



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
MESTRADO EM CIÊNCIA ANIMAL

DANIEL CAETANO SALES

**PARÂMETROS POPULACIONAIS E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM OVINOS
DA RAÇA MORADA NOVA BRANCA**

MOSSORÓ-RN

2024

DANIEL CAETANO SALES

**PARÂMETROS POPULACIONAIS E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM OVINOS
DA RAÇA MORADA NOVA BRANCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Campus Mossoró-RN, como requisito do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal para a obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Linha de Pesquisa: Produção e Conservação Animal no Semi-Árido

Orientador: Profa. Dra. Débora Andréa Evangelista Façanha

Co-orientador: Prof. Dr. José Ernandes Rufino de Sousa.

MOSSORÓ-RN

2024

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tomar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

C163p Caetano Sales, Daniel.
PARÂMETROS POPULACIONAIS E DEPRESSÃO
ENDOGÂMICA EM OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA BRANCA
/ Daniel Caetano Sales. - 2023.
45 f. : il.

Orientadora: Debora Andrea Evangelista Façanha.
Coorientador: Jose Ernandes Rufino de Sousa.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal
Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
Ciência Animal, 2023.

1. Endogamia. 2. Depressão Endogâmica. 3.
Pedigree. 4. Variabilidade Genética. 5. Ovinos.
I. Evangelista Façanha, Debora Andrea , orient.
II. Rufino de Sousa, Jose Ernandes, co-orient.
III. Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade
com AACR2 e os dados fornecidos pelo(a) autor(a).
Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva
CRB: 15/120

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

DANIEL CAETANO SALES

**PARÂMETROS POPULACIONAIS E DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM OVINOS
DA RAÇA MORADA NOVA BRANCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Campus Mossoró-RN, como requisito do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Linha de Pesquisa: Produção e Conservação Animal no Semi-Árido

Defendida em: 29/02/2024.

BANCA EXAMINADORA

Profa. Dra. Débora Andréa Evangelista Façanha (UNILAB)
Presidente

Profa. Dra. Cecilia Irene Pérez Calabuig. (UFERSA)
Membro Examinador

Profa. Dra. Jacinara Hody Gurgel Moraes Leite (UFPB)
Membro Examinador

*Aos meus pais Célio Sales e
Maria José Caetano e irmãos Elizabeth
Sales, Érika Sales, João Sales, Cynthia
Sales, Rafael Sales e a minha noiva
Gessica Araujo por todo amor, carinho,
incentivo e apoio em minhas escolhas.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradecer a Deus, por me guiar durante toda minha vida, abençoando meus passos e escolhas e me fortalecendo e momentos difíceis.

Aos meus pais e irmãos, aos quais dedico esse trabalho.

A minha orientadora Prof. Dra. Débora Andréa Evangelista Façanha, pelos ensinamentos durante esta fase da minha vida.

Ao meu coorientador Prof. Dr. José Ernandes Rufino de Sousa, por sua postura em todos esses anos, os conhecimentos adquiridos ao longo do tempo e por todos os ensinamentos.

Ao Prof. Dra. Jacinara Hody Gurgel Moraes Leite, por contribuir e ensinar sempre que precisei.

Ao Prof. Dra. Cecilia Irene Pérez Calabuig, por contribuir junto com a banca.

A Antônia Gessica Beatriz de Araújo Noronha, minha noiva que estava comigo nas horas mais difíceis me apoiando e me aconselhando da melhor maneira possível.

Aos amigos da UFERSA Marcos Aurélio e Natan Felix que estiveram comigo desde os primórdios da graduação e compartilharam grandes momentos comigo.

Aos amigos da turma do “Old School” Alexandre, Anderson, Mercena, Djalma, Igor e Ramiro.

Agradeço à PROPPG, ao ex-coordenador Moacir Franco e ao atual Marlon Feijó pelo apoio e esclarecimentos prestados em momentos de dificuldade.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo auxílio financeiro, concedido como bolsa de pós-graduação em nível de mestrado.

A todos os produtores das fazendas: Ovídio Vinagre e Alan e as instituições públicas, Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Universidade Federal do Ceará – UFC e Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira – UNILAB, por terem permitido a coleta em seus animais.

Muito obrigado!

“Sorrir é a melhor maneira de lidar
com as dificuldades.”

Jiraya.

RESUMO

Com o propósito de compreender a estrutura populacional, avaliar a diversidade genética e mensurar o impacto da endogamia nas características de crescimento dos ovinos da raça Morada Nova da variedade branca, foram examinados os registros genealógicos de 270 animais. Destacam-se, entre as características analisadas, o peso ao nascer (PN, n = 172) e o peso ao desmame (PD, n = 172). Animais fundadores e ancestrais, identificou-se a presença de 110 e 53, respectivamente. Apenas 4 ancestrais desempenham um papel importante, contribuindo para 50% da variabilidade genética presente nessa população. Os tamanhos efetivos para as gerações máximas, completas e equivalentes foram calculados como 20,44, 8,34 e 11,81, respectivamente. Apesar dos valores relativamente baixos de endogamia média (3,51%) e coeficiente de parentesco médio (6,60%), indicativos de uma variabilidade genética suscetível à exploração por meio da seleção, observar que esses resultados podem ser influenciados pela integridade limitada do pedigree, evidenciada pelo número de gerações equivalentes (0,95). Essas descobertas fornecem *insights* valiosos para orientar estratégias de manejo genético e seleção, visando otimizar a variabilidade genética e promover o desenvolvimento saudável da população. Depressão endogâmica encontrada para PN foi de -0,150g e PD -4.740g.

Palavras Chaves: Endogamia, Depressão Endogâmica, *Pedigree*, variabilidade genética, Ovinos.

ABSTRACT

With the purpose of understanding the population structure, assessing genetic diversity, and measuring the impact of inbreeding on growth traits of white variety Morada Nova sheep, the pedigree records of 270 animals were examined. Among the analyzed traits, birth weight (BW, $n = 172$) and weaning weight (WW, $n = 172$) stand out. Founding and ancestral animals were identified, with 110 and 53, respectively. Only 4 ancestors play a role, contributing to half of the genetic variability present in this population. Effective sizes for maximum, complete, and equivalent generations were calculated as 20.44, 8.34, and 11.81, respectively. These numbers provide insight into the population dynamics across generations, highlighting the importance of directing attention to genetic variability. Despite relatively low values of average inbreeding (3.51%) and mean coefficient of relationship (6.60%), indicative of genetic variability susceptible to exploitation through selection, it is to note that these results may be influenced by the limited pedigree integrity, evidenced by the number of equivalent generations (0.95). These findings provide valuable insights to guide genetic management and selection strategies, aiming to optimize genetic variability and promote healthy population development. Inbreeding depression found for BW was -0.150g and WW -4.740g.

Keywords: Inbreeding, Inbreeding Depression, *Pedigree*, Genetic Variability, Sheep.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Rebanho pertencentes as unidades listadas acima, respectivamente.	24
Figura 2 - Animais identificados com colar e brinco	27
Figura 3 – Estimativa da idade pela dentição	27
Figura 4 - Exemplos de animais que foram descartados.	28
Figura 5 - Estrutura de pedigree da raça Morada Nova, variedade branca com percentual de pais e avós.	31
Figura 6 - Depressão endogâmica para as características de crescimento peso ao nascimento e peso ao desmame.	32

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Identificação, estado, localização no GPS, altitude e número de animais referente a cada núcleo.	24
Tabela 2 - Parâmetros populacionais da raça Morada Nova, variedade branca.	30
Tabela 3 - Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada.	31
Tabela 4 - Utilização de pais internos e externos.	32

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

©	Copyright
®	Marca registrada
%	Porcentagem
F	Endogamia
fe	Número efetivo de fundadores
fa	Número efetivo de ancestrais
AR	Coeficiente de parentesco médio
Ne	Tamanho efetivo populacional
ΔF	Taxa de incremento de endogamia
Kg	Quilograma

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	14
OBJETIVOS	16
Geral	16
Específicos	16
REFERENCIAL TEÓRICO	17
Ovinocultura Brasileira	17
A raça Morada Nova e suas variações	18
População e Estrutura Populacional e Integridade do <i>Pedigree</i>	19
Tamanho Efetivo Populacional	20
Coeficiente de endogamia e Parentesco Médio	21
Problemas correlacionados a Endogamia	23
Estatística de F de Wright	23
MATERIAL E MÉTODOS	25
Origem dos dados	25
Dados Coletados	26
Análise da estrutura populacional	28
Análise da Depressão endogâmica	28
RESULTADOS	30
Estrutura Populacional	30
Depressão endogâmica	32
DICUSSÃO	33
CONCLUSÃO	37
REFERENCIAS	38

INTRODUÇÃO

A criação de ovinos no Brasil desempenha um papel importante na economia agropecuária, contribuindo significativamente para a produção de carne ovina e outros derivados. Com um rebanho diversificado e adaptado a diferentes regiões do país, o setor ovino tem características distintas no Nordeste, uma região que desempenha um papel fundamental nesse cenário.

A raça de ovelhas deslanadas Morada Nova é uma das principais variedades adaptadas localmente ao clima do Nordeste do Brasil. São animais robustos que se ajustaram ao clima semiárido da região, desempenhando um papel vital como fonte de proteína para as comunidades locais. São distintos por serem desprovidos de chifres, com uma cauda delgada e de tamanho médio que não excede a articulação do joelho. Os machos têm um peso médio de 40 a 60 kg, enquanto as fêmeas pesam em torno de 30 kg. Apresentam duas variantes de pelagem, vermelha ou branca. Apesar de seu porte modesto, são animais prolíficos e adequados para a produção de carne e couro, mesmo em condições desfavoráveis (Arco, 2019; McManus, Paiva, & Araujo, 2010).

Anualmente, observa-se uma diminuição no número efetivo de ovinos pertencentes à raça Morada Nova, atribuída principalmente ao aumento dos cruzamentos absorventes com raças exóticas, como os ovinos da linhagem Dorper, colocando em risco a preservação desse valioso pool genético (Facó et al., 2008). Pereira (2001) alertou sobre o iminente desaparecimento da raça devido à redução do número de animais no rebanho. Muniz et al. (2012) indicam que a escassez de animais que atendem ao padrão racial tem desencorajado os produtores, contribuindo para a diminuição da população da raça. Em resposta a esse cenário, em outubro de 2007, a Embrapa e seus parceiros, com o suporte financeiro do Banco do Nordeste do Brasil, lançaram o projeto "Núcleo de Melhoramento Genético de Conservação da Raça Morada Nova" (Belchior & Shiotsuki, 2017).

A compreensão da configuração populacional e da diversidade genética desses rebanhos é crucial para direcionar esses esforços. Isso permite identificar os indivíduos mais empregados e avaliar o impacto da seleção sobre a variabilidade genética da raça (McManus et al., 2019).

A redução no tamanho de uma população pode resultar na chamada perda por deriva genética, que implica na mudança aleatória das frequências alélicas e consequente diminuição da variabilidade genética (Falconer & Mackay, 1996). Além disso, contribui para o aumento da endogamia, caracterizada pelo aumento de acasalamentos entre indivíduos geneticamente

próximos em relação à média da população. Entre os efeitos negativos da endogamia, destacam-se a expressão de alelos recessivos deletérios e a depressão endogâmica, favorecida pelo aumento de loci homozigóticos na população (Bourdon, 2014). A constatação dos efeitos depressivos da endogamia no desempenho individual é comum, podendo ser observada em diferentes estágios de crescimento, conforme observado por Barros (2012). Estudos têm avaliado os efeitos da endogamia nas taxas de crescimento em ovinos de diversas raças, como Santa Inês (Pedrosa et al., 2010), Bharat Merino (Gowane et al., 2013), Guilan (Eteqadi & Hossein-Zadeh & Shadparvar, 2014), Mehraban (Yavarifard & Hossein-Zadeh & Shadparvar, 2014), Segureña (Barros et al., 2017) e Dorper (Kiya et al., 2019). No entanto, não foram encontrados estudos na literatura que relatem os efeitos da endogamia na raça Morada Nova.

Diante do que foi apresentado, o objetivo foi definido como descrever a composição populacional, calcular o índice de endogamia para avaliar a diversidade genética existente e analisar os potenciais efeitos dessa endogamia nos pesos ao nascer e peso ao desmame em ovinos da raça Morada Nova Branca.

OBJETIVOS

Geral

Destacar a análise dos parâmetros populacionais e da depressão endogâmica em ovinos da raça Morada Nova Branca. O estudo visa investigar a estrutura genética dessa população, avaliar a diversidade genética presente e compreender o impacto da depressão endogâmica nos PN e PD da raça.

Específicos

- Avaliar a estrutura populacional atual de ovinos da raça Morada Nova variedade branca, incluindo o número de indivíduos, rebanhos e identificar possíveis padrões endogâmicos;
- Avaliar indicadores de heterozigosidade entre os rebanhos;
- Investigar os efeitos da endogamia no PN e PD dos ovinos da raça Morada Nova variedade branca;
- Quantificar a depressão endogâmica no PN e PD em ovinos da raça Morada Nova da variedade branca; e
- Investigar a viabilidade de programas de conservação genética para proteger a diversidade genética dos ovinos da raça Morada Nova da variedade branca e evitar a perda de características desejáveis devido à endogamia.

REFERENCIAL TEÓRICO

Ovinocultura Brasileira

Egito et al. (2002) destaca a profunda influência exercida pelo ser humano na trajetória evolutiva dos animais domésticos ao longo de sucessivas gerações. Essa interação contínua entre humanos e animais moldou não apenas as características genéticas das espécies domesticadas, mas também as dinâmicas de convivência e adaptação mútua.

Mariante e Cavalcante (2006) sublinham que as evidências paleontológicas apontam o cão como o primeiro animal a ser domesticado, por volta de 10.000 a.C. Essa parceria inicial desempenhou um papel fundamental no desenvolvimento humano, tornando a caça mais fácil e promovendo conexões com outras espécies. A narrativa de Mariante e Cavalcante não apenas destaca a importância evolutiva da relação entre humanos e animais, mas também mostra como esses laços contribuíram para o crescimento sustentável de antigas sociedades. A domesticação não apenas supriu as necessidades alimentares, mas também desempenhou um papel vital na formação e avanço das comunidades humanas ao longo da história.

Durante a colonização do Brasil, os colonizadores introduziram espécies ibéricas, como o *Ovis aries*, para fins alimentares. Ao longo de cinco séculos, esses animais experimentaram um aumento expressivo em suas populações, com pouca interferência humana. Sob a influência da seleção natural, desenvolveram características adaptativas e produtivas, ajustando-se às diversas regiões do país.

Essas populações, chamadas de raças "locais", "crioulas" ou naturalizadas, representam uma bem-sucedida adaptação ao ambiente brasileiro. Estudos de Moraes (2004) e contribuições de Mariante e Egito (2002) destacam a relevância desse fenômeno, mostrando como as espécies introduzidas evoluíram ao longo do tempo, não apenas pela seleção natural, mas também em resposta às condições geográficas e climáticas específicas do Brasil.

Essa evolução adaptativa das raças "locais" realça a capacidade intrínseca dos animais de se ajustarem a novos ambientes, enriquecendo a diversidade genética e cultural nas práticas pecuárias brasileiras. Compreender esse processo é necessário para a preservação e manejo sustentável dessas raças, reconhecendo sua importância histórica e contribuição para a biodiversidade animal no país.

Após mais de cinco séculos desde o início da colonização e introdução de animais domésticos no Brasil, a falta de aprimoramento dos recursos genéticos locais por parte dos criadores tornou-se evidente. A busca por raças mais produtivas, a partir do final do século XIX e início do século XX, levou à importação de raças exóticas, altamente produtivas, mas não adaptadas ao clima tropical.

Essas importações, por meio de cruzamentos absorventes, resultaram na rápida substituição e erosão das raças locais, colocando-as em risco de extinção. As raças naturalizadas, embora apresentem níveis de produção mais baixos, destacam-se por sua total adaptação aos trópicos, resultado de uma longa seleção natural.

A introdução de animais de regiões de clima temperado em rebanhos adaptados às condições tropicais tem sido discutida como um fator contribuinte para a diminuição da variabilidade genética. Contudo, programas de melhoramento e conservação de recursos genéticos animais consideram os efeitos negativos in situ nos rebanhos ovinos do Nordeste brasileiro.

Hall e Bradley (1995) enfatizam que as raças locais possuem uma notável capacidade de sobrevivência e reprodução em condições ambientais específicas, onde raças exóticas seriam menos produtivas. Além disso, ressaltam que, mediante apropriados programas de seleção, é possível aumentar a produção sem comprometer as adaptações locais dessas raças

A raça Morada Nova e suas variações

A raça Morada Nova de ovinos, nomeada em homenagem à região de Morada Nova, no Estado do Ceará, Brasil, foi caracterizada pelo zootecnista Otávio Domingues em 1937. O epônimo foi oficializado durante uma reunião do Ministério da Agricultura após 40 anos, na capital do estado Ceará.

Esta raça destaca-se entre os ovinos deslanados do Nordeste brasileiro, não apenas por suas excelentes características reprodutivas, como elevada habilidade materna, taxa de prolificidade, precocidade sexual e ausência de periodicidade reprodutiva, mas também por sua rusticidade e adaptação ao clima quente da região semiárida do Brasil. Seu pequeno porte é estrategicamente vantajoso em períodos de escassez de alimentos, devido a suas menores exigências nutricionais em comparação com animais de grande porte.

De acordo com a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO, 2019), a raça Morada Nova é caracterizada por ser deslanada e mocha, com pelagem vermelha ou branca. Os machos adultos pesam entre 40 a 60 kg, enquanto as fêmeas adultas variam de 30 a 50 kg. Apresentam cabeça larga e alongada, perfil sub-convexo, pescoço bem inserido no tronco, linha dorso-lombar reta, garupa curta com ligeira inclinação, e cauda fina e média. Os membros são finos e bem aprumados, com cascos pequenos e escuros. Defeitos que impedem o registro na associação incluem características como pelagem atípica, manchas sobre a pelagem, pelos anormais, mucosas e cascos despigmentados, entre outros (ARCO, 2019).

Contudo, Shiotsuki et al. (2017) destacam a necessidade de uma readaptação do padrão racial oficial, visando minimizar o descarte de animais devido à falta de conformidade com as características estabelecidas no padrão racial.

População e Estrutura Populacional e Integridade do *Pedigree*

Valera et al. (2005) conclui que os rebanhos comerciais não podem ser considerados de tamanho infinito. Nestes rebanhos, os acasalamentos não ocorrem ao acaso, o número de reprodutores varia a cada geração, e nem todos os indivíduos sobrevivem do nascimento à fase adulta. Adicionalmente, a probabilidade de reprodução não é uniforme para todos os indivíduos.

É importante notar que as populações comerciais sofrem efeitos sistemáticos de migração, deleção e seleção, fatores que resultam em mudanças nas frequências gênicas e genotípicas ao longo do tempo (FALCONER; MACKAY, 1996). Essas considerações fundamentam uma abordagem mais realista na compreensão das dinâmicas populacionais, reconhecendo as complexidades inerentes aos rebanhos comerciais e destacando a influência de fatores diversos na estrutura genética dessas populações.

A pesquisadora Kiya et al. (2019) afirma que estudar a estrutura populacional é importante para obter sucesso no melhoramento genético de determinada população. Essa abordagem é como ter um mapa que nos ajuda a navegar pelas complexidades e aprimorar a população de forma mais informada. Essa abordagem fornece insights sobre a transmissão de genes ao longo do tempo e avalia o impacto dessa herança na geração atual. Apesar dos avanços na genética molecular, a avaliação da estrutura genética com base em informações de pedigree continua sendo uma prática predominante em estudos envolvendo diversas espécies, como ovinos, equinos, caprinos, bubalinos e bovinos globalmente. Essa preferência persiste devido

ao custo mais acessível e à simplicidade de obtenção dessas informações em comparação com o uso de marcadores moleculares mais sofisticados (CARNEIRO et al., 2009).

Em uma população sem recrutamento ou perdas ao longo de um extenso período, a falta de diversidade genética se acumula ao longo das gerações. Em estudos envolvendo várias gerações e pedigrees com informações genealógicas limitadas, tanto pelas linhas maternas quanto paternas, a análise torna-se desafiadora, resultando em valores subestimados. A profundidade de um pedigree reflete sua qualidade, indicando se a coleta de dados é precisa, sem perdas, e se há um número significativo de parentes conhecidos, evitando subestimação nos parâmetros analisados (BOICHARD et al., 1997; GUTIERREZ et al., 2003).

A informação geracional de um animal pode ser adquirida ao longo do tempo de três maneiras: a geração máxima, onde os indivíduos mais antigos fornecem informações, sendo aquela com o maior número de parentes conhecidos; a completa, conhecida como mínima, que envolve os pais, avós e outros parentes; e a equivalente, usada em estudos, sendo a geração mais consistente. Profundidade de um pedigree (MacCLUER et al., 1983) é um parâmetro importante, tornando a consistência dos dados e garantindo resultados mais seguros. A profundidade do pedigree refere-se ao conhecimento das origens de um indivíduo, seguindo suas linhas maternas e paternas (GUTIÉRREZ et al., 2003). Quanto mais informações temos sobre um pedigree, mais profundo ele é, proporcionando maior segurança nas análises.

Tamanho Efetivo Populacional

O Tamanho Efetivo da População (N_e), conforme conceituado por Wright em 1931, destaca a importância de ir além do simples número total de animais em idade reprodutiva ao considerar aqueles que efetivamente contribuem geneticamente para as gerações futuras em uma população. Essa contribuição é mensurada pela relação entre machos e fêmeas envolvidos no processo reprodutivo, influenciando diretamente a composição genética das próximas gerações.

A determinação do N_e é uma prática amplamente empregada em estudos de diversidade genética, visando mitigar perdas potenciais de variabilidade genética. Diversas abordagens são utilizadas para calcular o N_e , cada uma oferecendo insights valiosos sobre a dinâmica genética de uma população. Destacam-se: a taxa de consanguinidade, proposta por Wright em 1923, relaciona o parentesco consanguíneo à estimativa do Tamanho Efetivo da População (N_e). A variação do tamanho das famílias, conforme proposta por Hill em 1972, é utilizada como

métrica para calcular o N_e , considerando a dispersão dos tamanhos de famílias na população. A relação entre machos e fêmeas na reprodução, sugerida por Alderson e Bodó em 1992, é uma medida relevante para estimar o N_e , destacando o impacto da proporção de sexos na dinâmica genética. A variação das frequências gênicas, conforme abordagem de Vencovsky em 1992, oferece outra perspectiva para a estimativa do N_e , considerando as flutuações nas frequências alélicas ao longo do tempo.

A Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO) estabeleceu um limiar crítico, considerando um N_e abaixo de 50 como indicativo de uma situação preocupante para a manutenção da população. Contudo, há divergências, com Meuwissen (1998) sugerindo manter o N_e entre 50 e 100, levando em consideração os processos de mutação e deriva genética.

Em síntese, o conceito de Tamanho Efetivo da População desempenha um papel central na compreensão da dinâmica genética das populações e assume importância em estratégias de conservação e manejo genético. A diversidade de métodos disponíveis para sua estimativa proporciona uma abordagem abrangente, cada uma com suas vantagens e limitações específicas.

Coefficiente de endogamia e Parentesco Médio

A endogamia, conforme definida por Falconer em 1987, representa um indicador importante no âmbito da diversidade genética. Esta medida calcula a probabilidade de dois alelos, situados em diferentes loci, serem idênticos, o que, por sua vez, amplia a possibilidade de gerar descendentes homozigotos. A complexidade inerente à endogamia demanda a formulação de estratégias eficazes por parte dos melhoristas genéticos. Nesse contexto, a utilização de informações sobre a porcentagem de endogamia e o grau de parentesco com a matriz ou reprodutor é essencial para o desenvolvimento de abordagens que minimizem as chances de nascimento de descendentes com elevada probabilidade de endogamia.

A conexão entre endogamia e o tamanho efetivo da população (N_e) desempenha um papel. Quando o N_e é reduzido, isso significa que o coeficiente de endogamia (F) é mais alto, indicando que os indivíduos na população têm laços mais estreitos entre si. Nesse cenário, tomar decisões estratégicas torna-se vital para preservar a diversidade genética e evitar problemas relacionados à endogamia.

O trabalho de Falconer (1987) é como um guia fundamental para entender e definir a endogamia, estabelecendo uma base sólida para discutir a diversidade genética. Oliveira et al. (1999) e Breda et al. (2004), esses pesquisadores em sua pesquisa obtém sucesso com estratégias para a diminuição da endogamia no rebanho. Esses estudos complementares são como peças do quebra-cabeça, ajudando-nos a compreender melhor como lidar com a endogamia para promover a saúde genética em populações animais. O coeficiente de parentesco, conforme definido por Valera et al. (2005), Cervantes (2008), Gutiérrez et al. (2005) e Goyache et al. (2003), representa a probabilidade de um alelo ser aleatoriamente proveniente de outro animal pertencente ao mesmo pedigree. Este parâmetro é calculado dividindo ao meio o valor de parentesco entre o pai e sua cria, sendo de fácil acesso e aplicação para todos os produtores rurais.

A simplicidade desse cálculo torna-o uma ferramenta acessível a todos os envolvidos na produção animal. Com os dados em mãos, os produtores podem desenvolver estratégias mais eficientes para a gestão de seus rebanhos com base no coeficiente de parentesco. Esse aspecto torna-se ao determinar o intercâmbio de reprodutores dentro dos rebanhos, permitindo decisões informadas que visam otimizar a diversidade genética e melhorar características desejáveis.

O coeficiente de parentesco se revela como um fator importante ao avaliar o quão distantes geneticamente estão diferentes rebanhos. Essa medida oferece uma maneira prática e inteligente para os produtores compararem a distância genética entre seus rebanhos.

Essa abordagem não é apenas uma ferramenta técnica; é como um guia útil para os criadores ao planejarem suas estratégias de melhoramento genético. Imagine isso como um mapa que os ajuda a navegar nas decisões sobre como trocar material genético entre diferentes grupos de animais. Dessa forma, Tino (2016) contribui não apenas com informações técnicas, mas também com uma bússola prática para os produtores em suas jornadas de aprimoramento genético.

Problemas correlacionados a Endogamia

A endogamia, caracterizada pelo acasalamento entre parentes próximos, pode ter impacto significativo no peso ao nascimento e ao desmame em ovinos, com o grau de influência relacionado ao nível de endogamia na população. Estudos destacam que a endogamia pode intensificar a expressão de características genéticas recessivas, prejudiciais ao desempenho dos

animais (Piccoli et al., 2012). A perda de heterozigosidade decorrente da endogamia pode comprometer o crescimento e desenvolvimento dos cordeiros, afetando sua robustez e vigor (Almeida, 2007).

A implementação de estratégias de manejo, como seleção cuidadosa e introdução de reprodutores não aparentados, é crucial para preservar a diversidade genética e evitar os efeitos negativos da endogamia (Tino, 2016). O monitoramento genético contínuo, com análise de pedigree e estimativas de coeficientes de endogamia, é fundamental para identificar e mitigar esses efeitos (Cavalheiro, 2004). Criadores devem estar cientes dos níveis de endogamia na população, visando evitar os impactos negativos da depressão endogâmica (Queiroz et al., 2000; Hauschild et al., 2002). Essas medidas ajudam a garantir um manejo genético mais cuidadoso e a preservação da saúde e desempenho dos animais.

Mokhtari et al. (2014) conduziram um estudo sobre características de desempenho e reprodutivas em ovinos da raça Iran-Black, onde observaram um efeito significativo da endogamia no peso ao nascer. Descobriram que a cada 1% de aumento na endogamia, houve uma redução de 6,39g no peso ao nascer.

Em um estudo semelhante realizado por Rashidi et al. (2015), sobre caprinos da raça Markhoz, foi avaliada a influência da endogamia no peso ao nascer, no ganho médio diário do nascimento ao desmame e no peso ao desmame. Os resultados indicaram uma depressão endogâmica de -0,15 kg, -0,083 g/dia e 0,8 kg a cada aumento de 1% na endogamia, respectivamente.

Estatística de F de Wright

A teoria dos índices de fixação, desenvolvida por Sewall Wright nas décadas de 40 e 50, representa uma abordagem para compreender a estrutura genética de populações, considerando-as como metapopulações compostas por diversas subpopulações. Essa teoria é fundamentada nos parâmetros F_{it} , F_{is} e F_{st} , que desempenham papéis distintos na análise genética.

O primeiro índice, F_{st} (Fixação entre Subpopulações), emerge como uma medida da redução da heterozigosidade nas subpopulações que constituem a metapopulação. Com variação entre 0 e 1, o F_{st} é um indicador da diferenciação genética entre as subpopulações, sendo valores mais elevados associados a uma maior disparidade genética.

O segundo índice, Fis (Fixação dentro de Subpopulações), foca na redução da heterozigosidade de um indivíduo em relação à sua subpopulação. Valores positivos de Fis apontam para acasalamentos endogâmicos, enquanto valores negativos sugerem uma maior frequência de acasalamentos entre indivíduos não aparentados.

O terceiro índice, conhecido como Fit (Fixação Total), avalia de uma forma mais próxima como a diversidade genética de um indivíduo se relaciona com o grupo maior da população. Em termos mais simples, ele nos ajuda a entender como cada animal contribui para a mistura genética geral da comunidade.

Os estudiosos coletaram dados sobre as raças Santa Inês, e os trabalhos de Teixeira Neto (2013) e Marota (2011) oferecem exemplos concretos de como esses índices podem ser usados na vida real para entender melhor as populações animais. Esses pesquisadores compartilham experiências práticas que ilustram como aplicar esses conceitos no contexto das raças Santa Inês. Na raça Santa Inês, os valores de Fst, Fis e Fit foram observados como 0,0556, -0,0050 e 0,0509, respectivamente. Esses resultados sugerem uma pequena predominância de acasalamentos entre subpopulações. Em contrapartida, para os caprinos Marota, os índices de fixação indicaram a ausência de subdivisão de rebanhos e a manutenção dos níveis de heterozigosidade no rebanho estudado.

Esses índices desempenham um papel na compreensão da variabilidade genética e dos padrões de acasalamento dentro de populações animais. Sua aplicação não apenas fornece insights valiosos para a conservação genética, mas também orienta estratégias de melhoramento genético, contribuindo para a sustentabilidade e diversidade genética das populações animais.

MATERIAL E MÉTODOS

Origem dos dados

Durante o período de 16 meses, foi realizado um estudo abrangente em quatro rebanhos, localizados nos estados do Ceará e do Rio Grande do Norte, visando compreender os dados genealógicos e as características de crescimento desses animais. Foram coletadas informações, como 172 amostras de peso ao nascimento, mais 172 amostras de peso ao desmame e o pedigree de 270 animais, proporcionando uma visão detalhada do desenvolvimento dessas populações. Abaixo a tabela 1, detalhando.

Tabela 1- Identificação, estado, localização no GPS, altitude e número de animais referente a cada núcleo.

Rebanho	Estados	Longitude	Latitude	Altitude (m)	Número de Animais		
					M	F	T
1	CE	03° 43' 06" S	38° 32' 36" O	18	45	88	133
2	CE	51° 01' 22" S	9° 02' 35" O	228	14	27	41
3	RN	06° 04' 53" S	38° 07' 12" O	34	17	38	55
4	RN	05° 27' 34" S	37° 31' 16" O	217	13	28	41
TOTAL					89	181	270

CE- Ceará; RN – Rio Grande do Norte; S – Sul; e O – Oeste.

A tabela 1 nos fornece de forma precisa os estados a qual estado os rebanhos pertencem, bem como, a longitude, latitude e altitude das mesmas em seguida podemos observar o número de animais que cada rebanho possui. As práticas de manejo que os rebanhos da UFC e Unilab praticam, incluem o recolhimento noturno por sexo, alimentação concentrada, acesso a forragem nativa e Tifton para fêmeas, observação contínua durante a gestação e parição. Cordeiros são mantidos com mães até o desmame, que ocorre com 90 dias, ocorrendo desmame e inclusão dos machos no manejo geral.

Os rebanhos 3 e 4, localizadas no RN, adotam sistema semi-extensivo e implementam suplementação mineral. O rebanho 4 diferentemente do rebanho 1, separa fêmeas e reprodutores, operando com estação reprodutiva definida e suplementação específica durante a gestação, com observação contínua pós-parto. Cordeiros machos são mantidos até 180 dias, sendo excluídos se não selecionados para reprodução.

Dados Coletados

Os rebanhos (Figura 1) foram enumerados para uma maior clareza durante a apresentação dos dados, dessa forma o rebanho (UFC) da cidade de Fortaleza para a número 1, o rebanho (UNILAB) de Redenção renomeado para a número 2, o rebanho de Francisco Dantas para o número 3 e o rebanho Governador Dix-Sept Rosado para a número 4.

Figura 1 - Rebanho pertencentes as unidades listadas acima, respectivamente.



Fonte: Autoria própria (2023)

Os rebanhos 1 e 2 são de órgãos públicos, sendo eles, Universidade Federal do Ceará (UFC) e Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira (UNILAB), respectivamente. Obtiveram um controle mais flexível, pois os mesmos já possuem um programa dentro da universidade que atendem esses animais, as visitas durante a pesquisa ocorrerão trimestralmente. Os rebanhos 3 e 4 que são oriundos de produtores tiveram um controle mais rigoroso onde as visitas ocorrerão mensalmente.

Durante as visitas os animais foram identificados com brincos ou colares (figura 2), para aqueles animais já identificados, caso o animal tenha brinco foi fornecido um colar com sua nova numeração e caso o animal tenha um colar foi fornecido um brinco com sua nova numeração, assim o rebanho mantém sua numeração antiga e abre espaço para uma nova numeração, a fim de organizar melhor os animais que participaram da pesquisa.

Figura 2 - Animais identificados com colar e brinco

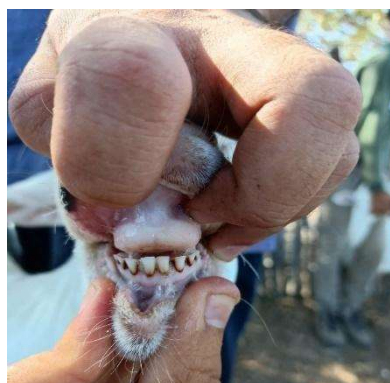


Fonte: Autoria própria (2023)

As identificações dos animais possuíam prefixos distintos de acordo com o rebanho, evitando assim a repetição de numerações. O rebanho 1 tinha um prefixo com o numeral 10, o rebanho 2 tinha um prefixo com o numeral 20, o rebanho 3 tinha um prefixo com o numeral 30, e o rebanho 4 tinha um prefixo com o numeral 40. Essa abordagem garante que, mesmo que um brinco ou colar com o mesmo número seja utilizado em rebanhos diferentes, o prefixo exclusivo de cada rebanho serve como um fator distintivo e facilita a identificação do rebanho específico em questão.

Os dados de pedigree, peso ao nascimento (PN) e peso ao desmame (PD) foram coletados em cada visita ao rebanho. O peso foi coletado até os 90 dias de idade, permitindo a estimativa da endogamia relacionada a essa característica. Para animais sem uma data de nascimento (DN) definida pelo proprietário, a estimativa foi realizada por meio da análise da dentição (figura3).

Figura 3 – Estimativa da idade pela dentição



Fonte: Autoria própria (2023)

Os animais que se desviarem do padrão racial estabelecido para a variedade branca da raça Morada Nova, conforme ilustrado na Figura 4, foram excluídos da pesquisa. Critérios para essa desclassificação incluem a presença de lã, a existência de chifres, pelagem chitada, e orelhas grandes e pendulares, conforme a ARCO sugere.

Figura 4 - Exemplos de animais que foram descartados.



Fonte: Autoria própria (2023)

Análise da estrutura populacional

Os dados foram tabulados e revisados para identificar possíveis inconsistências, sendo classificados de acordo com as leituras do software ENDOG 4.8 (GUTIERREZ e GOYACHE, 2005), utilizado para análise e estimativa de pedigree. Os parâmetros populacionais foram determinados com base na origem probabilística dos genes, incluindo o tamanho efetivo da população (N_e), o coeficiente de endogamia, o coeficiente médio de parentesco (AR), a integridade do pedigree e as estatísticas de Wrigth, que mediram a heterosigozidade do rebanho.

Os rebanhos foram classificados como núcleo, multiplicador, comercial e isolado, levando em consideração a forma de obtenção dos reprodutores e o processo de permuta entre os rebanhos.

Análise da Depressão endogâmica

Os coeficientes de endogamia (F) para cada animal no pedigree foram estimados seguindo o método de Meuwissen e Luo (1992) por meio do programa RENUMF90 (Misztal et al., 2014). A depressão por endogamia foi estimada por meio de um modelo animal misto, utilizando o programa BLUPF90+ (Misztal et al., 2014). Foram considerados como efeitos no modelo o efeito fixo de grupo de contemporâneos (CG), formado por sexo, rebanho e tipo de

nascimento e o efeito aleatório de animal (genético direto), além dos coeficientes de endogamia como covariáveis lineares.

A depressão por endogamia foi avaliada por meio do valor de b , ou seja, do coeficiente linear da regressão, considerando o intercepto igual a zero. Os gráficos da depressão por endogamia para PN e PD foram plotados para melhor visualização.

RESULTADOS

Estrutura Populacional

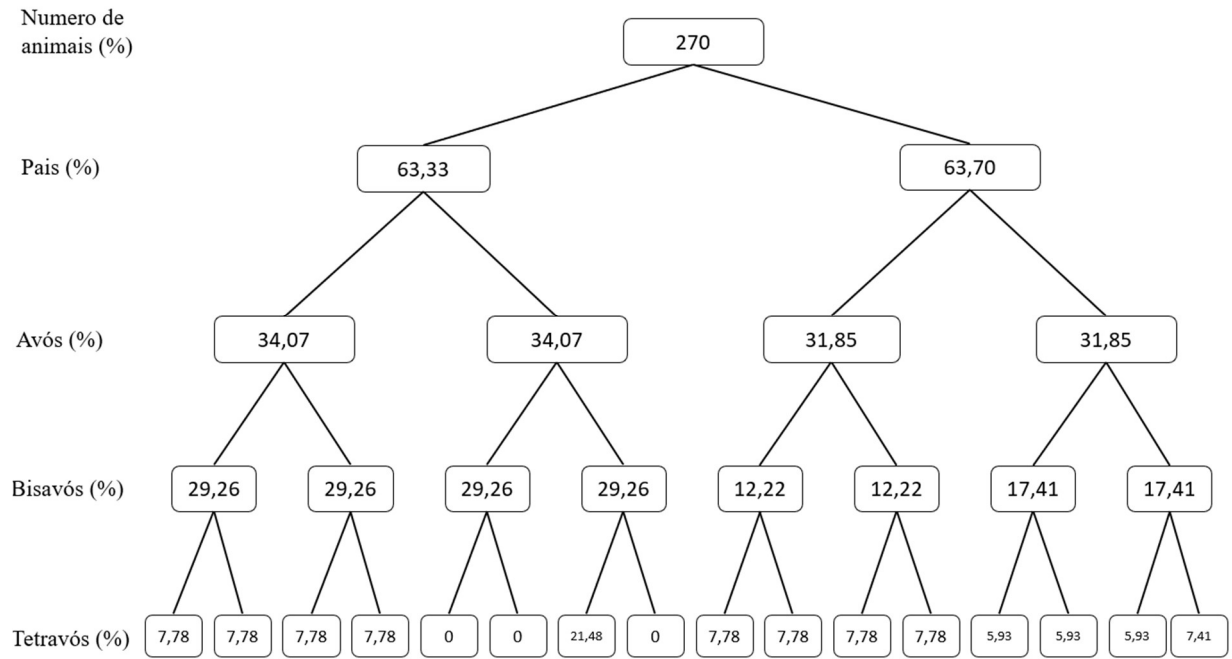
Dentre os 270 animais que foram estudados, 171 deles têm a linhagem completa de ambos os pais identificados, e esses formam o grupo de referência. Por outro lado, os outros 99 fazem parte da população principal, o que significa que pelo menos um dos pais deles não é conhecido conforme é mostrado na tabela 2.

Tabela 2 - Parâmetros populacionais da raça Morada Nova, variedade branca.

Parâmetros populacionais	Quantidade
População total	270
População base	99
População de referência	171
Endogamia média – F (%)	3,51
Coefficiente de parentesco médio – AR (%)	6,60
Número de animais que explicam 50% da variabilidade	4
Número de fundadores	110
Número de ancestrais	53
Número efetivo de fundadores – f_e	12
Número efetivo de ancestrais - f_a	10

Ao explorar a estrutura do pedigree com o auxílio da Figura 5 e analisar as medidas dos pais conhecidos, percebemos que, dos 270 animais examinados, 63,51% possuem pedigree identificado na primeira ascendência (determinado pela média dos pais conhecidos); 32,96% na segunda; 22,03% na terceira; e 6,80% na quarta. É interessante notar que a ramificação à esquerda representa a linha paterna, enquanto a ramificação à direita representa a linha materna.

Figura 5 - Estrutura de pedigree da raça Morada Nova, variedade branca com percentual de pais e avós.



Fonte: Autoria própria (2023)

Na tabela 3, podemos observar o número médio encontrado em cada geração, onde esse parâmetro é dividido em 3 classes: máxima onde encontramos o maior número de gerações que o animal pode possuir mesmo se uma de suas gerações for pela metade, a completa nos revela quantas gerações esse animal tem com pai, mãe, avô e avô conhecidos.

Tabela 3 - Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada.

Tipo de geração	Número Médio	ΔF (%)	N_e
Máxima	1,93	2,45	20,44
Completa	0,95	6,00	8,34
Equivalente	1,29	4,23	11,81

ΔF – Taxa de Endogamia; e N_e – Tamanho Efetivo Populacional

Os rebanhos da UFC, UNILAB e Governador foram classificados como Multiplicador (tabela 4), enquanto o de Francisco Dantas foi categorizado como comercial. Notavelmente, nenhum rebanho foi considerado Núcleo ou Isolado, indicando que todos eles recorrem a reprodutores externos em suas práticas de reprodução

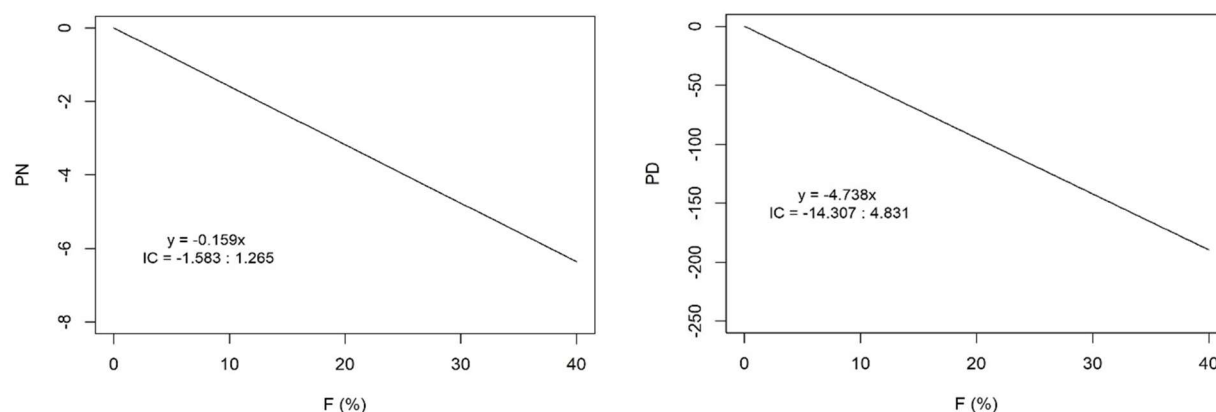
Tabela 4 - Utilização de pais internos e externos.

Rebanho	Tipo	Partos	Pais Internos	Pais Externos	Pais Internos (%)	Pais Externos (%)
1	M	133	62	71	46,62	53,38
2	M	41	1	40	2,44	97,56
4	M	41	13	28	31,71	68,29
3	C	55	0	55	0	100

M – Multiplicador; e C – Comercial.

Depressão endogâmica

Figura 6 - Depressão endogâmica para as características de crescimento peso ao nascimento e peso ao desmame.



Observando a figura 6, percebemos que o eixo horizontal (X) representa o coeficiente endogâmico, enquanto o eixo vertical (Y) está associado ao peso em quilogramas (kg). Na representação do Peso ao Nascimento (PN), a variável "y" indica a depressão endogâmica para cada incremento de 1% no coeficiente endogâmico. Em outras palavras, para cada aumento de 1%, o animal perde -0,159g de peso ao nascer. O mesmo princípio se aplica ao Peso ao Desmame (PD), ilustrado no gráfico à direita, mas aqui a perda é mais expressiva (-4,74kg), devido ao fato de o peso ao desmame ser maior.

DICUSSÃO

O presente estudo comparou o coeficiente de parentesco médio (6,60%) e a endogamia média (3,51%) com resultados obtidos por Sales et al. (2021) em um trabalho anterior realizado com a raça Morada Nova Branco. Apesar do controle rigoroso, observou-se um aumento nos efeitos abordados. Considerando que o rebanho em questão está em extinção, é crucial controlar ou, no mínimo, reduzir esses efeitos. No entanto, a endogamia média de 3,51% encontrada é considerada aceitável. Conforme Falconer e Mackey (1996), valores acima de 10% são prejudiciais. Apesar do apoio técnico recebido pelos rebanhos, os dados indicam que os efeitos em questão estão aumentando, apesar dos esforços. No entanto, a análise dos dados sugere que a população em estudo ainda mantém níveis saudáveis de diversidade genética.

O fato de apenas 4 indivíduos serem responsáveis por 50% da variabilidade genética reflete diretamente no número reduzido de ancestrais efetivos, que totaliza 53. Ao compará-los, com trabalho de Sales (2021) houve uma adição de 1 animal, em 3 anos apenas 1 animal conseguiu ser significativo para a contribuição genética no rebanho, então podemos afirmar que há uma desigualdade na utilização dos reprodutores para a população de referência, que por suas vezes é a população que nos oferece os resultados estatísticos do software Endog. Menos da metade dos ancestrais desempenha um papel significativo na preservação da variabilidade genética. Essa desigualdade na contribuição genética é característica de rebanhos que dependem excessivamente de um número limitado de animais na reprodução. Essa prática é comum, especialmente em rebanhos ovinos, onde os criadores muitas vezes priorizam fortemente as características fenotípicas de seus animais, como ocorre na raça Morada Nova (Muniz et al., 2016).

Um conceito importante para entendermos melhor como o gargalo entre a base e as populações de referência afeta a diversidade genética é a razão fe/fa , conforme destacado por Boichard, Maignel e Verrier (1997). Neste estudo em particular, esse valor foi calculado como 1,22, o que sugere que esta população está com um grau elevado de indivíduos homozigotos, possivelmente devido à endogamia. Essa análise nos mostra geneticamente os fundadores ainda estão participando de forma ativa da população referência, com esse resultado (1,22) podemos afirmar que grande parte dos indivíduos que possuem brechas em seu *pedigree* é devido a forte presença dos fundadores em sua composição genética. Resultado igual foi encontrado no estudo feito com ovinos morada nova vermelho por Emerson (2021), onde o pesquisador revela que há um desequilíbrio entre fundadores e ancestrais. Observações semelhantes de desequilíbrios

foram relatadas por outros pesquisadores em diversas raças, 1,09 nas Dorper (KIYA et al., 2019); 1,12 na Segureña (BARROS et al., 2017); e 1,7 na Baluchi (TAHMOORESPUR; SHEIKHLOO, 2011). Essas observações corroboram a importância do equilíbrio entre os fundadores e ancestrais, destacando a necessidade crítica desse equilíbrio para preservar a diversidade genética em populações animais.

O número f_a , que representa a quantidade mínima de animais necessários para abranger toda a diversidade genética da população estudada, foi observado como 10 neste estudo. Esse valor é menor em comparação com estudos anteriores, como o de Carneiro et al., 2014, realizado com Bergamácia Brasileira, e o de Gowane et al., 2013, que envolveu ovinos da raça Malpura.

A avaliação da integridade do pedigree, conforme ilustrado na Figura 5, reflete o percentual médio do pedigree completo de cada geração. Ao observarmos a transição da primeira para a segunda geração na Figura 5, notamos uma perda de informação, onde 36,67% dos animais não possuíam informações sobre pai e mãe em seus *pedigrees*. Essa análise destaca uma limitação significativa, já que a ausência de registro de animais nos rebanhos leva a uma base populacional com uma lacuna considerável de informações.

A perda de dados na base populacional compromete a integridade e a validade das análises realizadas. A falta de informações sobre os progenitores de uma parte significativa dos animais cria lacunas que afetam diretamente a precisão das conclusões, podendo resultar em uma subestimação dos resultados. De acordo com Sales e Émerson (2021), que encontraram resultados semelhantes de 45,66% e 33%, respectivamente, é crucial que os animais pertencentes ao núcleo de conservação da raça Morada Nova sejam amplamente registrados. Isso garantirá a confiabilidade dos dados para estudos futuros.

Os valores baixos observados para o número médio de gerações completas (tabela 3), que foi de 0,95, sugerem a necessidade de aprimorar o conhecimento dos ancestrais em gerações mais distantes. No entanto, um maior número médio de ancestrais remotos foi verificado para as gerações traçadas máximas, como pode ser observado na tabela. O valor médio de gerações máximas (1,93) reflete, em grande parte, o número médio reduzido de gerações completas (0,95), indicando um menor número de ancestrais conhecidos. Isso aumenta a probabilidade de um aumento significativo no incremento endogâmico (6,00) ser detectado nas gerações futuras, especialmente considerando o menor N_e (8,34) associado.

Os valores de N_e obtidos neste estudo, conforme mostrado na Tabela 3, variaram de 8,34 a 20,44. Diferenças nos valores de N_e são explicadas por Cervantes et al. (2011), que enfatizam que o aumento da endogamia e da coancestralidade assumirão valores de tamanho efetivo assintótico idêntico apenas sob um sistema regular de endogamia e com um profundo conhecimento genealógico. Uma observação crucial é que o estudo de Sales (2021) registrou um incremento endogâmico menor em comparação com o estudo atual, o qual dispunha de uma amostra mais ampla de animais e um período mais extenso de seleção. Notavelmente, a seleção em curso está direcionando o rebanho para um estado de maior endogamia ao longo do tempo, estamos relatando um estudo feito por uma raça em extinção.

A FAO (1998) recomenda um N_e de pelo menos 50 para um núcleo de melhoramento. Se considerarmos o valor calculado com base no incremento da endogamia por geração equivalente ($N_e = 11,81$), este número está significativamente abaixo da recomendação da FAO. O número encontrado por Sales (2021) revela um N_e de 13,58, ou seja, existiam mais animais geneticamente com a população referência do que atualmente em 2024, trabalhos feitos de seleção não têm sido eficazes nos ovinos morada nova branco.

Ao examinarmos a Tabela 4, fica evidente que a preferência pela utilização de pais externos é mais pronunciada em comparação com a utilização de pais internos. Essa prática desempenha um papel importante na mitigação do aumento da endogamia. No entanto, é imprescindível notar que a fonte desses pais externos pode ser resultado de permutas entre os rebanhos, o que traz à tona a preocupação de que, em vez de diminuir, a utilização de pais externos possa estar contribuindo para um aumento indesejado nos níveis de endogamia, já que trabalhos feitos em 2021 com o mesmo rebanho tenham trago resultados mais satisfatórios em relação a diversidade genética.

A estatística de Wright nos revela que o F_{it} , que avalia o desvio da casualidade nos acasalamentos, foi observado como negativa e afastada de zero. Isso sugere uma seleção a favor dos heterozigotos ou a ocorrência de exogamia (Carneiro et al., 2009), o que contribui para a manutenção da endogamia (Barros, 2012). O valor elevado de F_{st} indica uma estruturação na população, sugerindo trocas genéticas entre os grupos, sem que haja uma divisão clara na população. Esse resultado pode estar relacionado ao fato de que todos os rebanhos analisados utilizam reprodutores externos (por meio de permutas), e 75% deles comercializam seus reprodutores (conforme Tabela 4). O valor de F_{is} , existe um maior número de indivíduos com genótipo homozigotos entre as subpopulações e uma maior quantidade de heterozigotos dentro das subpopulações. Esses padrões sugerem dinâmicas interessantes de acasalamento e

variabilidade genética dentro da população, indicando uma possível influência dos processos de seleção e manejo reprodutivo.

Apesar de a depressão endogâmica não ser considerada significativa em ambos os casos, é crucial não subestimar seu potencial impacto nas características de crescimento da raça Morada Nova, especialmente na variedade branca, que possui um número reduzido de exemplares. Qualquer declínio em suas características de crescimento é motivo de preocupação, considerando a importância de preservar a robustez e vitalidade dessa raça. Além disso, trabalhar com um rebanho com poucos exemplares implica em operar no escuro, uma vez que os fundadores ainda estão ativamente contribuindo para o rebanho atual e têm poucos ancestrais disponíveis para contribuir geneticamente.

CONCLUSÃO

Não foram encontradas significâncias na depressão endogâmica em relação às características de crescimento. Os valores de endogamia e coeficiente de parentesco foram controlados e servirão como base para o desenvolvimento de um plano futuro de gestão da variabilidade genética do rebanho.

Para garantir a conservação e o melhoramento genético da raça, é fundamental implementar estratégias destinadas a aumentar o tamanho efetivo da população. Isso é fundamental para atender ao número mínimo recomendado pela FAO. Ao fazê-lo, será possível promover uma base genética mais robusta e adaptável, preparando a população para desafios futuros e oportunidades de desenvolvimento.

REFERENCIAS

- ALDERSON, L.; BODÓ, I. Genetic conservation of domestic livestock. Wallingford: CAB International. 282p, 1992.
- ARANDAS, J. K. G.; ALVES, Â. G. C.; FACÓ, O.; BELCHIOR, R. B.; SHIOTSUKI, L.; LEITE, P. M. B. De A.; RIBEIRO, M. N. Do traditional sheep breeders perform conscious selection? An example from a participatory breeding program of Morada Nova sheep. *Trop Anim Health Prod* (2017) 49:1479–1487. DOI 10.1007/s11250-017-1350- 4.
- ARCO, Padrão racial de ovinos Morada Nova. Associação Brasileira de Criadores de Ovinos, Bagé, Brasil disponível em <http://www.arcoovinos.com.br> Acesso em novembro de 2019.
- AZOR, P.J., CERVANTES, I., VALERA, M., et al. Análisis preliminar de La estructura genética Del Merino: situación de lãs estirpes tradicionales mediante análisis genealógica y molecular. *ITEA*. v.104- 2, p.295-302, 2008.
- BARROS, E. A. Estrutura populacional da raça ovina Segureña e os efeitos da endogamia sobre características de crescimento. 2012. 70 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2012.
- BARROS, E. A. Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí. Recife: UFRP, 2009. 63p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.
- BARROS, E. A. et al. Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. *Small Ruminant Research*, [s.l.], v. 149, p. 128-133, 2017.
- BARROS, E.A.; RIBEIRO, M.N.; ALMEIDA, M.J.O. et al. Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota. *Archivos de Zootecnia*, v.60, p.543- 552, 2011.
- BELCHIOR, E. B.; SHIOTSUKI, L. Melhoramento genético de base comunitária: técnicas de transferência de tecnologia para ovinos e caprinos. Brasília, DF: Embrapa, 2017.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic selection evolution*. v.29, p.5-23, 1997.
- BOURDON, R. M. Strategies Based on Pedigree Relationship: Inbreeding and Outbreeding. In: BOURDON, Richard M. *Understanding Animal Breeding*. 2. ed. London: Pearson Education Limited, 2014. Cap. 17. p. 337-371.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de selecao em populacoes obtidas por simulacao. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.33, p.2017- 2025, 2004.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS-FILHO, R. 2009. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 38, 2327-2334.
- CERVANTES, I. et al. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, [s.l.], v. 128, n. 1, p. 56- 63, 2011.

CURI, R.A.; MEIRA, C.T.; BELTRÁN, N.A.R.; SILVA, J.A.I.V.; MOTA, M.D.S. 2013. Seleção assistida por marcadores para o melhoramento do desempenho de equinos em corridas. Boletim de Indústria Animal, vol. 70, nº 1, pp. 88-102..

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

EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. Archivos de Zootecnia, v.51, p.39-52, 2002.

ETEQADI, B.; HOSSEIN-ZADEH, N. G.; SHADPARVAR, A. A. Population structure and inbreeding effects on body weight traits of Guilan sheep in Iran. Small Ruminant Research, [s.l.], v. 119, n. 1-3, p. 45-51, 2014.

Façanha DAE, de Assunção MAV, Ferreira J, Leite JHGM, da Silva WST, Bermejo Asensio LA, de Sousa JER, Sarries GA, Silveira RMF. Adaptive dynamics of indigenous sheep in Canary Islands, Spain: A machine learning approach. Int J Biometeorol. 2023.

FACÓ, O.; PAIVA, S. R.; ALVES, L. de R. N.; LÔBO, R. N. B.; VILLELA, L. C. V.; Raça Morada Nova: Origem, Características e Perspectivas. Sobral-CE: Embrapa Carpinos e Ovinos, 2008.

FAIR, M.D. VAN WYK, J.B.; CLOETE, S.W.P. Pedigree analysis of an ostrich breeding flock. South African Journal of Animal Science, South African, v. 42, p. 114-122, 2012.

Falconer, D. S. (1987). Introduction to quantitative genetics. Longman.

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics, fourth ed. Longman.

FAO, 1998. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Page 63 in Management of Small Populations at Risk. Food Agric. Org. United Nations, Rome, Italy.

GOWANE, G.R. et al. Population structure and effect of inbreeding on lamb growth in Bharat Merino sheep. Small Ruminant Research, [s.l.], v. 114, n. 1, p.72-79, 2013.

GOYACHE, F; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I. et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. Journal Animal Breeding and. Genetics, v.120, p.95-103, 2003.

GUTIÉRREZ, J.P., GOYACHE, F., 2005. A note on ENDOG: A computer program for 431 analysing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122, 172–176. 432 doi:10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x.

GUTIÉRREZ, J.P., GOYACHE, F., 2005. A note on ENDOG: A computer program for 431 analysing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122, 172–176. 432 doi:10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x.

HALL, S.J.G. and D.G. BRADLEY. 1995. Conserving livestock breed biodiversity. TREE, 10: 267-270.

HILL, W.G. E ffective size of populations with overlapping generations. Theoretical Population Biology. v. 3, p.278-288, 1972.

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

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

MacCLUER, J. W., SCHELHAS, J., & HANIS, C. L. (1983). Pedigree analysis and its applications in population genetics and epidemiology with special reference to inbreeding. In *Genetic Epidemiology: Selected Papers from the 1982 International Conference on Genetic Epidemiology* (pp. 455-474). Alan R. Liss.

MARIANTE, A. DA S.; CAVALCANTE, N. *Animais do Descobrimento: Raças Domésticas da História do Brasil*. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. 2006. 232 p.

MCMANUS, C. et al. Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42, 404–413, 2013.

MCMANUS, C. et al. Pedigree analysis of Brazilian Morada Nova hair sheep. *Small Ruminant Research*, [s.l.], v. 170, p.37-42, jan. 2019.

MCMANUS, C.; PAIVA, S.R.; ARAUJO, R.O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 39, 236–246, 2010.

Meuwissen THE, Luo Z (1992) Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution* 24(4):305-313. Misztal I (2002) REMLF90 Manual.

MEUWISSEN, T. H. E. Operation of conservation schemes. In: OLDENBROEK, J. K. (Ed.). *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. The Netherlands: ID-DLO, 1998. p.113-119.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A. and Vitezica, Z. *Manual for BLUPF90 family of programs*. 2014.

MORAIS, O.R. O melhoramento genético dos ovinos no Brasil. In: *Melhoramento genético aplicado a produção animal*. 4.ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2004. Cap. 16, p.358- 371.

MUNIZ, M. M. M. et al. Application of genomic data to assist a community-based breeding program: a preliminary study of coat color genetics in Morada Nova sheep. *Livestock Science*, v.190, p. 89-93, 2016.

MUNIZ, M. M. M. et al. Características raciais de ovinos da raça Morada Nova e seus impactos sobre o descarte involuntário de animais: resultados preliminares. In: *REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA*, 49, 2012, Brasília. Anais [...] Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2012.

Nunes, Samuel Freitas. *CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E DIVERSIDADE GENÉTICA DE OVINOS DA RAÇA MORADA NOVA VARIEDADE BRANCA* / Samuel Freitas Nunes. - 2020.

OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzera. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.28, p.721-728, 1999.

PAIVA, S. R. et al. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep.: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, [s.l.], v. 43, n. 7, p. 1449-1457, 2 mai. 2011.

PEREIRA, J. C. C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 3. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2001. p. 320-330.

PICCOLI, M.L.; BRACCINI NETO, J.; PIMENTEL, C.M. M.; COBUCCI, J.A.; BARCELLOS, J.O.J.; GAMA, L.T. Parâmetros populacionais da raça Shorthorn criada no Brasil. In: IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, João Pessoa, 2012. Anais ... João Pessoa, 2012.

R CORE TEAM (2019). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

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

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

TEIXEIRA NETO, M. R. et al. Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, [s.l.], v. 48, n. 12, p.1589-1595, dez. 2013.

TINO, Camila Renata de Souza. Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros. 2016. 80 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Biologia, Universidade Estadual Paulista, Dracena, 2016.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIERREZ J.P. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Science*, v.95, p.57–66, 2010.

VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIERREZ J.P. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Science*, v.95, p.57–66, 2005

VENCOVSKY, R. Análise de variância de frequências alélicas. *Revista Brasileira de Genética*, v. 15, p. 53-60, 1992.

WRIGHT S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. the measurement of inbreeding and relationship. *Journal of Heredity*, v.14, p.339-348, 1923

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

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