinidade, número efetivo.

---

1 Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil.

2Universidade de Córdoba, Espanha.

1 **DEMOGRAPHICS AND *PEDIGREE* ANALYSIS IN POPULATIONS OF**  
2 **MURCIANO-GRANADINA BREED OF GOATS IN SPAIN**

3 Oliveira,R.R.<sup>3</sup> Ribeiro M.N.<sup>1</sup> Plegezuelos, J. <sup>4</sup> León, J.M.<sup>2</sup>Brasil, L.H.A<sup>1</sup>

4  
5 **ABSTRACT**

6 The demographic analysis of a population refers to the investigation of  
7 population composition regarding birth rate, mortality and migration. So,  
8 aiming at evaluating the demography of Murciano-Granadina goats through  
9 genealogic information, 24,444 *pedigree* data, collected between 1992 and  
10 2006 were analyzed. The demographic results obtained were: 23,647 entries or  
11 96.74% were females; 13,641 entries or 55.80% had at least one of the parents  
12 known, being 12,120 or 49.58% regarding paternal information and 13,453 or  
13 55.02% regarding maternal information; the average GI was 2.77 years; the  
14 number of male was 797 with the number of offspring varying from 1 to 123;  
15 the total number of breeders was 49 with the number of animals/herd varying  
16 from 1 to 2,585. We conclude that low depth of *pedigrees* was limiting in the  
17 process of getting more precise parameters. Smaller herds presented worse sex  
18 rate and the average GI found demonstrates that population is under intense  
19 genetic improvement work that can compromise genetic variability in the  
20 future.

21 **Key-words:** genetic improvement, inbred, effective number.

22  
23  

---

3 Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos, Recife, Pernambuco, Brasil.

4Universidade de Córdoba, Espanha.

# 1 INTRODUÇÃO

2 A análise demográfica de uma população diz respeito à investigação da  
3 composição populacional com relação à natalidade, mortalidade e migração. No caso de  
4 populações animais, os componentes de uma análise demográfica incluem as  
5 informações sobre os rebanhos; ano de nascimento; estação de nascimento; interação  
6 rebanho x ano de nascimento x estação de nascimento; número de lactações ou de  
7 partos; idade; intervalo de gerações; níveis de endogamia, número efetivo, dentre outras  
8 informações (LÉON *et al.*, 2005).

9 Estudos demográficos são importantes para compreender como uma população  
10 está organizada e que fatores podem alterar essa organização. Isso tem reflexo direto na  
11 diversidade intrarracial, pois afeta diretamente a estrutura da população, e esses  
12 elementos são essenciais para programas de conservação e melhoramento das raças.

13 Manter a diversidade genética é um dos principais objetivos da gestão de  
14 recursos genéticos (CABALLERO & TORO, 2000). Raças domésticas estão sujeitas à  
15 perda de diversidade genética pelo intenso aprimoramento e pelos efeitos da  
16 consanguinidade, uma vez que, quando ocorre seleção, a relação entre os animais  
17 reprodutores e a consanguinidade de suas progênes é mais alta do que quando ocorre  
18 deriva genética (HUBY *et al.* (2003).

19 Dentre os meios para se obter informações sobre estrutura populacional e  
20 distribuição demográfica, a análise das informações da genealogia ou do *pedigree*  
21 apresenta-se como um método eficaz e tem como principal vantagem o fato de ser “não  
22 invasivo”, ou seja, de não causar nenhuma intervenção no animal como coleta de  
23 sangue, tecido ou pelos, resultando em menos estresse aos animais e menor custo.

24 O objetivo deste trabalho foi fazer um estudo demográfico através da análise de  
25 *pedigree* da raça Murciano-Granadina, disponibilizando informações úteis para uso em

1 programas de melhoramento genético e como ferramenta para gestão genética de  
2 populações da raça.

3

#### 4 MATERIAL E MÉTODOS

##### 5 Banco de dados

6 Foram utilizadas informações de *pedigree* de caprinos da raça Murciano-  
7 Granadina proveniente da *Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza*  
8 *Murciano-Granadina* (CAPRIGRAN), da Espanha. O arquivo continha informações de  
9 *pedigree* obtidas entre os anos de 1992 e 2006, de modo que o banco de dados foi  
10 composto de identificação da cabra (tatuagem), identificação do pai e da mãe da cabra,  
11 data de nascimento da cabra e rebanho de origem, totalizando 24.444 registros.

12

##### 13 Análise estatística

14 A primeira etapa da análise consistiu da obtenção de *estatísticas descritivas*  
15 tendo como base a utilização de observações numéricas, acompanhado de técnicas de  
16 tabulação e representação gráfica dos dados (CORBELLINI & TODESCHINI, 2011).

17 Para proceder à análise descritiva os dados foram organizados em um banco de  
18 dados que continha informações referentes às tatuagens, as quais foram substituídas  
19 (renomeadas) por caracteres contendo apenas números, ordenados em sequência  
20 numérica. Os dados foram analisados através do Programa Endog, versão 4.8  
21 (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005).

22 *Intervalo médio de Gerações* – O intervalo de gerações foi estimado pelas quatro vias  
23 possíveis: pai-filho; pai-filha, mãe-filho e mãe-filha de acordo com HILL (1979) como:

24

$$25 \quad L = \frac{(Lmm+Lmf+Lfm+Lff)}{4}$$

1 Onde:  $L$  = intervalo médio de gerações;  $L_{mm}$  = intervalo médio entre pai-filho;  $L_{mf}$  =  
2 intervalo médio entre pai-filha;  $L_{fm}$  = intervalo médio entre mãe-filho;  $L_{ff}$  = intervalo  
3 médio entre mãe-filha.

4 *Tamanho efetivo da população ( $N_e$ )* – O tamanho efetivo ( $N_e$ ) foi obtido a partir da taxa  
5 de endogamia ( $\Delta F$ ), pela seguinte expressão:

6 
$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

7 Onde:

8  $\Delta F$  = incremento de consanguinidade.

9 *Número de gerações completas* – O número completo de gerações é obtido pela soma  
10 de todos os ancestrais conhecidos calculados como a soma de  $(1/2)^n$  onde  $n$  é o número  
11 de gerações que separa o indivíduo a cada ancestral conhecido.

12

13 *Número de gerações equivalentes* – é obtido pela soma de todas as gerações da  
14 proporção de ancestrais identificados em cada geração e pode ser obtido pela equação:

15 
$$\frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^{n_j} \frac{1}{2^{g_{ij}}}$$

16 Onde:

17  $N$  = total de animais na população referência;

18  $n$  = total de ancestrais do animal  $j$ ;

19  $g_{ij}$  = número de gerações entre o indivíduo  $j$  e seu ancestral  $i$ .

20

21

22

23

24

25

# 1 RESULTADOS E DISCUSSÃO

## 2 Dados demográficos

3 Na Tabela I, encontra-se um resumo da demografia da população de Murciano-  
4 Granadina. O número total de animais registrados foi de 24.444, sendo 797 machos e  
5 23.647 fêmeas, ou uma relação macho:fêmea de 1:30 aproximadamente.

6

7 **Tabela I.** Demografia do rebanho Murciano-Granadina, com base em análise de  
8 *pedigree*.

PARÂMETRO AVALIADO	NÚMERO DE OBSERVAÇÕES
Número total de animais	24.444
População Base (ao menos um dos pais conhecidos)	12.527
Número de animais da população referência	11.917
Número de animais que deram origem à população referência	5.828

9

10 Em programas de melhoramento genético, as técnicas de reprodução assistida  
11 permitem a formação de rebanhos constituídos exclusivamente por fêmeas, uma vez que  
12 a utilização de sêmen (congelado ou diluído) é prática comum. Para a conservação, um  
13 número reduzido de machos compromete a variabilidade genética da população. Essa  
14 tendência é comum nas demais raças caprinas da Espanha como mostra o estudo de  
15 LEÓN *et al.* (2005), que observaram apenas cerca de 8% de machos na raça Granadina.

16 O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) está descrito na Tabela II,  
17 composta pelo número de gerações completas traçadas (geração mais distante em que  
18 todos os ancestrais são conhecidos); o número máximo de gerações traçadas (número de  
19 gerações que separam o indivíduo a partir do seu antepassado mais distante); e o

1 número de gerações completas equivalentes (a soma de todos os antepassados  
2 conhecidos).

3 Os valores encontrados para os diferentes tipos de gerações são superiores aos  
4 valores mínimos preconizados pela FAO ( $N_e$  mínimo = 50). O  $N_e$  afeta a dinâmica da  
5 população que, por sua vez, pode influenciar na variação da taxa e tamanho da  
6 frequência alélica de determinada característica genotípica. Quando inferior ao mínimo,  
7 afeta diretamente a variabilidade com efeitos negativos para a conservação e o  
8 melhoramento.

9 Uma forma de garantir a conservação da raça seria dispor de maior número de  
10 machos, pois essa medida resultaria em aumento do número efetivo, diminuindo a  
11 probabilidade de acasalamentos consanguíneos na população. Ao considerar que a raça  
12 vem sendo submetida a um programa de melhoramento, há necessidade de rever os  
13 objetivos de forma a buscar equilíbrio entre ganho em produção e manutenção da  
14 variabilidade genética. Relações macho:fêmeas muito desbalanceadas, caracterizam  
15 uma super utilização de machos, fato que pode comprometer a variabilidade genética do  
16 rebanho.

17 **Tabela II.** Número de geração ( $NG$ ), incremento de consanguinidade por geração  
18 ( $\Delta F\%$ ) e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) para os três tipos de gerações consideradas

Parâmetro	Gerações		
	Máxima	Completa	Equivalente
$NG$	0,87	0,49	0,64
$\Delta F\%$	0,29	0,37	0,43
$N_e$	170,91	133,34	116,02

19

20 Quando se analisa os rebanhos por grupos de criadores (Tabela III), o  
21 desequilíbrio entre quantidades de machos e fêmeas fica ainda mais evidente. Observa-  
22 se que 46,8% dos animais registrados pertencem a apenas nove produtores, aqueles que

1 possuem plantéis com mais de 1.000 cabeças. Os criadores do Grupo I, que agrega  
 2 produtores com no máximo 50 animais, parece ter grande dificuldade na aquisição de  
 3 reprodutores pois esses rebanhos contêm apenas fêmeas. Em ambas as situações, o  
 4 número muito reduzido de reprodutores é reflexo do uso de sêmem via inseminação, o  
 5 que pode levar a duas situações distintas: favorecer a entrada de material genético  
 6 oriunda de outros plantéis, colaborando para manutenção da variabilidade genética, ou  
 7 super utilizar poucos reprodutores comprometendo a variabilidade.

8 Ao considerar esses achados, devem ser buscadas formas alternativas de cálculo  
 9 do número efetivo tendo em vista o uso de inseminação artificial de forma a se ter um  
 10 valor real, pois, da forma como é feito, o valor fica subestimado e não representa a  
 11 realidade.

12 A inseminação artificial, principal método de reprodução da caprinocultura  
 13 leiteira, facilita o fluxo de genes entre rebanhos, contudo, quando não há entrada de  
 14 novos machos nos rebanhos (troca de reprodutores entre rebanhos), ou controle de  
 15 utilização, pode ocorrer aumento da homozigose e fixação dos genes desses poucos  
 16 indivíduos.

17 **Tabela III.** Número de rebanhos (*N*) por grupo de criadores, separados por sexo  
 18 (machos e fêmeas) no período estudado

<b>Grupo</b>	<b>N</b>	<b>Machos</b>	<b>Fêmeas</b>	<b>Total</b>	<b>%</b>
<b>I (1-50 animais)</b>	06	0	103	103	0,42
<b>II (51-200 animais)</b>	12	25	1.498	1.523	6,23
<b>III (201-400 animais)</b>	13	119	3.548	3.667	15,00
<b>IV (401-600 animais)</b>	05	81	2.577	2.658	10,87
<b>V (601-1.000 animais)</b>	07	182	4.874	5.056	20,68
<b>VI (&gt; 1.000 animais)</b>	09	390	11.047	11.437	46,80
					<b>100</b>

19

20 As estimativas do Intervalo de Gerações (*IG*) para as passagens gaméticas pai-  
 21 filha e, mãe-filha estão representadas na Tabela IV. O *IG* encontrado reflete a passagem



1 rápida dos reprodutores nos rebanhos e revela a forte pressão de seleção praticada. O  
 2 valor médio em anos foi de 2,77, bem próximo do descrito por LÉON *et al.* (2005) que  
 3 encontraram média de 2,64 anos em populações de cabras Granadina. RODRIGUES *et*  
 4 *al.* (2009) estudando ovinos Morada Nova obtiveram *IG* médio de 5 anos, AMARAL *et*  
 5 *al.* (2012) encontraram *IG* médio de 3,85 anos para ovinos crioulos e BARROS *et al.*  
 6 (2011) encontraram média de 5,28 anos em caprinos Marota, no Brasil, o que é  
 7 esperado pois os rebanhos de raças nativas do Brasil em geral não estão submetidas a  
 8 programas de seleção, o que justifica os maiores valores de *IG* registrados na literatura.  
 9 TOMAR *et al.* (2000) obtiveram *IG* médio inferior aos obtidos no presente trabalho  
 10 (2,04 anos) para cabras da raça Beetal.

11 Em raças alvo de programas de conservação, maiores valores de *IG* são  
 12 desejáveis, pois isso favorece maior tempo de permanência dos animais no rebanho,  
 13 aumentando a contribuição genética dos reprodutores. Para o melhoramento genético,  
 14 no entanto, quanto menor for o intervalo de gerações, mais rápida será a taxa de ganho  
 15 genético. Em caprinos leiteiros sob seleção e melhoramento genético, o *IG* médio ideal  
 16 é de 2,5 anos. Assim sendo, esse é um parâmetro importante a ser monitorado,  
 17 dependendo do objetivo da criação.

18

19 **Tabela IV.** Intervalo de Gerações (em anos) e erro-padrão para as quatro passagens  
 20 gaméticas no *Pedigree* das populações de Murciano-Granadina estudadas

<b>PEDIGREE COMPLETO*</b>			
<b>TIPO GAMÉTICO</b>	<b>N</b>	<b>ANOS</b>	<b>ERRO-PADRÃO</b>
PAI-FILHA	3118	3,07	0,020
MÃE-FILHA	3716	2,51	0,023
MÉDIA	6.835	2,77	0,016

1 \*Apesar de existem quatro tipos gaméticos (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha),  
2 foram considerados apenas dois (pai-filha e mãe-filha), pela ausência de informações a  
3 cerca de pai-filho e mãe-filho.

4

5 Os animais usados no presente estudo foram nascidos entre os anos de 1992 e  
6 2006 (com média de 1.629 nascimentos/ano), sendo o ano de 1993 o de menor registros  
7 com 37 inscrições (0,15% do total) e o ano de 2005 o de maior registros com 3.708  
8 inscrições (15,17% do total). Aproximadamente, 91% dos nascimentos aconteceram nos  
9 últimos 10 anos (tabela V), evidenciando o crescimento e fortalecimento da associação  
10 de criadores. Contudo, os registros não seguem um padrão crescente ao longo dos anos,  
11 com flutuações na quantidade de registros ao longo do período estudado.

12 A redução no número de registros em determinados anos pode ser reflexo de  
13 alterações ambientais que causam diminuição na disponibilidade de forragens (invernos  
14 rigorosos ou verões mais secos), mudanças de mercado (como por exemplo, baixo preço  
15 pago pelo litro de leite), ou ainda, aumento no custo dos insumos e, conseqüentemente,  
16 aumento do custo de produção.

17

18 **Tabela V.** Distribuição do número total de animais, número de reprodutores, frequência  
19 de registros (em relação ao total) e frequência acumulada por ano de nascimento, para  
20 os rebanhos avaliados da raça Murciano-Granadina

<b>Ano</b>	<b>Total de Registros</b>	<b>Reprodutores</b>	<b>Frequência</b>	<b>Frequencia Acumulada</b>
<b>1992</b>	38	01	0,15%	0,15%
<b>1993</b>	37	01	0,15%	0,30%
<b>1994</b>	295	34	1,21%	1,51%
<b>1995</b>	462	27	1,90%	3,40%
<b>1996</b>	1.281	59	5,24%	8,64%
<b>1997</b>	1.180	06	4,83%	13,47%
<b>1998</b>	1.006	76	4,11%	17,59%
<b>1999</b>	1.285	75	5,26%	22,84%
<b>2000</b>	2.132	95	8,72%	31,56%
<b>2001</b>	2.181	115	8,92%	40,49%

<b>2002</b>	2.767	100	11,32%	51,81%
<b>2003</b>	2.824	75	11,55%	63,36%
<b>2004</b>	2.843	96	11,63%	75,00%
<b>2005</b>	3.708	37	15,17%	90,16%
<b>2006</b>	2.405	0	9,84%	100%
<b>Média</b>	1.629,6	53,13	-	-
<b>Total</b>	<b>24.444</b>	<b>797</b>	<b>100%</b>	<b>100%</b>

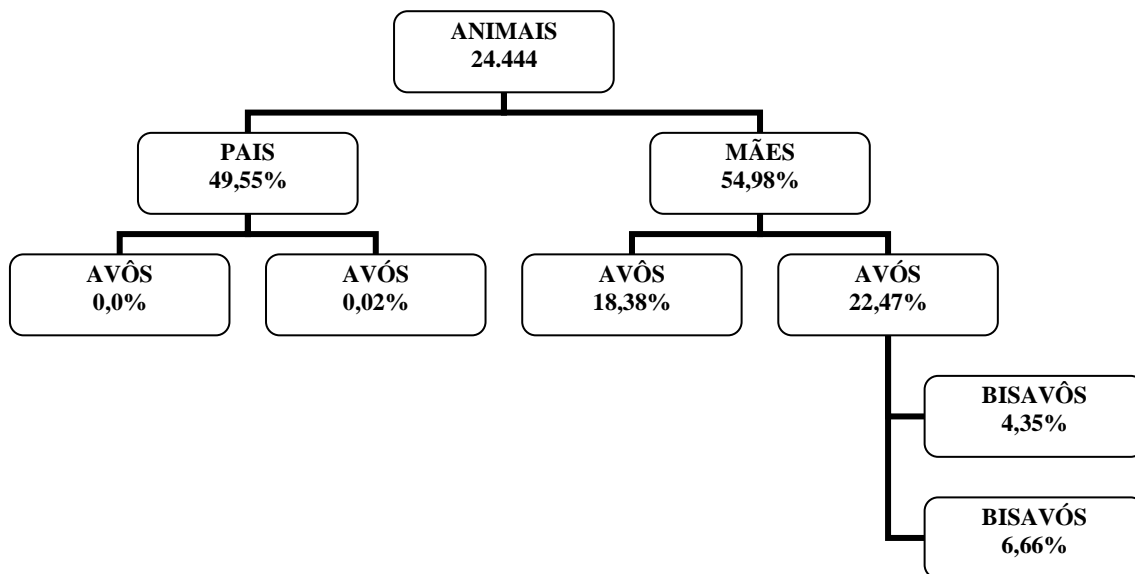
1

2 Observou-se que o número de animais registrados variou de 1 a 3.708 com  
3 média aproximada de 499 animais registrado/criador. O aumento no número de  
4 registros durante os anos de observação reflete o fortalecimento da associação de  
5 criadores e a valorização da raça, fato também observado por POTO *et al* (2010) que  
6 atribuíram essa tendência de crescimento ao aumento dos criadores com maiores  
7 insumos.

8 Do total de informações de *pedigree* avaliadas, 12.111 possuem apenas  
9 informação do pai; 13.440 contêm apenas informações maternas; 11.920 registros com  
10 informações completas (pai e mãe); e 10.810 animais sem informações de pai e mãe, os  
11 quais foram considerados fundadores.

12 As informações dos ascendentes de um indivíduo (pais, avós e bisavós)  
13 permitem estimar o valor genético de reprodutores de forma precisa sendo a base de um  
14 programa de melhoramento. Também permite melhor monitoramento dos  
15 acasalamentos, evitando aumento da endogamia e, conseqüentemente, o surgimento de  
16 defeitos genéticos e/ou decréscimo nas taxas reprodutivas. O total de animais com  
17 dados de *pedigree* completos representa 48% do total, valor que indica baixa  
18 estruturação do *pedigree* (Figura 1), o que pode comprometer a avaliação da real  
19 situação da população.

20



1

2 Figura 1. Representação do *pedigree* dos animais da raça Murciano-Granadina

3

4 O grau de profundidade dos *pedigrees* tem reflexo direto nas estimativas de  
 5 parâmetros importantes como a consanguinidade, por exemplo. Assim, quanto mais  
 6 completas as informações e quanto maior o número de gerações conhecidas, mais  
 7 precisas serão as estimativas dos parâmetros que dele dependem.

8 Na Espanha, em geral, as raças possuem livro genealógico estruturados com  
 9 grande número de informações armazenadas ao longo dos anos que vão desde registros  
 10 de tatuagens e informações sobre genealogia (CAPRIGRAN) até o controle leiteiro  
 11 rigoroso (Núcleo de Controle Leiteiro da Região de Murcia - NUCOLEMUR). Registro  
 12 Genealógicos são utilizados principalmente pelas Associações que adotam programas de  
 13 melhoramento. No Brasil, isso é comum em bovinos (Associação Brasileira dos  
 14 Criadores de Zebu – ABCZ, Associação Brasileira dos Criadores de Bovinos da Raça  
 15 Holandesa – ABCBRH). Nos caprinos e ovinos muito ainda precisa ser feito e a  
 16 estruturação de *pedigrees* depende da consolidação das associações. Além de ser  
 17 importante para o desenvolvimento organizado da produção dos pequenos ruminantes

1 domésticos, o registro genealógico agrega, também, valor comercial aos animais  
2 (ARAÚJO & SIMPLÍCIO, 2000).

3 Estudo realizado por RODRIGUES *et al.* (2009) com a raça Morada Nova, no  
4 Brasil, mostrou que 80% dos animais tinham informação dos pais conhecida até a 5<sup>a</sup>  
5 geração, indicativo de uma boa gestão do livro genealógico pela associação, o que é  
6 muito interessante para o estabelecimento de estratégias de conservação e  
7 melhoramento. PEDROZA *et al.* (2010) observaram informações genealógicas até a 12<sup>a</sup>  
8 geração em ovinos Santa Inês, com de 77% de informações completas para 1<sup>a</sup> geração e  
9 59% para 2<sup>a</sup>.

10

## 11 **CONCLUSÃO**

12 As informações genealógicas analisadas neste trabalho permitiram a obtenção de  
13 informações importantes acerca da distribuição demográfica da população de caprinos  
14 da raça Murciano-Granadina da Espanha, revelando o manejo reprodutivo praticado  
15 durante os 15 anos de observação, sendo úteis para a gestão genética adequada desse  
16 recurso genético.

17

## 1 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- 2 AMARAL, B.C.; SILVA, D.B.S., BANARI, A.C.; *et al.* Análise de parâmetros  
3 populacionais a partir do pedigree de ovinos crioulos do Pantanal. In. IX Simpósio  
4 Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, PB 2012. **Anais...** João Pessoa:  
5 SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL. Paraíba, 2012
- 6 ARAÚJO, A.M. & SIMPLÍCIO, A.A. Melhoramento genético em caprinos e ovinos no  
7 Brasil: importância do padrão racial. In. III Simpósio Nacional de Melhoramento  
8 Animal, 2012, João Pessoa, PB. **Anais...** João Pessoa: SOCIEDADE BRASILEIRA  
9 DE MELHORAMENTO ANIMAL. Paraíba, 2012
- 10 BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O.; ARAÚJO, A.M. Estrutura  
11 populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de**  
12 **Zootecnia.** 60 (231): 543-552. 2011
- 13 CABALLERO, A., TORO, M.A. Interrelations between effective populations size and  
14 other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetics**  
15 **Research** 75, 331-343. 2000.
- 16 CORBELLINI, L.G., TODESCHINI B. Usos práticos da epidemiologia aplicados em  
17 programas de saúde Animal. VI SINSUI. In: Simpósio Internacional de  
18 Suinocultura. Porto Alegre. **Anais...** Porto Alegre, 2011.
- 19 GUTIÉRREZ, J.P & GOYACHE , F. A note on ENDOG: a computer program for  
20 analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122:  
21 172-176. 2005
- 22 HILL, W.G. A note on effective population size with overlapping generations. **Genetics**  
23 92: 317-322 May, 1979.

- 1 HUBY, M., GRIFFON, L., MOUREAUX, S., et al. Genetic variability of six french  
2 meat sheep breeds in relation to their genetic management. **Genetics, Selection and**  
3 **Evolution**. 35, 637-655.2003
- 4 LEÓN, J.M, LOZANO, J.M., MARTÍNEZ, A., et al. Análisis demográfico de La cabra  
5 Granadina como base para El desarrollo de su esquema de selección. **Archivos de**  
6 **Zootecnia**, vol.54, pp. 311-315. 2005
- 7 PEDROZA, V.B.; SANTANA JR., M.L.; OLIVEIRA, P.S. et al. Population structure  
8 and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small**  
9 **Ruminant Research**. 2010
- 10 POTO, A.; LOBERA, J.B.; PEINADO, B. Razas autóctonas de Murcia. Estimación Del  
11 censo y aptitudes. **Archivos de Zootecnia**. 49:107-114. 2000.
- 12 RODRIGUES, D.S.; RIBEIRO, M.N.; OLIVEIRA, S.M.P. Estrutura populacional de  
13 um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciência**  
14 **Animal**, 19(1):103-110,2009.
- 15 TOMAR, S.S.; ARUN, K. & SINGH, R.B. Population analysis of a flock of Beetal  
16 goats for demographic parameters. **Indian Journal of Animal Research** 34(2) 133-  
17 135, 2000
- 18
- 19
- 20

1

2

3

4

5

6

7

8

9

10

### **Capítulo 3**

11

**Estrutura populacional da raça caprina Murciano-Granadina da Espanha com**

12

**base em análise de *pedigree***

13





1 **POPULATION STRUCTURE OF MURCIANO-GRANADINA GOATS BREED**  
2 **OF SPAIN BASED ON *PEDIGREE* ANALYSIS**

3  
4 **ABSTRACT**

5  
6 The present paper aimed at evaluating the population structure of Murciano-  
7 Granadina goats through *pedigree* analysis. Estimates were done for the  
8 number of complete generations, complete generation equivalent, effective  
9 number of founders (*fe*); effective number of ancestors (*fa*); inbreed coefficient  
10 (*F*-statistics) and average relatedness coefficient (*AR*). 24,444 registries of  
11 *pedigrees* of goats born between 1992 and 2006 were used. The *fe/fa* relation  
12 was quite close to the ideal, but the bigger part of genetic contribution of the  
13 herd was concentrated in just 1.5% of the animals. The average relatedness  
14 coefficient (*AR*) was small, varying between 0.04 and 0.09%, indicating that  
15 genetic variability in the breed is still substantial. The average inbreed (*F*)  
16 varied between 0.79% and 1.19% and the values obtained to the inbreed  
17 coefficients  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  and  $F_{ST}$  were -0.003, 0.04 and 0.001, respectively.  
18 Heterozygosis observed (*Ho*) and estimated (*He*) were 0.02% and 0.18%,  
19 respectively. Nei's genetic distance was 0.004. The conclusion was that there is  
20 substantial genetic variability in the populations studied. The genetic  
21 concentration of the breed in few animals generates the need for bigger  
22 attention to the program of improvement, through directing mating in order to  
23 achieve balanced use of available male.

24  
25 **Key-words:** genetic diversity, heterozygosis, inbreed.

26  
27  
28  
29

## 1 INTRODUÇÃO

2 Os caprinos desempenham uma importante função social e econômica em várias  
3 regiões rurais ao redor do mundo (CASTEL *et al.*, 2010). São animais que possuem  
4 habilidade de adaptação a sistemas de produção intensivos (altas produções) e  
5 ambientes desfavoráveis a outras espécies domésticas.

6 Segundo SALMAN (2007), o *valor adaptativo* ou “*fitness*” refere-se à maior  
7 probabilidade de determinado indivíduo deixar descendentes, ou seja, indivíduos mais  
8 bem adaptados a um determinado ambiente têm chance maior de sobreviver e procriar.  
9 Para que isto ocorra, a existência de variabilidade genética entre os indivíduos é  
10 essencial para que as mudanças adaptativas aconteçam (ALLENDORF & LUIKART,  
11 2006).

12 A variação na composição genética só é possível quando existe *diversidade*  
13 *genética* (FRANKHAM *et al.*, 2010). A diversidade genética é manifestada por  
14 diferenças em muitas características que vão desde a cor da pelagem, presença ou  
15 ausência de chifres, ou uma sequência específica de proteínas. As variações genéticas  
16 são investigadas em estudos sobre as relações entre indivíduos e populações dentro de  
17 cada raça, ou seja, quando o interesse é saber qual o parentesco entre indivíduos, se  
18 existe ou não fluxo gênico entre populações ou qual o *status* de conservação de uma  
19 raça em particular. As diferenças entre os indivíduos podem ser de origem genética,  
20 ambiental, ou oriundas da interação entre esses dois elementos.

21 A composição genética de uma população pode ser acessada pelo estudo dos  
22 diversos elementos que a compõe. Dentre esses elementos podem ser citados a  
23 heterozigosidade observada e esperada, número efetivo, número efetivo de fundadores e  
24 de ancestrais, estatística *F* de Wright ( $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$ ), distância genética, equilíbrio de  
25 Hardy-Weinberg, taxas de consanguinidade, coeficiente médio de parentesco, intervalo

1 de gerações, contribuição genética de rebanhos para a estrutura genética da raça  
2 estudada, dentre outros.

3 Muitos estudos têm sido feitos no Brasil e no mundo sobre estrutura genética de  
4 populações com dados de marcadores (OLIVEIRA *et al.*, 2005; EGITO *et al.*, 2004;  
5 COSTA *et al.*, 2009; ARORA *et al.*, 2006; CHIKHI *et al.*, 2004), os quais permitem  
6 conhecer a variabilidade ao nível do DNA. Os marcadores genéticos são *loci* que  
7 apresentam características detectáveis que diferenciam os indivíduos de determinada  
8 população, demonstrando variações entre indivíduos e grupos de animais (MENEZES *et*  
9 *al.*, 2006). Os marcadores moleculares são usados atualmente, tanto para a seleção de  
10 características de difícil mensuração como susceptibilidade ao estresse ou resistência a  
11 doenças como para identificação e quantificação da variabilidade genética.

12 Dados de *pedigree* também são bastante úteis em estudos de estrutura  
13 populacional através dos quais é possível avaliar o nível de endogamia, o tamanho  
14 efetivo, a diversidade genética e diversos outros parâmetros populacionais importantes  
15 (CARNEIRO *et al.*, 2009; AMARAL *et al.*, 2012; FARIA *et al.*, 2004; BARROS *et al.*,  
16 2011), com a vantagem do baixo custo e da simplicidade de obtenção em comparação  
17 ao uso de marcadores moleculares (CARNEIRO *et al.*, 2009).

18 Dentre as raças caprinas espanholas a Murciano-Granadina destaca-se por sua  
19 capacidade de adaptação e pelos níveis de produção de leite sendo por isso  
20 frequentemente alvo de pesquisas (GÓMEZ *et al.*, 2006 - reprodução; MARÍN *et al.*,  
21 2011 – exigências nutricionais; FERNÁNDEZ *et al.*, 2009 – qualidade do leite ). Para a  
22 conservação os trabalhos com a raça fazem uso tanto de metodologias moleculares  
23 (JIMÉNEZ-GAMERO *et al.*, 2006; MARTINEZ, *et al.*, 2007; ARAÚJO *et al.*, 2008;  
24 MARTÍNEZ *et al.*, 2010; RIBEIRO *et al.*, 2012), como genealógicas (LÉON *et al.*,  
25 2005) para elucidar questões relacionadas à diversidade genética. Contudo, estudos

1 populacionais com uso de *pedigrees* como ferramenta principal, ainda são escassos. Isto  
2 se deve, principalmente, ao fato de que, são poucas as associações de criadores da raça  
3 que mantêm um nível de estruturação que permita armazenar informações suficientes  
4 (LÉON *et al.*, 2005).

5 Assim, objetivou-se com este trabalho avaliar a estrutura populacional de  
6 caprinos da raça Murciano-Granadina, a partir da análise de *pedigree*, como ferramenta  
7 para a conservação e o melhoramento.

8

## 9 MATERIAL E MÉTODOS

10 Foram analisadas 24.444 informações de *pedigree* de caprinos da raça  
11 Murciano-Granadina coletadas entre os anos de 1992 e 2006, distribuídos em 49  
12 rebanhos. O banco de dados foi composto pela identificação de cada animal (número da  
13 tatuagem), sexo, data de nascimento, rebanho de origem, identificação dos pais (quando  
14 havia) fornecidos pela *Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza*  
15 *Murciano-Granadina* (CAPRIGRAN).

16 O arquivo final foi organizado de forma que a categoria I constituiu a população  
17 de fundadores (animais dos quais não se conhecia o pai e a mãe) enquanto que a  
18 população referência foi formada por animais filhos de pais conhecidos e cuja data de  
19 nascimento era conhecida (categoria II). Os dados genealógicos foram analisados  
20 utilizando-se o programa Endog, versão 4.8 (GUTIERRÉZ & GOYACHE, 2005). A  
21 estrutura populacional foi avaliada através do número efetivo de animais fundadores,  
22 número efetivo de ancestrais, coeficiente de consanguinidade (estatística *F* de Wright),  
23 heterozigosidade observada e esperada, distância genética, equilíbrio de Hardy-  
24 Weinberg e coeficiente médio de parentesco (*AR*).

25

1 *Número efetivo de animais fundadores* – o fundador é definido como um animal sem  
2 nenhuma relação genética conhecida com qualquer outro animal no *pedigree*, exceto  
3 com seus próprios descendentes. O número efetivo de fundadores (*fe*) é definido como o  
4 número de fundadores que produziria uma população com a mesma diversidade de  
5 alelos fundadores como na população do *pedigree*, se todos os fundadores tiverem  
6 contribuído igualmente para cada geração descendente e, enquanto o número de  
7 descendentes permaneceram os mesmos (LACY, 1989).

8 O número efetivo de animais fundadores pode ser obtido pela expressão:

9 
$$fe = \frac{1}{\sum(pi^2)}$$

10 Onde:

11 *pi* = proporção de genes da população descendente viva, com contribuição do fundador  
12 *i*.

13 *Número efetivo de ancestrais* – a quantidade de diversidade genética dos fundadores que  
14 é mantida na população atual pode ser medida pelo balanço das contribuições dos  
15 indivíduos fundadores. O número efetivo de ancestrais (*fa*) é o número mínimo de  
16 ancestrais, não necessariamente fundadores, que explica a diversidade genética  
17 completa de uma população e foi obtido pela com apoio do endog 4.8 (GUTIÉRREZ &  
18 GOYACHE, 2005) pela equação:

19 
$$fa = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

20

21 Onde:

22 *qj* = contribuição marginal de um ancestral *j*, que é a contribuição genética feita por um  
23 antepassado que não é explicada por outros antepassados escolhido antes.

24

1 *Coeficiente de consanguinidade individual (F)* – o coeficiente de consanguinidade  
2 individual refere-se à probabilidade de um indivíduo ter dois alelos idênticos por  
3 descendência. O aumento da consanguinidade ( $\Delta F$ ) foi calculado segundo LUO (1992):

4 
$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

5 Onde:

6  $F_T$  = coeficiente médio de consanguinidade na geração atual;

7  $F_{T-1}$  = coeficiente médio de consanguinidade estimado para a geração anterior.

8

9 *Coeficiente médio de parentesco (AR)* – O AR foi calculado de modo a fornecer  
10 informações sobre a representação do animal em relação ao *pedigree* como um todo  
11 (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005).

12

13 *Heterozigosidade Observada e Esperada ( $H_o$  e  $H_e$ )* – A heterozigosidade é uma medida  
14 de variabilidade genética. As Heterozigosidades observadas ( $H_o$ ) e esperadas ( $H_e$ )  
15 foram calculadas de acordo com as expressões abaixo, descritas por NEI (1978).

16 
$$H_o = \frac{\text{número de heterozigotos em cada loco}}{\text{número total de indivíduos pesquisados}}$$

17

18 
$$H_e = 1 - \sum p_i^2$$

19 Onde  $p_i$  é a frequência estimada do  $i$ ésimo alelo.

20

21

22 A estatística *F-Wright* ( $F_{IS}$ ,  $F_{ST}$ ,  $F_{IT}$ ) foi obtida pela equação:

23

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS}) \cdot (1 - F_{ST})$$

24

1 Onde,

2  $F_{IT}$  = índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade em **toda** a população;

3  $F_{ST}$  = índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade **entre** populações devido à

4 subdivisão, e;

5  $F_{IS}$  = índice de fixação ou coeficiente de consanguinidade **dentro** da população, isto é,

6 consanguinidade média entre indivíduos dentro de toda população.

7

8 *Distancia Genética de Nei (DA)* – Refere-se à distância genética entre duas populações

9 e foi estimada segundo NEI (1972).

10 
$$D = 1 - \hat{I}$$

11 Onde,

12  $\hat{I}$  = índice de identidade genética (baseia-se em frequências alélicas de locos

13 homólogos nas diferentes populações).

14

15 *Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW)* - As frequências alélicas esperadas foram

16 estimadas a partir das frequências observadas, obedecendo-se o equilíbrio de *Hardy-*

17 *Weinberg*.

18

## 19 **RESULTADOS E DISCUSSÃO**

20 Na tabela I é apresentado o resumo da estrutura da população. A relação  $f_e/f_a$  foi

21 muito próxima do ideal (1) apesar de maior parte da contribuição genética do rebanho

22 ter se concentrado em poucos animais (1,5%). Isso varia de raça para raça e resulta de

23 manejo genético que enfatiza o uso de poucos reprodutores em detrimento dos demais.

24 No Brasil, essa tendência de supervalorização e uso intensivo de poucos animais tem

25 contribuído para relação  $f_e/f_a$  muito aquém do ideal. Segundo RODRIGUES *et al.*



1 (2009), esta relação desigual leva a população a forte gargalo genético por concentrar  
 2 genes de poucos indivíduos na população. Quanto maior o valor da relação  $f_e/f_a$ , maior  
 3 será a intensidade do gargalo genético na população. Altos valores de  $f_e/f_a$  são descritos  
 4 por CUNHA *et al.* (2008) na raça caprina Canindé (4,61), ARAÚJO *et al.* (2008) na  
 5 raça Moxotó (7,12) e GUIMARÃES *et al.* (2012) ovinos Santa Inês (3,03).

6 Em populações que participam de programas de melhoramento, o uso de  
 7 técnicas de reprodução, como a inseminação artificial, favorece a utilização intensiva de  
 8 poucos reprodutores, o que tem grandes reflexos sobre a estrutura da população,  
 9 sobretudo se um manejo genético adequado não é feito.

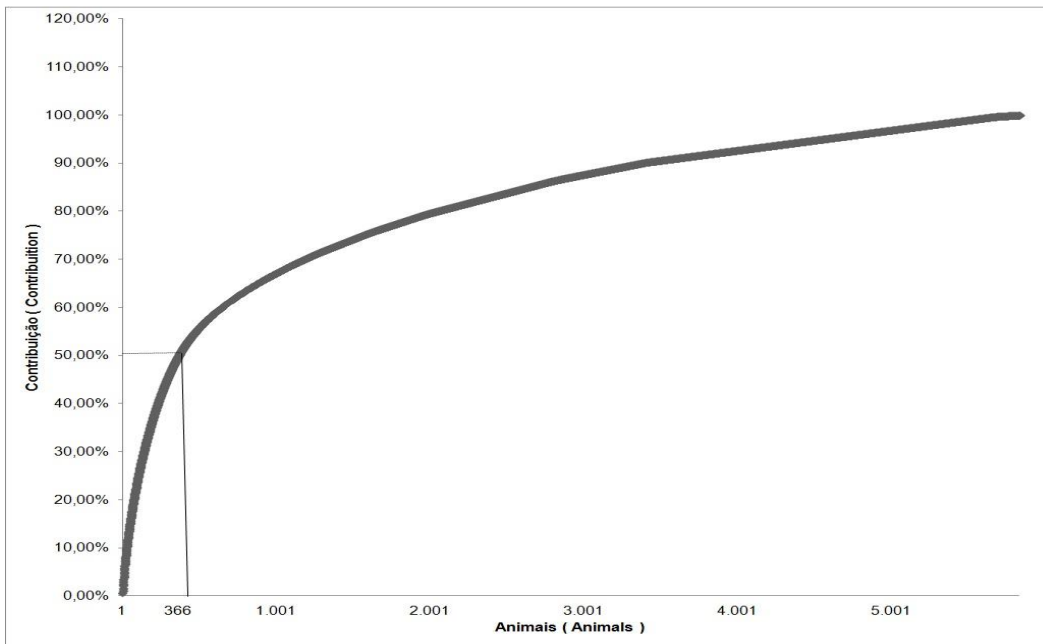
10 A contribuição dos ancestrais para a formação da população referência pode ser  
 11 vista na Figura 1. Observa-se que um número pequeno de ancestrais explica a maior  
 12 parte da variabilidade genética da população estudada.

13

14 **Tabela I.** Estrutura da população do rebanho Murciano-Granadina, com base em análise  
 15 de *pedigree*

PARÂMETRO AVALIADO	NÚMERO DE OBSERVAÇÕES
Número total de animais	24.444
População Base (ao menos um dos pais conhecidos)	12.527
Número de animais da população referência	11.917
Número de animais que deram origem à população referência	5.828
Número efetivo de Ancestrais ( $f_a$ )	965
Número efetivo de animais Fundadores ( $f_e$ )	967
Número de ancestrais que explicam 50%	366
$F$ (%)	0,18
AR (%)	0,03

16



1

2 Figura 1. Contribuição acumulada de genes ancestrais da população referência do  
 3 rebanho Murciano-Grandina

4 Na Tabela II, estão os principais fundadores e ancestrais da população em  
 5 estudo, em número bastante reduzido (4). O animal que mais contribuiu para o rebanho  
 6 deixou 80 descendentes. Observa-se que os animais fundadores não se mantêm como  
 7 ancestrais fato que pode ser explicado pela baixa quantidade de reprodutores machos  
 8 usados no período estudado (797 indivíduos), o que promoveu desequilíbrio na relação  
 9 macho:fêmea. No ano de início da formação do banco de dados (1992), observa-se a  
 10 existência de apenas 1 macho para 38 fêmeas, já no último ano (2006) dos 2.404  
 11 animais registrados, nenhum é macho. Percebe-se que esse desequilíbrio contribuiu para  
 12 a grande diferença observada entre o número de filhos de animais fundadores em  
 13 relação aos ancestrais, resultando em baixa quantidade de machos em reprodução.

14 A relação macho:fêmea ideal para caprinos é de 1:50 (RIBEIRO, 1998), porém,  
 15 em rebanhos alvos de programas de conservação, a relação ideal deve ser de 1:10. Em  
 16 países onde o melhoramento genético é intenso, como é o caso da Espanha, o controle  
 17 leiteiro e o teste de progênie são essências para a escolha de novos reprodutores,

1 direcionando o melhoramento genético para a formação de uma população mais  
 2 produtiva. Dessa forma, uma das características do banco de dados trabalhado são o  
 3 registro de fêmeas e suas produções de leite, com muito pouca informação sobre  
 4 reprodutores machos.

5 A necessidade de manutenção da diversidade genética da raça em níveis  
 6 adequados à conservação também deve ser considerada, já que se trata de uma raça  
 7 local de grande importância para o país e a região onde está localizada e como recurso  
 8 genético nacional.

9  
 10 **Tabela II.** Descrição dos ancestrais e fundadores que mais contribuíram para a  
 11 variabilidade genética do rebanho de Murciano-Granadina

<b>FUNDADORES</b>				
<i>Animal</i>	<i>Sexo</i>	<i>Ano de nascimento</i>	<i>Contribuição (%)</i>	<i>N. de crias</i>
3553	Macho	1998	0,58%	107
2025	Macho	1996	1,12%	88
9995	Macho	2002	1,64%	123
2783	Macho	1997	2,13%	80
<b>ANCESTRAIS</b>				
3552	Fêmea	1998	0,58%	1
2030	Fêmea	1996	1,12%	0
10007	Macho	2002	1,63%	13
2787	Fêmea	1997	2,13%	3

12  
 13 Os rebanhos que mais contribuíram para diversidade genética da população  
 14 estão descritos na tabela III. Dos 49 rebanhos avaliados, quatro apresentam maior  
 15 contribuição genética para a população tendo contribuído com 42,5% da diversidade  
 16 genética da raça. Contudo, dos animais considerados fundadores (tabela II), apenas os

1 animais 2025 e 9995 pertencem aos rebanhos tidos como de maior contribuição genética  
2 para a população, 30 e 3, respectivamente. Paralelamente a esse fato, o número efetivo  
3 de ancestrais é diferente do número efetivo de fundadores. O uso de técnicas avançadas  
4 de reprodução onde poucos machos são utilizados de forma mais intensa tem  
5 contribuído para redução da diversidade genética e compromete a manutenção da  
6 genética de origem da raça.

7 **Tabela III.** Contribuição dos fundadores por rebanho da raça Murciano-Granadina

REBANHO	CONTRIBUIÇÃO NA POPULAÇÃO (%)
30	11,44%
19	10,72%
2	10,28%
3	10,06%

8

9 A consanguinidade média e o coeficiente médio de parentesco (*AR*), obtidos  
10 com base no número de gerações máximas, estão descritos na Tabela IV. Apesar do uso  
11 intensivo de alguns reprodutores, o *AR* mostrou-se baixo variando entre 0,04 e 0,09%,  
12 indicando que ainda existe boa variabilidade genética na raça, conforme valores  
13 referência propostos pela FAO (1998). BARROS *et al.* (2011), ao estudar a estrutura  
14 genética da raça Marota com dados de *pedigree*, encontraram valores semelhantes para  
15 *AR* que foi de 0,043%. Já ARAÚJO *et al.* (2008) encontraram valores bem acima destes  
16 (*AR* 2,12%) para caprinos da raça Moxotó, indicativo de aumento de consanguinidade.  
17 GHAFOURI-KESBI (2010), em pesquisa com ovinos da raça Zandi, também encontrou  
18 valores que indicam baixa variabilidade genética (*AR* 1,91%). De maneira geral, quanto  
19 mais próximo de zero for o coeficiente médio de parentesco, maior será a variabilidade  
20 genética do rebanho. Em populações pequenas, existe maior tendência de que o

1 coeficiente médio de parentesco seja maior, devido a possíveis acasalamentos  
2 consanguíneos.

3 A consanguinidade média ( $F$ ) variou entre 0,79% e 1,19%, o que era esperado,  
4 devido ao baixo  $N_e$ . Existe relação direta entre número efetivo e taxa de  
5 consanguinidade, portanto, o  $F$  foi sempre maior quanto menor foi o número efetivo ao  
6 longo das gerações. Os resultados estão em conformidade com os encontrados por  
7 ARAÚJO *et al.* (2008), que obtiveram  $F$  de 0,89% e coeficiente de endogamia média  
8 dos indivíduos endogâmicos foi de 25,0%, em caprinos nativos da raça Moxotó. Esses  
9 resultados indicam a necessidade de um plano de manejo genético rigoroso em rebanhos  
10 alvos de programas de conservação e/ou melhoramento genético, medida essencial para  
11 manutenção da capacidade adaptativa das raças.

12

13 **Tabela IV.** Consanguinidade média ( $F$ ) e coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) por  
14 número máximo de gerações para a raça Murciano-Granadina

Geração	N	$F$	AR %	$N_e$
1	8056	0,00%	0,04%	-
2	3932	0,79%	0,06%	62,9
3	1311	0,82%	0,08%	1966,3
4	288	0,76%	0,09%	-
5	42	1,19%	0,09%	133,8
6	5	0,00%	0,07%	-

15

16 Na tabela V, encontram-se o número de animais ( $N$ ), consanguinidade ( $F$ ), % de  
17 consanguinidade, consanguinidade média, coeficiente médio de parentesco ( $AR$ ) e  
18 número efetivo ( $N_e$ ), por gerações completas. Nessas condições, o  $F$  obtido foi de  
19 0,37% e o  $AR$  foi de 0,06% para a primeira geração com  $F$  teórico zero, já que a geração  
20 inicial é composta por animais fundadores, o que não possibilita a estimativa de  $F$ . No

1 entanto, é possível obter a estimativa de  $AR$ , que permite avaliar indiretamente a  
 2 endogamia na população base (geração zero). Essa informação é de suma importância  
 3 para guiar as estratégias de conservação e melhoramento a longo prazo. Os valores de  
 4 endogamia obtidos para as demais gerações podem ser visualizados na Tabela IV.

5

6 **Tabela V.** Consanguinidade média estimada com base nas gerações completas (animais  
 7 com pai e mãe conhecidos) para os rebanhos estudados

Geração	N	F	%consanguinidade	Consanguinidade média (%)	AR	Ne
0	12.527	0,00%	-	-	0,01%	-
1	11.917	0,37%	1,52%	24,69%	0,06%	133,3

8

9 Os valores obtidos para os coeficientes de consanguinidade dentro das  
 10 subpopulações ( $F_{IS}$ ), da população como um todo ( $F_{IT}$ ) e o coeficiente médio de  
 11 endogamia esperado, caso os reprodutores de cada período estejam se acasalando ao  
 12 acaso dentro de cada subpopulação ( $F_{ST}$ ) foram de -0,003, 0,04 e de 0,001,  
 13 respectivamente. Estes valores indicam baixa diferenciação genética entre populações, o  
 14 que resulta em grande diversidade intrarrebhanos. A maior variabilidade genética dentro  
 15 das populações é fruto do excesso de animais heterozigotos, o que indica uma boa  
 16 distribuição da diversidade genética intrarracial, caracterizando ausência de subdivisão  
 17 dentro da raça.

18 Os valores de  $F_{ST}$ ,  $F_{IS}$  e  $F_{IT}$  obtidos para a raça Murciano-Granadina, por  
 19 MARTINEZ *et al.* (2010) com dados de microssatélites foram 0.0289, 0.0755 e 0.1023,  
 20 respectivamente. Os valores encontrados pelos autores indicam que as raças (Murciana,  
 21 Granadina e Murciano-Granadina) são geneticamente distintas, mas existe uma  
 22 tendência de absorção da raça Granadina pela Murciana, devido aos baixos valores para

1  $F_{ST}$ . Pesquisas com marcadores moleculares são mais precisas, podendo ser este o  
2 motivo pelo qual os autores encontraram valores superiores com um número de  
3 indivíduos menor (110).

4 A subdivisão é um fenômeno comum em raças com efetivos pequenos, cujo  
5 manejo reprodutivo, muitas vezes não é adequado do ponto de vista da conservação da  
6 diversidade genética intrarracial. A utilização dos mesmos reprodutores de forma não  
7 orientada eleva as chances de acasalamentos consanguíneos, culminando em aumento  
8 da homozigose na população e promove subdivisão. Na Península Ibérica, os estudos  
9 com raças caprinas mostram que, em geral, as populações nativas apresentam baixos  
10 níveis de diferenciação genética (BRUNO-DE-SOUSA *et al.*, 2011; MARTINEZ *et al.*,  
11 2007; MARTINEZ, *et al.*, 2006). No Brasil, estudos com pequenas populações como os  
12 de BARROS *et al.* (2011) e, RODRIGUES *et al.*, (2009) demonstram haver subdivisão  
13 nas populações nativas, com déficit de heterozigotos.

14 A variação genética é herdável e essencial para os programas de melhoramento  
15 genético e conservação, sendo também responsáveis pela capacidade de adaptação dos  
16 indivíduos às mudanças ambientais.

17 Com relação às heterozigosidades esperadas ( $H_o$ ) e observadas ( $H_e$ ), os valores  
18 encontrados foram 0,02% e 0,18%, respectivamente. A diferença entre  $H_o$  e  $H_e$  confirma  
19 o excesso de heterozigotos observados através do parâmetro  $F_{ST}$ . Este excesso indica  
20 variabilidade de genes na população em estudo e a manutenção dessa variabilidade deve  
21 ser o objetivo principal dos programas de conservação e de melhoramento genético.

22 A diferença entre  $H_o$  e  $H_e$  permitiu, ainda, concluir que houve desvio do  
23 Equilíbrio de Hardy-Weinberg, indicando tendência a maior proporção de heterozigotos  
24 na população em estudo.

1           A distância de Nei encontrada no presente trabalho (0,004) permitiu reafirmar  
2 que não houve diferenciação suficiente para causar subestruturação da população, uma  
3 vez que a distância deve variar entre 0 e 1.

4           No presente estudo nenhum rebanho foi classificado como núcleo (rebanhos que  
5 não utilizam reprodutores externos e vendem reprodutores) e isolado (sem conexão  
6 genética com os demais). A maioria foi classificada como comerciais (68,72%), os  
7 quais utilizam reprodutores externos ou do próprio rebanho e não vendem reprodutores.  
8 Destes, 53,64% foram classificados como multiplicadores, ou seja, utilizam  
9 reprodutores externos ou do próprio rebanho e vendem reprodutores. A utilização de  
10 reprodutores próprios em excesso pode promover aumento da consanguinidade e  
11 subdivisão e, a longo prazo, pode promover o isolamento dessas subpopulações. A  
12 ausência de rebanhos isolados é um indicativo de que existe bom fluxo gênico entre  
13 rebanhos e, essa ausência pode ser interessante do ponto de vista da conservação, porém  
14 é sinalizador de que o programa de melhoramento da raça não está baseado na estrutura  
15 piramidal clássica.

16

## 17 **CONCLUSÃO**

18           Os resultados permitem concluir que não há subdivisão na população estudada.  
19 A consanguinidade encontrada possibilita a utilização dos reprodutores em programas  
20 de melhoramento e de conservação, sem que hajam perdas significativas devidas à  
21 depressão endogâmica.

22

23



1 **REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- 2
- 3 ALLENDORF, F.W., LUIKART G. **Conservation and the genetics of populations.**
- 4 Blackwell publishing. 2006
- 5 AMARAL, B. C.; SILVA, D.B.S.; BANARI, A.C. Et al. Análise de parâmetros
- 6 populacionais a partir do *pedigree* de ovinos criolos do Pantanal. In: IX Simpósio
- 7 Brasileiro de Melhoramento Animal João Pessoa, PB , 2012. **Anais...** João Pessoa:
- 8 SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO, Paraíba, 2012
- 9 ARAÚJO, A. M, GUIMARÃES, S.E.F.; MACHADO, T.M.M., et al. Genetic
- 10 Diversity between herds of Alpine and Saanen dairy goats and the naturalized
- 11 Brazilian Moxotó breed. **Genetics and Molecular Biology**, 29, 1, 67-74 2006.
- 12 ARAÚJO, I.I.M.; FRANÇA, C.M.B.; CUNHA, E.E.; et al. Variabilidade genética por
- 13 meio da probabilidade de origem do gene em caprinos nativos da raça Moxotó. In:
- 14 Zootec, 2008, João Pessoa, PB. **Anais...** João Pessoa: ASSOCIAÇÃO
- 15 BRASILEIRA DE ZOOTECNISTAS, Paraíba, 2008
- 16 ARORA, R. & BHATIA, S. Genetic diversity of Magra sheep from India using
- 17 microsatellite analysis. **Asian-Australian Journal of Animal Science** Vol. 19, No.
- 18 7 : 938 – 942, 2006
- 19 BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O.; ARAÚJO, A.M. Estrutura
- 20 populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. **Archivos de**
- 21 **Zootecnia**. 60 (231): 543-552. 2011
- 22 BRUNO-DE-SOUSA, C.; MARTINEZ, A.M.; GINJA, C. *et al.* Genetic diversity and
- 23 population structure in Portuguese goat breeds. **Livestock Science**, Vo. 135. 2011
- 24 CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. Et al. Raça
- 25 Indubrasil no nordeste Brasileiro: Melhoramento e Estrutura Populacional. **Revista**
- 26 **Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.12, p.2327-2334, 2009

- 1 CASTEL, J.M., RUIZ, F.A., MENA, Y., SÁNCHEZ-RODRÍGUEZ, M. Present  
2 situation and future perspectives for goat production systems in Spain. **Small**  
3 **Ruminant Research** 89, 207-210. 2010
- 4 CHIKHIN, L.; GOOSSENS, B.; TREANOR, A. BRUFORD, M.W. Population genetic  
5 structure of and inbreeding in an insular cattle breed, the Jersey, and its  
6 implications for genetic resource management. *Heredity* 92, 396–401, 2004v
- 7 COSTA, M. R., MARQUES, J. R.F.; SILVA, C. S., et al. Distâncias Genéticas em  
8 Equinos (*Equus caballus*) por meio de marcadores microssatélites. **Revista**  
9 **Biociências**, Unitau. v 15, n 1, 2009
- 10 CUNHA, E.E.; FRANÇA,C.M.B.; MADEIRA,M.C.B.; DANTAS, A.G.M.  
11 Variabilidade genética por meio da probabilidade de origem do gene em caprinos  
12 nativos Canindé. In: V Congresso Nordestino de Produção Animal, 2008, Aracaju,  
13 SE. **Anais...** Aracaju: SOCIEDADE NORDESTINA DE PRODUÇÃO ANIMAL,  
14 Sergipe, 2008
- 15 EGITO, A.A.; PAIVA, S.R.; MAMANÍ, E.M. Et al. Variabilidade Genética de raças  
16 bovinas baseada em marcadores STR. In. V Simpósio da Sociedade Brasileira de  
17 Melhoramento Animal. 2004, Pirassununga, SP. **Anais...** Pirassununga:  
18 SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, São Paulo, 2004
- 19 FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., et al. variabilidade  
20 genética da raça Guzerá. In: V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento  
21 Animal. **ANAIS...**Pirassununga,: SOCIEDADE BRASILEIRA DE  
22 MELHORAMENTO ANIMAL, 2004
- 23 FERNÁNDEZ, C.; MARTÍNEZ, B.; GÓMEZ, E. et al. Qualitative analysis of official  
24 milk control in Valencia community (Spain) by self organizing maps. **Tropical and**  
25 **Subtropical Agroecosystems**, 11: 91 – 94. 2009

- 1 FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION – FAO. **Secondary guidelines for**  
2 **development of national farm animal genetic resources management plans:**  
3 **management of small populations at risk.** Rome, Italy. 1998
- 4 FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D., BRISCOE, D.A. **Introduction to Conservation**  
5 **Genetics.** 2<sup>a</sup> edition. Cambridge University Press. 2010
- 6 GHAFOURI-KESBI, F. Analysis of genetic diversity in a close population of Zandi  
7 sheep using genealogical information. **Journal of Genetic** 89. 2010
- 8 GÓMEZ, E.A.; GRIMAL, A.; SALVADOR, I. et al. Conexión entre rebanhos de  
9 cabras Murcano-Granadinas de la comunidad Valencia via inseminación. **ITEA,**  
10 vol. 102(2), 175-179, 2006
- 11 GUIMARÃES, F.F.; REGO NETO, A.A.; ROCHA, L.M.C. et al. Parâmetros  
12 populacionais de ovinos Santa Inês na região sul do Piauí. In.: IX Simpósio  
13 Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, PB –2012. **Anais...** João Pessoa:  
14 SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, Paraíba, 2012
- 15 GUTIÉRREZ, J.P., GOYACHE, F. (2005) A note on Endog: a computer program for  
16 analysing *pedigree* information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 122:  
17 172-176
- 18 JIMÉNEZ-GAMERO, I.; DORADO, G.; MUÑOZ-SERRANO, A. et al. DNA  
19 microsatellites to ascertain pedigree-recorded information in a selecting nucleus of  
20 Murciano-Granadina dairy goats. **Small Ruminant Research** 65, 266–273, 2006
- 21 LACY, R.C. Analysis of founder representation in *pedigrees*: founder equivalents and  
22 founder genome equivalents. **Zoo Biology** 8:111-123 (1989)
- 23 LÉON, J.M.; LOZANO, J.M.; MARTÍNEZ, E. et al. Análisis demográfico de la cabra  
24 granadina como base para el desarrollo de su esquema de selección. **Archivos de**  
25 **Zootecnia**, 54: 311-315. 2005

- 1 LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetic Selection**  
2 **Evolution** 24, 305-313, 1992
- 3 MARÍN, A.L.M.; HERNÁNDEZ, M.P.; ALBA, L.M.P. et al. Prediction of energy  
4 requirements of Murciano-Granadina preruminant female kids using the National  
5 Research Council. **South African Journal of Animal Science** 2011, 41 (no. 4)
- 6 MARTÍNEZ, A.M.; ACOSTA, J., VEGA-PLA, J.L. et al. Analysis of the genetic  
7 structure of the canary goat populations using microsatellites. **Livestock Science**,  
8 Vol. 102, 2006
- 9 MARTÍNEZ, A.M., ROCHA. L., QUIROZ, J., DELGADO, J.V. Estudio de la  
10 diversidad genética intrarracial de la cabra Murciano-Granadina con microsatélites  
11 de ADN. **Archivos de Zootecnia**. 56 (Sup. 1): 417-420. 2007
- 12 MARTINEZ, A.M., VEJA-PLA, J.L., LÉON, J.M. Et al. Is the Murciao-Granadina a  
13 single goat breed? A Molecular Genetics approach. **Arquivo Brasileiro de**  
14 **Medicina Veterinária e Zootecnia.**, V.62, N.5, P.1191-1198, 2010
- 15 MENEZES, M.P.C.; MARTINEZ, A.M.; RIBEIRO, M.N. , et al. Caracterização  
16 genética de raças caprinas nativas brasileiras utilizando-se 27 marcadores  
17 microssatélites. **Revista Brasileira de Zootecnia.**, v.35, n.4, p.1336-1341, 2006
- 18 NEI, M. Estimation of average Heterozygosity and Genetic Distance from a small  
19 number of individuals. **Genetics** 89: 583-590, 1978
- 20 NEI, M. Genetic distance between populations. **American Naturalist**, Chicago,  
21 v.106. p.283-292, 1972
- 22 OLIVEIRA,C.; GUTIÉRREZ-GIL B.; PEDROSA, S. Et al.Caracterização Genética  
23 das raças ovinas Bordaleira de Entre Douro e Minho e Serra da Estrela: DNA  
24 nuclear e mitocondrial. **Revista Portuguesa de Ciência Veterinária**, 100 (555-  
25 556) 175-180. 2005

- 1 RIBEIRO, M.N.; BRUNO-DE-SOUSA, C.; MARTINEZ-MARTINEZ, A. et al. Drift  
2 across the Atlantic: genetic differentiation and population structure in Brazilian and  
3 Portuguese native goat breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetic** 129  
4 (2012) 79–87
- 5 RIBEIRO, S. D. A. **Caprinocultura: Criação Racional de Caprinos**. Editora Nobel  
6 S. A. São Paulo: 1998
- 7 RODRIGUES, D.S.; RIBEIRO, M.N.; OLIVEIRA, S.M.P. Estrutura populacional de  
8 um rebanho da raça Morada Nova como contribuição para a conservação. **Ciência**  
9 **Animal**, 19(1):103-110,2009
- 10 SALMAN, A.K.D. **Conceitos básicos de genética de populações**. Documentos 118 -  
11 Porto Velho, RO: Embrapa Rondônia, 2007
- 12
- 13

