

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE MESTRADO**

**ESTRUTURA POPULACIONAL DE REPRODUTORES DA
RAÇA GIR LEITEIRO**

Roseane de Souza Carlos

CAMPO GRANDE, MS
2018

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MATO GROSSO DO SUL
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL
CURSO DE MESTRADO**

**ESTRUTURA POPULACIONAL DE
REPRODUTORES DA RAÇA GIR LEITEIRO**

Roseane de Souza Carlos

Orientador: Prof. Dr. Fábio José Carvalho Faria

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, como requisito à obtenção do título de Mestre em Ciência Animal.

Área de concentração: Produção Animal.

CAMPO GRANDE, MS
2018

Certificado de aprovação

ROSEANE DE SOUZA CARLOS

Estrutura populacional de reprodutores da raça Gir leiteiro

Population structure of Gir Leiteiro breed

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Mato Grosso
do Sul, como requisito à obtenção do
título de mestra em Ciência Animal.

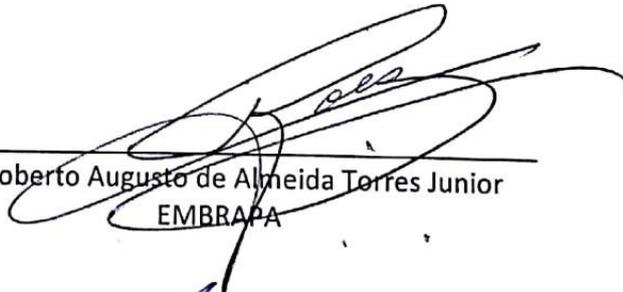
Área de concentração:
Produção Animal.

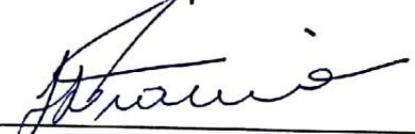
Aprovado(a) em: 26-02-2018

BANCA EXAMINADORA:



Dr. Fabio Jose Carvalho Faria
(UFMS) – (Presidente)


Dr. Roberto Augusto de Almeida Torres Junior
EMBRAPA


Dr. Gumercindo Loriani Franco
UFMS

*Aos meus pais, pelas palavras de apoio, carinho e incentivos
para seguir firme nos estudos e concluir mais esta etapa da minha vida.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, por me fortalecer e iluminar a cada momento difícil de minha vida.

Aos meus pais, Francisco Carlos e Maria Rosa de Souza Carlos, que sempre me incentivaram a continuar estudando, com todo apoio e alicerce necessário para que eu concluísse esse projeto.

Aos meus irmãos, Alberto de Souza Carlos e Ananda de Souza Carlos, pelo carinho e compreensão para continuar sempre forte e firme no meu trabalho.

Ao meu noivo, Gabriel Winter Castilho, um grande companheiro, pelas palavras de apoio e incentivos para que eu chegasse a este momento.

Agradeço também ao Prof. Dr. Fábio José Carvalho Faria, por toda contribuição neste trabalho e conhecimentos essenciais para minha formação.

Ao programa de Pós-Graduação em Ciência Animal juntamente com os docentes, que de alguma forma contribuíram nesta formação.

Ao CNPq, pelos recursos financeiros através da concessão da bolsa de estudos.

“A confiança em si mesmo é o primeiro segredo do sucesso”.

(Ralph Waldo Emerson)

RESUMO

SOUZA, R.C. Estrutura populacional de reprodutores da raça Gir Leiteiro. 2018. 30f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2018.

O objetivo foi analisar a estrutura populacional de reprodutores da raça Gir Leiteiro. Foram utilizadas informações genealógicas de 338 touros da raça Gir Leiteiro com sêmen disponível em centrais de inseminação. O arquivo de pedigree gerado totalizou informações de 2.680 animais. Foram identificados 106 criadores, dos quais 4,72% foram responsáveis por 32,54% dos reprodutores. A integridade do pedigree na geração dos reprodutores em centrais foi de 100%, todavia, no arquivo geral foi de 76%. O intervalo médio de geração foi de 11 anos para os reprodutores em central. O coeficiente de endogamia médio populacional manteve-se praticamente constante nas três últimas gerações (1,70%; 1,70% e 1,60%). Houve aumento na proporção dos animais endogâmicos (33%; 44% e 63%) e na relação de parentesco (1,60%; 2,30% e 2,60%). Do total de 563 ancestrais que contribuíram para a população de referência, 37 explicaram 50% da variabilidade genética da população, e até a última geração essa mesma contribuição foi dada por apenas oito ancestrais. O número efetivo de fundadores variou de 120 a 49 nas três últimas gerações e o de ancestrais variou de 93 a 21. Os cinco ancestrais mais influentes na raça contribuem com 16,13% dos genes, e na última geração os cinco principais indivíduos foram responsáveis por 42% dos genes existentes na raça. Somente 5,61% dos pais identificados no arquivo foram responsáveis por 41% dos reprodutores em centrais de IA. Os resultados apontam a presença de um forte efeito gargalo no pedigree relacionado ao uso intenso de poucos animais.

Palavras-chave: Endogamia. Pedigree. Variabilidade genética.

ABSTRACT

SOUZA, R.C. Population structure of Gir Leiteiro bulls. 2018. 30 f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Campo Grande, MS, 2018.

The aim was to analyse the population structure of Gir Leiteiro bulls. Pedigree files were generated on the information of 338 Gir Leiteiro bulls with available semen at artificial insemination centres. The created pedigree data comprised 2,680 animals. A total of 106 breeders were identified, of which 4.72% were responsible for 32.54% of the bulls. The pedigree completeness in current generation was 100%, while it was of 76% in the fully pedigree data. Average generation interval was by 11 years in AI bulls. The mean inbreeding coefficient remained constant over three last generations (1.7%, 1.7% and 1.6%). There was an increase of inbred animals (33%, 44% and 63%) and on their genetic relationship (1.6%, 2.3% and 2.6%). The effective number of ancestors contributing to reference population was 563 animals, from which 50% of the total genes are explained by 37 animals. At the last generation 50% of the genes are contributed by only eight animals. The effective number of founders ranged from 120 to 49 and from 93 to 21 for the effective number of ancestors at last three generations. The most five influential ancestors accounted for 16.13% of the genes in the population, and at the current generation only five bulls accounted for 42% of the genes in the studied population. Only 5.61% of identified sires in the data were responsible for 41% of the bulls at AI centres. These results pointed out the strongest bottleneck effect in the pedigree related to the intense use of few animals.

Keywords: Inbreeding. Pedigree. Genetic variability.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	9
1.1 Raça Gir Leiteiro.....	10
1.2 Endogamia.....	10
1.3 Efeito fundador.....	12
1.4 Intervalo de geração	12
REFERÊNCIAS	14
ESTRUTURA POPULACIONAL DE REPRODUTORES DA RAÇA GIR LEITEIRO	16
Introdução	18
Material e Métodos	19
Resultados e Discussão	21
Conclusões	28
REFERÊNCIAS	29

1 INTRODUÇÃO

Tecnologias como a inseminação artificial, transferência de embriões e a fecundação *in vitro* fizeram acelerar o ganho genético. Contudo, essas técnicas reprodutivas aliadas a ferramentas de avaliação genética podem conduzir a alterações na estrutura genética das populações, já que proporcionam o uso intenso de poucos reprodutores (Pedrosa et al., 2010).

Dessa maneira, pode ocorrer uma contribuição desigual de progênie por reprodutores, que resultará em aumento da variância no tamanho das famílias. Além disso, o uso prolongado de reprodutores contribui para o aumento dos níveis de endogamia e provoca a diminuição do tamanho efetivo das populações de animais domésticos (Canaza-Cayo et al., 2014).

Alguns dos efeitos genéticos da endogamia sobre as populações domésticas são, o aumento da homozigose e diminuição da heterozigose. Favorecem a identificação de alelos recessivos com efeitos deletérios, mas, podem causar perdas de genes por flutuações na frequência gênica (Falconer e Mackay, 1996). Desse modo, afetam negativamente o desempenho produtivo das características de interesse econômico (Precy et al., 2014).

Informações de pedigree, têm sido muito utilizadas para avaliar e determinar a variabilidade genética e a estrutura populacional de diversas raças de animais domésticos, por meio de parâmetros como a taxa de endogamia, tamanho efetivo populacional, número efetivo de fundadores e ancestrais. Com isso é possível monitorar as consequências das estratégias de seleção durante as gerações (Faria, 2002).

Diante desse cenário são imprescindíveis o controle e o monitoramento da evolução dos rebanhos bovinos, para que seja possível uma melhor utilização dos recursos genéticos disponíveis.

1.1 Raça Gir Leiteiro

A raça Gir é originada da península de Kathiawar, na Índia, e seus primeiros exemplares foram introduzidos no Brasil por volta de 1906 pelo criador do Triângulo Mineiro, Teófilo Godoy, com objetivo de criação e adaptação (ABCZ, 2017). Como o Brasil tinha grandes extensões de terras e um clima muito parecido, o foco da importação inicial do Gir foi a produção de carne (ABCZ, 2017).

As importações de 1930 a 1962 foram responsáveis pela formação da raça Gir no Brasil, e estes animais encontraram ambiente propício para desenvolver a sua capacidade produtiva (ABCZ, 2017). O objetivo brasileiro era a formação de um rebanho nacional para corte, contudo, na Índia a seleção dos animais visava a produção de leite. Nas importações que ocorreram ao longo desse período acabaram vindo animais com potencial leiteiro. Dessa maneira, deu-se o início da seleção de animais para a produção de leite em poucos criatórios (ABCGIL, 2017).

Em 1980 foi fundada a Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro (ABCGIL), e em 1985 a Embrapa Gado de Leite e a ABCGIL implantaram o programa nacional de melhoramento genético do Gir Leiteiro (PNMGIL) (ABCZ, 2017). Com o início do programa de melhoramento genético houve acentuado ganho genético na raça e a troca de material genético entre os rebanhos (ABCGIL, 2017).

Desde o início do programa de melhoramento e da publicação dos resultados do primeiro grupo do teste de progênie, a raça mostrou grande impacto na comercialização de sêmen nacional de gado leiteiro. Contabiliza-se até o momento 635 touros provados com sêmen disponibilizado para o mercado. Desde então, os resultados são lançados anualmente e as informações servem para orientação na compra de sêmen. Dados da Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA) revelaram que em 1997 foram vendidas 181.713 mil doses de sêmen da raça e chegou a 684.259 mil doses comercializadas em 2014 (ASBIA, 2014).

1.2 Endogamia

A endogamia é o acasalamento entre animais aparentados, logo, para um indivíduo ser considerado endogâmico, é necessário que em sua linha de ascendência (paterna e materna), esteja presente pelo menos um ancestral comum (Queiroz et al., 2000). O valor

do coeficiente de endogamia (F) de um indivíduo depende do grau de parentesco existente entre os seus pais. Demonstrado pela fórmula:

$$F_x = \sum_{\Omega} \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n_p + n_m} (1 + F_a) \right], \text{ em que:}$$

F_x = Coeficiente de endogamia do indivíduo X;

$\frac{1}{2}$ = Cada geração os indivíduos fornecem metade dos seus genes aos descendentes;

$N_{m,p}$ = Número de gerações entre o pai/mãe do indivíduo X e o ancestral comum;

F_a = Coeficiente de endogamia do ancestral comum a partir do qual a linha de descendência se divide;

Ω = Conjunto dos ancestrais comuns aos pais do indivíduo X.

Como em qualquer loco de um indivíduo existem dois alelos, um do pai e outro da mãe, e cada geração, os indivíduos fornecem metade de seus alelos aos descendentes. O coeficiente de endogamia é a probabilidade de que os dois alelos sejam idênticos por descendência (Nicholas, 1987). Contudo, deve ser interpretado como uma probabilidade ou como um provável número médio de genes em homozigose, em que, o indivíduo X tem uma chance maior de ser homozigoto, em relação a indivíduos não endogâmicos na população.

A endogamia pode alterar a frequência genotípica e subdividir a população em subgrupos, de tal maneira que a variabilidade genética diminui dentro dos grupos e aumenta entre os mesmos (Falconer e Mackay, 1996). O seu principal efeito é aumentar na população a proporção de indivíduos homozigotos. Isto pode acarretar aparecimento de defeitos fenotípicos, uma vez que os genes deletérios são recessivos e, suas expressões estavam acobertadas pelos alelos dominantes.

Essas alterações podem levar a depressão endogâmica, que é a redução dos valores fenotípicos da população. Características ligadas a reprodução e adaptabilidade, como, fertilidade, taxa de desenvolvimento, sobrevivência, são as mais afetadas (Bolormaa et al., 2015; Parland et al., 2009; Queiroz et al., 2000). Diante disso, é necessário seu acompanhamento, para amenizar possíveis problemas que possam ocorrer em função do seu aumento.

1.3 Efeito fundador

Efeito fundador ocorre quando uma nova população é formada a partir de poucos indivíduos da população original. Os indivíduos da população inicial possuem certa diversidade genética e quando apenas um pequeno número de indivíduos dessa população se reproduz, há a formação de uma subpopulação com apenas parte dos alelos da população original. Essa nova população possuirá uma variação genética reduzida em relação a original (Boichard et al., 1997).

Os programas de melhoramento genético e as biotecnologias de reprodução, proporcionaram o uso intenso de alguns poucos animais provados, que acabam dando origem a um grande número de filhos (Pedrosa et al., 2010). A medida que alguns indivíduos deixam mais descendentes do que outros, as gerações subsequentes irão descender de relativamente poucos indivíduos, ocasionando estrangulamentos no pedigree ou “efeito gargalo”.

Efeito gargalo é a diminuição do número de indivíduos de uma geração a outra, e segundo Boichard et al. (1997), resulta em diminuição de diversidade genética, pois a cada geração o pool gênico se distancia ainda mais da população original, sendo a principal causa de perda alélicas nas populações.

Além de perdas de diversidade genética atribuídas as influências de um forte estrangulamento, também ocorrem por deriva genética ao acaso. De acordo com Falconer e Mackay (1996), quanto menor o tamanho da população ou das gerações, maior será a perda de diversidade genética.

Lacy (1989) recomenda aumentar a representação de fundadores com pouca contribuição na população, ou então, diversificar o número de touros na reprodução para não ocorrer grandes perdas de diversidade genética, devido ao efeito fundador e da deriva genética.

1.4 Intervalo de geração

Para os programas de melhoramento genético uns dos aspectos mais importante é a rapidez com que o ganho genético é passado para as gerações seguintes, por isso a importância do intervalo de geração (IG), que é definida pela média da idade dos pais ao nascimento dos seus filhos (James, 1977).

Em geral as raças de leite apresentam um longo IG, devido a diversos fatores, no caso das vias gaméticas dos machos, estão ligados ao teste de progênie e as biotecnologias de reprodução, que proporcionam o uso prolongado de certos reprodutores (Oliveira et al., 2011). Enquanto que nas vias gaméticas da vaca, estão ligadas a sua vida reprodutiva, iniciar mais tarde em torno de 30 a 36 meses e durar mais tempo (Cañas-Álvares et al., 2014).

Infelizmente, intervalo de geração longo é motivo de preocupação, pois significa que, o progresso genético é lento, a taxa de reposição é baixa, o uso de touros jovens é pequeno, resultando em pouco incremento de genética nova no rebanho (Santana Jr. et al., 2016). Neste sentido, deve-se então achar um ponto de equilíbrio, optar por um intervalo que amenize ao máximo o incremento de endogamia, mas que também proporcione ganhos genéticos mais rápidos. E se for pensar em conservação ou diversidade genética, os intervalos mais longos evitam a rápida acumulação da endogamia.

REFERÊNCIAS

- ABCZ - Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. **Gir**. Disponível em: <<http://www.zebu.org.br/Home/Conteudo/15848-Gir-Leiteiro>> Acessado em: Mar. 03, 2017.
- ABCGIL - Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro. **Característica do Gir Leiteiro**. Disponível em: <<http://www.girleiteiro.org.br/?conteudo,150>> Acessado em: Mar. 05, 2017.
- ASBIA - Associação Brasileira de Inseminação Artificial. **Relatório index do ano de 2014**. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2014.pdf>>. Acessado em: Out. 01, 2018.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet. Sel. Evol.**, v.29, p.2-23, 1997.
- BOLORMAA, S.; PRYCE, J. E.; ZHANG, Y.; REVERTER, A.; BARENDSE, W.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Non-additive genetic variation in growth, carcass and fertility traits of beef cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.47, n.26, 2015.
- CAÑAS-ÁLVARES, J. J.; GÓNZALEZ-RODRÍGUEZ, A.; MARTÍN-COLLADO, D.; AVILÉS, C.; ALTARRIBA, J.; BARO, A.; DE LA FUENTE, L. F.; DÍAZ, C.; MOLINA, A.; VARONA, L. AND PIEDRAFITA, J. Monitoring changes in the demographic and genealogical structure of the main Spanish local beef breeds. **Journal Animal Science**, v.92, p.4364-4374, 2014.
- CANAZA-CAYO, A. W.; LOPES, P. S.; SILVA, M. V. G. B.; COBUCI, J. A.; TORRES, R. A.; MARTINS, M. F.; ARBEX, W. A. 2014. Estrutura populacional da raça Girolando. **Ciência Rural**, v.44, p.2072-2077, 2014.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introducción a la genética cuantitativa**. 4 ed. Zaragoza: ACRIBIA, 1996. 96p.
- FARIA, F. J. C. Estrutura genética das populações registradas. 2002. 177 p. **Tese** (Doutorado em Ciência Animal) - Escola de Veterinária da UFMG/ Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2002.
- JAMES, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. **Animal Science**, 24(1), p.109-112, 1977.
- LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founders equivalentes and founders genome equivalentes. **Zoo Biology**, v.8, p.111-123, 1989.
- NICHOLAS, F.W. **Veterinary Genetics**. 1. ed. University of Sydney, 1987. p.363-385.

OLIVEIRA, P. S.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; PEDROSA, V. B.; OLIVEIRA, E. C. M.; ELER, J. P. E FERRAZ, J. B. S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.639-647, 2011.

PARLAND, S.M. KEARNEY, F. BERRY, D. P. Purging of inbreeding depression within the Irish Holstein-Friesian population. **Genetics Selection Evolution**, v.41, n.16, 2009.

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

PRECY, J.E. et al. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.46, n.71, 2014.

QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Rev. Bras. Zootec.**, v.29, n.4, p.114-119, 2000.

SANTANA Jr, M. L.; PEREIRA, R. J.; BIGNARDI, A. B.; AYRES, D. R.; MENEZES, R. G. O.; SILVA, L. O. C.; LEROY, G.; MACHADO, C. H. C.; JOSAHKIAN, L. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. **Livestock Science**, v.187, p.6-15, 2016.

ESTRUTURA POPULACIONAL DE REPRODUTORES DA RAÇA GIR LEITEIRO

Roseane de Souza Carlos¹, Fabio José Carvalho Faria²

¹Mestranda do Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, UFMS

²Professor da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UFMS

E-mail: roseanesouzarc@gmail.com

Resumo – O objetivo foi analisar a estrutura populacional de reprodutores da raça Gir Leiteiro. Foram utilizadas informações genealógicas de 338 touros da raça Gir Leiteiro com sêmen disponível em centrais de inseminação. O arquivo de pedigree gerado totalizou informações de 2.680 animais. Foram identificados 106 criadores, dos quais 4,72% foram responsáveis por 32,54% dos reprodutores. A integridade do pedigree na geração dos reprodutores em centrais foi de 100%, todavia, no arquivo geral foi de 76%. O intervalo médio de geração foi de 11 anos para os reprodutores em central. O coeficiente de endogamia médio populacional manteve-se praticamente constante nas três últimas gerações (1,70%; 1,70% e 1,60%). Houve aumento na proporção dos animais endogâmicos (33%; 44% e 63%) e na relação de parentesco (1,60%; 2,30% e 2,60%). Do total de 563 ancestrais que contribuíram para a população de referência, 37 explicaram 50% da variabilidade genética da população, e até a última geração essa mesma contribuição foi dada por apenas 8 ancestrais. O número efetivo de fundadores variou de 120 a 49 nas três últimas gerações e o de ancestrais variou de 93 a 21. Os cinco ancestrais mais influentes na raça contribuem com 16,13% dos genes, e na última geração os cinco principais indivíduos foram responsáveis por 42% dos genes existentes na raça. Somente 5,61% dos pais identificados no arquivo foram responsáveis por 41% dos reprodutores em centrais de IA. Os resultados apontam a presença de um forte efeito gargalo no pedigree relacionado ao uso intenso de poucos animais.

Palavras-chave: Endogamia, contribuição genética, diversidade genética, efeito gargalo.

POPULATION STRUCTURE OF GIR LEITEIRO BULLS

Abstract – The aim was to analyse the population structure of Gir Leiteiro bulls. Pedigree files were generated on the information of 338 Gir Leiteiro bulls with available semen at artificial insemination centres. The created pedigree data comprised 2,680 animals. A total of 106 breeders were identified, of which 4.72% were responsible for 32.54% of the bulls. The pedigree completeness in current generation was 100%, while it was of 76% in the fully pedigree data. Average generation interval was by 11 years in AI bulls. The mean inbreeding coefficient remained constant over three last generations (1.7%, 1.7% and 1.6%). There was an increase of inbred animals (33%, 44% and 63%) and on their genetic relationship (1.6%, 2.3% and 2.6%). The effective number of ancestors contributing to reference population was 563 animals, from which 50% of the total genes are explained by 37 animals. At the last generation 50% of the genes are contributed by only 8 animals. The effective number of founders ranged from 120 to 49, and from 93 to 21 for the effective number of ancestors at last three generations. The most five influential ancestors accounted for 16.13% of the genes in the population, and at the current generation only five bulls accounted for 42% of the genes in the studied population. Only 5.61% of identified sires in the data were responsible for 41% of the bulls at AI centres. These results pointed out the strongest bottleneck effect in the pedigree related to the intense use of few animals.

Key Words: Inbreeding, genetic contribution, genetic variability, bottleneck effect.

Introdução

A raça Gir é originada da península de Kathiawar, na Índia, seus primeiros exemplares foram introduzidos no Brasil por volta de 1906 (ABCZ, 2017). Como o Brasil tinha grandes extensões de terras e um clima muito parecido, o foco da importação do Gir foi a produção de carne (ABCZ, 2017). Contudo, na Índia a seleção dos animais visava a produção de leite. Logo, nas importações que ocorreram vieram também animais com ótimo potencial leiteiro. Desse modo, começou a seleção dos animais para a produção de leite pelos próprios criadores (ABCGIL, 2017).

Com o início do programa de melhoramento genético do Gir Leiteiro em 1985, houve um acentuado ganho genético a raça, e troca genética entre os rebanhos, ou seja, até então os rebanhos que eram consanguíneos começam a se abrir e a ter variabilidade genética (ABCGIL, 2017). Desde o início do programa de melhoramento e publicação do primeiro teste de progênie, muitos touros provados com sêmen disponível no mercado foram usados, o que deu base para a comercialização de sêmen.

Contudo, como consequência dessa prática, ocorrem contribuições desiguais de progênies por reprodutores e um forte estrangulamento nos pedigrees (Santana Jr. et al., 2014), ocasionando a alteração da estrutura populacional (Pedrosa et al., 2010). Além disso, o uso prolongado de reprodutores contribui para o aumento dos níveis de endogamia (Canaza-Cayo et al., 2014), influenciando negativamente o desempenho produtivo das características de interesse econômico a longo prazo (Bolormaa et al., 2015).

Diante desse cenário é imprescindível o controle e o monitoramento da evolução dos rebanhos bovinos, por meio de informações de pedigree, para prevenir perdas na variabilidade genética e aumentos nos níveis de endogamia, com a possibilidade de causar prejuízos tanto para a raça como para os criadores (Neto et al., 2012).

O estudo sobre a estrutura das populações dos animais domésticos é determinante na identificação dos fatores que afetam a evolução genética das populações. Dessa forma, o objetivo desse trabalho é analisar a estrutura populacional de reprodutores da raça Gir Leiteiro com sêmen disponível em centrais de coleta e processamento de sêmen bovino.

Material e Métodos

Foram obtidas informações de 338 reprodutores da raça Gir Leiteiro, nascidos no período de 1987 a 2014, com sêmen disponível em centrais de inseminação. A partir do acesso a consulta pública do livro genealógico da Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), foi possível retroceder o pedigree dos animais de centrais até onde não existiam mais informações, totalizando dados genealógicos de 2.680 animais, 1.065 machos e 1.615 fêmeas, nascidos no período entre 1924 a 2014.

O arquivo utilizado continha informações de central, nome, registro, pai, mãe, raça, categoria de registro* (Puro de Origem, Livro Aberto, Importado), tipo de parto (fertilização *in vitro* (FIV), transferência de embrião (TE) e inseminação artificial (IA)/monta natural), data de nascimento, sexo, criador, proprietário, estado de origem e genealogia.

Para quantificar o número de pais e mães foi utilizado o programa SAS/STAT[®] 13.2, para as análises da estrutura genética da população foi utilizado o programa ENDOG 4.8 (Gutiérrez e Goyache, 2005). Os animais importados e com pais desconhecidos foram considerados como fundadores.

As informações do pedigree foram avaliadas para o cálculo do índice de integridade do pedigree, definido como a proporção de ancestrais conhecidos em cada geração. Calculou também o intervalo médio de geração, definido pela média da idade dos pais ao nascimento dos seus filhos (James, 1977), apenas nas vias pai-filho e mãe-filho.

Calculou-se ainda o número máximo de gerações traçadas, que corresponde ao número de gerações que separam o indivíduo do seu ancestral mais distante, com pais desconhecidos. O número de gerações completas traçadas, refere-se ao número de gerações mais distante que separam o indivíduo do seu ancestral conhecido mais distante. Além do número de gerações equivalentes, obtidos a partir da soma dos termos $(\frac{1}{2})^n$ de todos os antepassados conhecidos, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (Gutiérrez e Goyache, 2005).

Foi calculado também o coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo, definido como a probabilidade de um dado alelo escolhido aleatoriamente na população ser de um determinado animal, ou seja, é a representação do indivíduo na população (Gutiérrez e Goyache, 2005).

O coeficiente de endogamia individual foi estimado conforme a descrição de Falconer e Mackay (1996), assim como o coeficiente médio de endogamia da população, definido como a probabilidade de que os dois alelos em um loco, sejam idênticos por descendência. Demonstrado pela seguinte fórmula:

$$F_x = \sum_{\Omega} \left[\left(\frac{1}{2} \right)^{n_p + n_m} (1 + F_a) \right]$$

F_x = Coeficiente de endogamia do indivíduo X;

$\frac{1}{2}$ = Cada geração os indivíduos fornecem metade dos seus genes aos descendentes;

$N_{m,p}$ = Número de gerações entre o pai/mãe do indivíduo X e o ancestral comum;

F_a = Coeficiente de endogamia do ancestral comum a partir do qual a linha de descendência se divide;

Ω = Conjunto dos ancestrais comuns aos pais do indivíduo X.

Para descrever a variabilidade genética da população usamos a probabilidade de origem do alelo. Avalia-se os alelos que originaram a população ainda permanecem nas gerações atuais (Boichard et al., 1997). Um deles é o número efetivo de fundadores (f_e), definido como o número de fundadores com contribuições balanceadas que se poderia esperar para contribuir a mesma diversidade genética da população em estudo (Lacy, 1989). É estimado pela seguinte equação proposta por Boichard et al. (1997):

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}, \text{ em que:}$$

$\sum_{k=1}^f q_k^2$ = Somatório da contribuição esperada do número de progênies (q_k) do k fundador na população.

Como o método anterior não considera os possíveis estrangulamentos que podem ocorrer na população, uma das principais causas de perda dos alelos, já que não contabiliza as perdas pelo uso desbalanceado dos animais reprodutores. Então calculou-se o número efetivo de ancestrais (f_a), definido como o número mínimo de ancestrais,

fundadores ou não, que explicam a diversidade genética da população, através do método proposto por Boichard et al. (1997):

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}, \text{ em que:}$$

$\sum_{k=1}^f p_k^2$ = É a contribuição marginal do antepassado k.

Essa contribuição “marginal” é dada pelas contribuições ainda não explicadas por outro antepassado. Os coeficientes f_e e f_a permitem ainda calcular a perda da variabilidade genética produzida pelo efeito gargalo, dado pela relação f_e/f_a .

Resultados e Discussão

Touros por central

Os 338 reprodutores estão distribuídos em nove centrais de coleta e comercialização de sêmen, destas, apenas três centrais detém 75,74% dos animais. Dos reprodutores com sêmen disponível 55,62% foram gerados por meio de TE e FIV, o restante por IA (Figura 1).

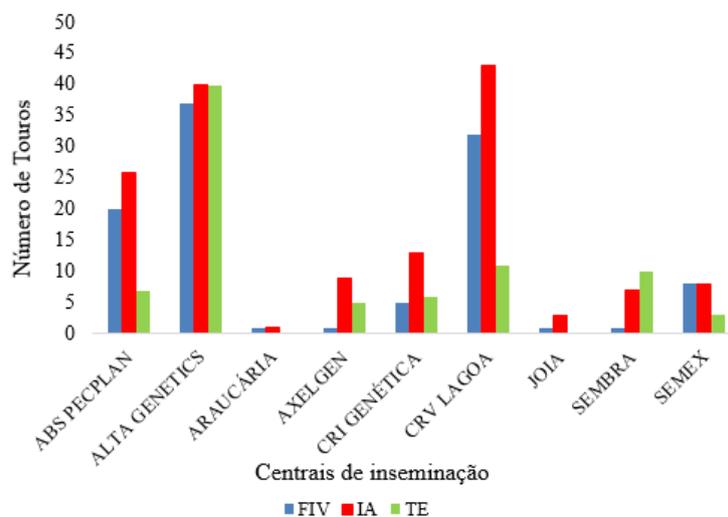


Figura 1. Proporção de touros conforme o tipo de parto nas diferentes centrais de inseminação.

Esses números vêm de encontro com os dados da Associação Brasileira de Inseminação Artificial (ASBIA), detectaram que em 1997 foram vendidas 181.713 mil doses de sêmen da raça, chegando em 2014 a 684.259 mil doses, uma evolução de mais de 276,56% (ASBIA, 2014). Os dados demonstram as vantagens que as técnicas de reprodução juntamente com o programa de melhoramento proporcionaram a raça, as quais permitiram acelerar o ganho genético e aumentar o potencial reprodutivo dos machos (Roos et al., 2015).

Número de touros por criador

Foram identificados 106 criadores dos 338 reprodutores com sêmen disponível nas centrais de inseminação. Cinco deles possuem de 13 a 27 reprodutores, representando uma parcela de 4,72% que são responsáveis por 32,54% (110) dos reprodutores, enquanto que 95,28% (101) dos criadores detém 67,46% (228) dos reprodutores. Estes possuem em média de 1 a 9 reprodutores apenas.

A relação de poucos criadores responsáveis por uma boa parte dos reprodutores em centrais, pode estar relacionado a contribuição de poucos animais para a formação de outros rebanhos, tal qual sugeriram Faria et al. (2000a) ao verificarem o pequeno número de criadores de fêmeas Nelore.

Números parecidos também foram encontrados por Faria et al. (2000b), que além do Gir analisou a sua variedade Mocha. Os autores também revelaram resultados preliminares da estrutura da população e encontraram uma pequena parcela de criadores, 13,11% responsáveis por 63,52% dos reprodutores Gir, e 6,42% destes eram responsáveis por 49,33% dos reprodutores Gir Mocho.

Intervalo médio de geração

O intervalo médio de geração para os animais de centrais ficou em torno de 11 anos, sendo a passagem pai-filho de 14,42 anos com mínimo 2,75 e máximo de 44,84 anos, já da mãe-filho de 7,57 com mínimo de 2,10 e máximo de 19,55 anos. Em raças leiteiras esses resultados se devem principalmente ao teste de progênie, pois é necessário uma boa amostra de filhos para estimar o valor genético dos touros (Pereira et al., 2008). Além da vida reprodutiva das fêmeas iniciar mais tarde (de 30 a 36 meses) e durar por mais tempo (Cañas-Álvarez et al., 2014).

A seleção dos animais para a reprodução também aumentou o intervalo de geração atual. Uma porcentagem de 88 e 93% de vacas mães de touros e de touros pais de touros tinham mais de 10 anos, respectivamente, sendo os mais jovens entre 6 a 7 anos. O mesmo foi encontrado por Santana Jr. et al. (2016) onde a porcentagem de fêmeas com mais de 10 ou 15 anos foi maior na raça Gir dentre as raças Indubrasil, Nelore, Guzerá, Tabapuã, Sindi e Brahman. Esses achados em ambos estudos, tem relação com o uso dos melhores touros na produção leiteira.

Esse parâmetro é fundamental em programas de melhoramento genético, e deve ser otimizado, já que intervalos grandes, diminuem o ganho genético anual e o retorno econômico do programa e intervalos curtos causam endogamia (Cortés et al., 2014). Esses resultados indicam a necessidade de usar touros jovens na reprodução, para que o intervalo de geração decresça e aumente os ganhos genéticos anual.

Integridade do pedigree

A partir da análise do pedigree foram encontradas 14 gerações máximas, 5 completas e 6,54 gerações equivalentes. A grande diferença entre o número de gerações máximas e completas, certamente tem relação com um grande número de pais desconhecidos e baixa integridade do pedigree (Bernards et al., 2016).

A Figura 2, mostra a integridade do pedigree por geração, as primeiras gerações representam os animais mais velhos e as últimas gerações os animais mais jovens. A última geração, que são os animais de central possuem 100% dos pais conhecidos, enquanto o arquivo completo em torno de 76% de integridade. À medida que mais gerações foram consideradas, a integridade do pedigree foi reduzindo a patamares próximos de zero, confirmando a falta de informações.

A grande proporção de descendentes desconhecidos nas primeiras gerações, podem ser atribuídas à formação da categoria Gir Leiteiro, quando a base da população era formada apenas por animais Gir. Só após o início do programa de melhoramento do Gir Leiteiro em 1985, houve aumentos nas informações do pedigree, por interesse dos produtores no programa de melhoramento. Porém, um dos problemas da falta de informações no pedigree é a subestimativa do coeficiente de endogamia, principalmente dos animais mais velhos (Leroy et al., 2013).

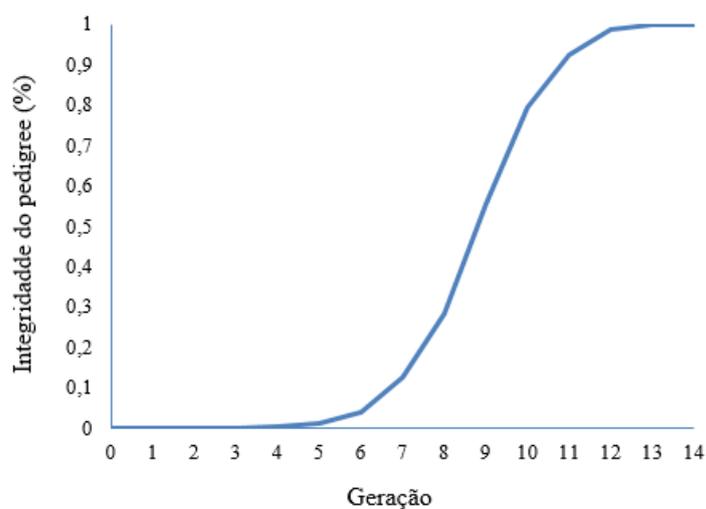


Figura 2. Índice médio de integridade do pedigree (%) considerando número máximo de gerações conhecidas.

Coefficiente de endogamia

As tendências dos níveis de endogâmia para as 3 últimas gerações são apresentadas na Tabela 1. Enquanto a porcentagem dos animais endogâmicos aumentou, a endogamia média desses animais diminuiu, explicado pela pequena queda no aumento individual de endogamia ao longo do tempo. Indicando que houve a preocupação em evitar o acasalamento de animais aparentados, mesmo que o coeficiente de parentesco médio também tenha aumentado.

Tabela 1. Níveis de endogamia nas populações consideradas da raça Gir Leiteiro.

Parâmetros	População			
	Arquivo completo	Avós	Pais	Central
Número de animais	2.680	389	346	338
Coeficiente médio de endogamia (%)	1,20	1,70	1,70	1,60
Coeficiente de endogamia máximo (%)	31,30	28,50	25,00	25,00
Coeficiente de parentesco médio (%)	1,20	1,60	2,30	2,60
Aumento individual de endogamia	0,60	0,70	0,60	0,50
Número de animais endogâmicos	702	131	154	213
Porcentagem de animais endogâmicos	26,19	33,68	44,51	63,02
Coeficiente médio de endogamia dos animais endogâmicos (%)	4,70	4,90	3,80	2,60

Os valores médios de endogamia (F) se apresentaram muito inferiores ao encontrado por Santana Jr. et al. (2014) na mesma raça, tanto para o arquivo completo (1,92%) como para a última geração (2,14%). Uma das premissas para tal resultado, é a integridade do pedigree (76%) ser pequena no presente estudo (Bernards et al., 2016). Outra, é o uso de informações apenas de machos, não contendo informações das fêmeas que também irão formar a próxima geração.

A Figura 3, demonstra os níveis de endogamia ao longo das gerações completas. O F médio aumentou nas três primeiras gerações, período em que a seleção dos animais eram realizadas pelos criadores dentro de seus próprios rebanhos. Logo após a implantação do programa de melhoramento, a seleção dos animais passou a ser entre rebanhos, diminuindo momentaneamente o F médio da população, entre a terceira e quarta geração. Porém, com a divulgação dos testes de progênes ao longo dos anos, o uso dos melhores animais se intensificou aumentando novamente os níveis de endogamia.

Resultado semelhante ao de Peixoto et al. (2010) na raça Tabapuã, atribuindo o resultado ao efeito fundador e ao uso frequente de touros relacionados desde o início do programa nacional de reprodução da raça, quando passou a utilizar sempre os mesmos touros elevando os níveis de endogamia.

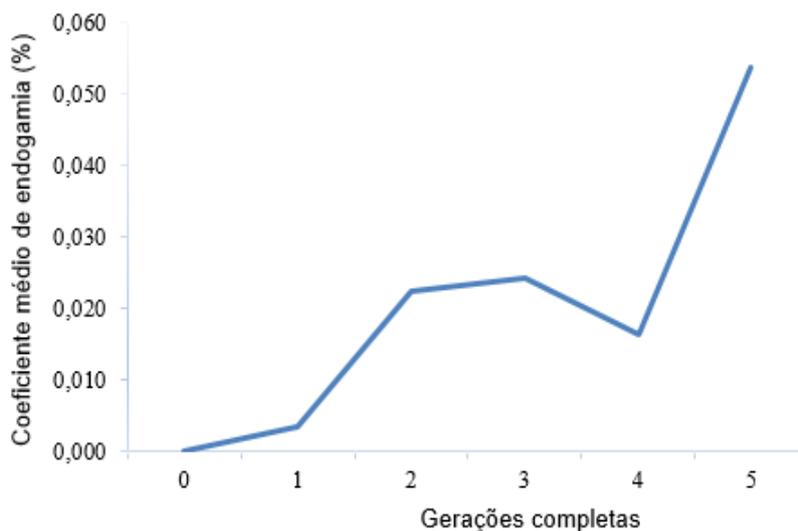


Figura 3. Tendência da endogamia por gerações completas.

Probabilidade de origem do alelo

Nos últimos anos todas as estimativas relacionadas a probabilidade de origem do alelo diminuíram (Tabela 2). O número de fundadores observados no arquivo completo foi de 634, com aumento esperado de endogamia pela contribuição desbalanceada de 0,28%. Nas últimas gerações o número de fundadores teve queda e se manteve em 534. Sugerindo que nem todos os alelos que deram origem a população estão nas gerações atuais.

Tabela 2. Parâmetros de probabilidade de origem do alelo obtidos a partir da análise de pedigree da raça Gir Leiteiro.

Parâmetros	População			
	Arquivo completo	Avós	Pais	Filhos
Tamanho da população	2680	389	346	338
Número de fundadores	634	531	534	534
Número de ancestrais	563	245	217	203
Número de ancestrais que explica 50% pool genético	37	23	12	8
Número efetivo de fundadores (f_e)	120	81	63	49
Número efetivo de ancestrais (f_a)	93	68	31	21
Razão f_e/f_a	1,29	1,19	2,03	2,33

O número de ancestrais que contribuíram para a população de referência foi 563 animais, dos quais apenas 37 explicaram 50% da variabilidade genética da população, e até a última geração essa mesma contribuição é dada por apenas 8 ancestrais. A queda no número de animais que contribuem para a genética da raça já era esperada, devido a superioridade genética de alguns animais, depois da implantação do programa de melhoramento (Santana Jr. et al., 2016).

Observou-se ainda uma queda de aproximadamente 40% no f_e e 70% dos f_a , nas três últimas gerações. E mesmo assim, o f_e (120) e f_a (93) observados no arquivo completo foram muito inferiores aos encontrados para a raça Limousin (790 e 360) por Boichard et al. (1997), em que o uso da monta natural era em torno de 85%. Este fato evidencia a maior proporção do uso da inseminação artificial, principalmente em raças de leite, ao invés do uso de touros. Além disso, esse pequeno número de f_e e f_a pode ser devido aos vários ancestrais e fundadores da raça Gir não terem contribuído para a categoria do Gir Leiteiro (Reis Filho et al., 2010).

Considerando a relação entre o número efetivo de fundadores e ancestrais (f_e / f_a), observa-se que há um forte estrangulamento ocorrendo ao longo das gerações. O mesmo foi relatado por Piccoli et al. (2014), na raça Angus, em que a relação foi de 6,91. Vários fatores contribuíram para este cenário, dos quais podem ser atribuídos principalmente ao efeito fundador, evidenciando a perda alélica (Ross et al., 2015), ao uso cada vez mais frequente de touros aparentados, desde o início do programa de melhoramento do Gir leiteiro.

Antepassados e contribuições

Os cinco ancestrais mais influentes na raça considerando o arquivo completo foram CA Everest B805 (macho) 4,77%, Krishna Sakina DC 6666 (macho) 3,42%, Vale Ouro de Brasília A6796 (macho) 2,92%, Chave de ouro 2851 (macho) 2,53% e Virbay III DC 7233 (fêmea) 2,49%, somam juntos 16,13%, com média do ano de nascimento em 1966.

Já na última geração, CA Everest B805 (macho) 13,33%, Radar dos Poções A7368 (macho) 8,30%, Bem Feitor Raposo A7481 (macho) 8,00%, Caju de Brasília B58 (macho) 7,03% e CA Heureca X468 (Fêmea) 5,35%, contribuíram com 42,01%, com média de nascimento em 1985.

Santana Jr. et al. (2014) ao estudarem a mesma raça também observaram grande contribuição de um número limitado de antepassados. Detectaram que em duas gerações os antepassados mais importantes aumentaram suas contribuições em 27%. Esses achados em ambos os estudos parece ser o reflexo da superioridade de alguns reprodutores para a produção de leite.

Variância do número de progênie por reprodutor

A variação do número de filhos por pai foi grande, de 1 a 35, sendo que poucos pais deram origem a um grande número de filhos. Os cinco pais mais representativos, equivalente a 5,62% são responsáveis por 41,42% dos reprodutores, com 20 a 35 filhos em média, com média de idade de 30 anos. Essa variação de progênie por pai configura a influência de alguns poucos reprodutores aliados ao uso de IA.

Assim como nos estudos de Oliveira, et al. (2011), para a raça Nelore da linhagem Lemgruber, no qual apenas 6,70% dos touros eram responsáveis por 58,73% dos filhos. O mesmo pode ser observado nas raças taurinas do Brasil estudadas por Piccoli et al. (2014),

na Angus, 25% dos touros tinham mais de 300 filhos registrados, enquanto que na Hereford, Devon e na Shorthorn observou-se 9,5%, 7,5%, 1,5% respectivamente.

Uma vez que em raças leiteiras a inseminação artificial é muito explorada, é recomendado diversificar o uso de reprodutores, bem como a restrição de acasalamentos entre parentes próximos, afim de otimizar o intervalo de geração, o grau de parentesco dos animais que irão ser pais nas próximas gerações, prevenir futuros problemas de endogamia e perda de variabilidade genética na raça Gir Leiteiro.

Conclusões

Apesar da endogamia média da população permanecer constante ao longo das gerações, a porcentagem de animais endogâmicos e o coeficiente de parentesco aumentaram. Os parâmetros de probabilidade de origem do alelo diminuíram drasticamente, indicando a presença de um forte estrangulamento no pedigree, relacionado principalmente ao uso intenso de poucos reprodutores.

REFERÊNCIAS

- ABCZ - Associação Brasileira dos Criadores de Zebu. 2016. **Gir** Disponível em: <<http://www.zebu.org.br/Home/Conteudo/15848-Gir-Leiteiro>> Acessado em: Mar. 03, 2017.
- ABCGIL - Associação Brasileira dos Criadores de Gir Leiteiro. **Característica do Gir Leiteiro**. Disponível em: <<http://www.girleiteiro.org.br/?conteudo,150>> Acessado em: Out. 02, 2017.
- ASBIA - Associação Brasileira de Inseminação Artificial. **Relatório index do ano de 2014**. Disponível em: <<http://www.asbia.org.br/novo/upload/mercado/index2014.pdf>>. Acessado em: Out. 01, 2018.
- BERNANDS, P. A.; GROSSI, D.A.; SAVEGNAGO, R.P.; BUZANSKAS, M.E.; RAMOS, S.B.; ROMANZINI, E.P.; GUIDOLIN, D.G.F.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B.; MUNARI, D.P. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. **Livestock Science**, v.187, p.96-101, 2016.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet. Sel. Evol.**, v.29, p.2-23, 1997.
- BOLORMAA, S.; PRYCE, J. E.; ZHANG, Y.; REVERTER, A.; BARENDSE, W.; HAYES, B. J.; GODDARD, M. E. Non-additive genetic variation in growth, carcass and fertility traits of beef cattle. **Genetics Selection Evolution**, v.47, n.26, 2015.
- CAÑAS-ÁLVARES, J. J.; GÓNZALEZ-RODRÍGUEZ, A.; MARTÍN-COLLADO, D.; AVILÉS, C.; ALTARRIBA, J.; BARO, A.; DE LA FUENTE, L. F.; DÍAZ, C.; MOLINA, A.; VARONA, L. AND PIEDRAFITA, J. Monitoring changes in the demographic and genealogical structure of the main Spanish local beef breeds. **Journal Animal Science**, v.92, p.4364-4374, 2014.
- CANAZA-CAYO, A. W.; LOPES, P. S.; SILVA, M. V. G. B.; COBUCCI, J. A.; TORRES, R. A.; MARTINS, M. F.; ARBEX, W. A. 2014. Estrutura populacional da raça Girolando. **Ciência Rural**, v. 44, p.2072-2077, 2014.
- CORTÉS, O.; SEVANE, N.; BARO, J. A.; CAÑÓN, J. Pedigree analysis of a highly fragmented population, the Lidia cattle breed. **Livestock Science**, v.167, p.1-8, 2014.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introducción a la genética cuantitativa**. 4 ed. Zaragoza, ed. ACRIBIA.1996, 496p.
- FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Estrutura da população de bovinos Nelore e Nelore Mocho: resultados preliminares. In: Anais do III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. **Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, p.364-366, 2000a.

FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; COSTA, M. D.; JOSAHKIAN, L. A.; MADALENA, F. E. Estrutura da população de bovinos Gir e Gir Mocho: resultados preliminares. In: Anais do III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. **Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, p.371-374, 2000b.

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

JAMES, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. **Animal Science**, 24(1), p.109-112, 1977.

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

LEROY, G.; MARY-HUARD, T.; VERRIER, E.; DANVY, S.; CHARVOLIN, E.; DANCHIN-BURGE, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, v.45, n.1, 2013.

NETO, M. R. T.; CRUZ, J. F.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVÊDO, D. M. M. R.; BOZZI, R.; MALHADO, C. H. M. Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis. **Ciência Rural**, v.42, p.2037-2042, 2012.

OLIVEIRA, P. S.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; PEDROSA, V. B.; OLIVEIRA, E. C.M.; ELER, J. P. E FERAZ, J. B. S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.639-647, 2011.

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

PEIXOTO, M. G. C. D.; POGGIAN, C. F.; VERNEQUE, R. S.; EGITO, A. A.; CARVALHO, M. R. S.; PENNA, V. M.; BERGMANN, J. A. G.; VICCINI, L. F.; MACHADO, M. A. Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, v.131, p.168–174, 2010.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4 ed. Belo Horizonte, ed. FEPMVZ. 2008, 609P.

PICCOLI, M. L.; BRACCINI NETO, J.; BRITO, F. V.; CAMPOS, L. T.; BÉRTOLI, C. D.; CAMPOS, G. S.; COBUCCI, J. A.; MCMANUS, A. M.; BARCELLOS, J. O. J. e GAMA, T. L. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **Journal Animal Science**, v.92, p.1920-1930, 2014.

REIS FILHO, J.C; Lopes, P. S.; Verneque, R. S.; Torres, R. A.; Teodoro, R. L.; Carneiro, P. L. C. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. **Rev. Bras. Zootec.**, v.39, n.12, p.2640-2645, 2010.

ROOS, L.; HINRICHS, D.; NISSEN, T.; KRIETER, J. Investigations into genetic variability in Holstein horse breed using pedigree data. **Livestock Science**, v.177, p.25-32, 2015.

SANTANA Jr., M.L., PEREIRA, R. J., BIGNARDI, A. B.; EL FARO, L.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L.G. History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, v.163, p.26–33, 2014a.

SANTANA Jr., M. L.; PEREIRA, R. J.; BIGNARDI, A. B.; AYRES, D. R.; MENEZES, R. G. O.; SILVA, L. O. C.; LEROY, G.; MACHADO, C. H. C.; JOSAHKIAN, L. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. **Livestock Science**, v.187, p.6-15, 2016b.