

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

ANÁLISE DA ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA CARACU

Amábily Cardoso Dias

CAMPO GRANDE, MS
2012

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

ANÁLISE DA ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA CARACU
Genetic structure analysis of Caracu breed

Amábily Cardoso Dias

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 2012

Amábily Cardoso Dias

"Análise da estrutura genética da raça Caracu"

"Genetic structure analysis of Caracu breed"

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Mato Grosso
do Sul, como parte dos requisitos do
Programa de Pós-Graduação em
Ciência Animal para obtenção do título
de Mestre.

APROVADA: 19/10/2012

Área concentração: Produção Animal

Fábio José C. Faria

Prof. Dr. Fábio José Carvalho Faria
Orientador

Deiler Sampaio Costa
Prof. Dr. Deiler Sampaio Costa

Gilberto Romeiro de O. Menezes
Dr. Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes

Roberto Augusto De Almeida Torres Júnior
Dr. Roberto Augusto De Almeida Torres Júnior

Ao meu marido, Ricardo,
que em todos os momentos,
esteve sempre ao meu lado,
me dando o apoio e o carinho necessários.
E ao anjo que Deus colocou em minha vida, Luísa,
minha filha mais que adorada,
que deixou minha vida muito mais colorida.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, que me deu vida e saúde para continuar nessa jornada.

À minha mãe, Angélica, pelo exemplo de força, determinação e pelo apoio de sempre.

Ao meu pai, Hermínio, pela educação, pelo exemplo de superação e também pelo apoio.

Ao meu irmão Arley, minha cunhada Hellen e minhas sobrinhas Maria Eduarda e Gabriela, que estiveram sempre perto de mim, me dando força e muito apoio.

À minha irmã Melyne, meu cunhado Fabrício e minhas sobrinhas Júlia, Isabela e Camila, que mesmo de longe estavam sempre me escutando e me dando apoio.

Ao Cláudio, Sônia, Karen e André, que sempre me acolheram na família.

Ao Sandino pelo apoio sempre, pela força e pelo exemplo.

Ao meu orientador, Prof. Fábio, que teve muita paciência, que sempre me apoiou principalmente nos momentos mais difíceis, não me deixando desistir. E pelos muitos ensinamentos.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

A Universidade Federal de Mato Grosso do Sul e ao Programa de Pós Graduação em Ciência Animal, pela oportunidade de realizar este curso.

À Associação Brasileira dos Criadores de Caracu (ABCCaracu) pela concessão dos dados.

À EMBRAPA – CNPGC e ao Arquivo Zootécnico Nacional por possibilitarem o acesso ao banco de dados.

A todos os professores do Programa de Mestrado em Ciência Animal.

Às minhas amigas, Marciele e Letícia, que estiveram presentes durante toda a jornada, me enchendo de alegria.

A todos que, direta ou indiretamente, auxiliaram na realização deste trabalho.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	6
REVISÃO DE LITERATURA	7
A raça Caracu.....	7
Endogamia e tamanho efetivo populacional.....	12
Depressão endogâmica.....	15
Parâmetros baseados na probabilidade de origem dos genes.....	17
Intervalo de gerações.....	17
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	19
ANÁLISE DA ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA CARACU	22
Resumo.....	22
Abstract.....	23
Introdução.....	24
Material e Métodos.....	25
Resultados e Discussão.....	28
Conclusões.....	35
Agradecimentos.....	36
Referências.....	36

INTRODUÇÃO

De acordo com dados do IBGE (2012), em 2010 o rebanho bovino brasileiro constava de aproximadamente 210 milhões de cabeças, e a principal finalidade da pecuária bovina era o corte, com mais de 186 milhões de animais.

A pecuária bovina de corte brasileira apresentou nos últimos anos um processo crescente de modernização, apesar de ainda caracterizar-se, em grande parte, pela produção extensiva com os animais criados a pasto.

Essa crescente modernização é caracterizada principalmente pelo aumento no uso de métodos de avaliação genética, que permitem a identificação de animais com mérito genético superior, e de biotécnicas reprodutivas como a inseminação artificial e a transferência de embriões, que permitem aumento significativo no progresso genético. Em contrapartida, estas técnicas também são responsáveis pelo aumento no coeficiente de endogamia da população, uma vez que acontece uma maior difusão desse material genético, o que favorece o aumento no grau de parentesco entre indivíduos.

Das raças crioulas que ainda existem no Brasil para a exploração pecuária, a de maior efetivo é a raça Caracu. A raça Caracu é uma raça taurina adaptada às condições climáticas brasileiras, e por isso tem se mostrado eficiente em condições de monta natural. Além disso, é resistente a parasitas e vários trabalhos têm apresentado dados do seu uso em cruzamentos com relativo êxito, porém, a sua estrutura populacional ainda não foi descrita. Neste sentido, os parâmetros populacionais que permitem quantificar a sua variabilidade genética merecem descrição, com o intuito de apoiar a utilização sustentável da raça Caracu no desenvolvimento da pecuária de corte brasileira.

REVISÃO DE LITERATURA

25

26

27 A RAÇA CARACU

28 A raça Caracu foi formada por animais de origem portuguesa trazidos ao Brasil
29 por colonizadores a partir do início do século XVI. Os animais que constituíram a raça
30 são oriundos dos troncos Aquitânico e Ibérico. A adaptação desses animais em território
31 nacional se deu ao longo dos séculos. Inicialmente esses animais foram utilizados para
32 tração, e posteriormente para produção de carne e leite (Trovo e Duarte, 1981). Em
33 função do tipo de exploração, os animais trazidos ao Brasil foram submetidos às
34 condições climáticas, nutricionais e parasitárias adversas as que ocorriam naturalmente
35 na sua origem em território europeu. Essa seleção natural moldou os animais que são
36 conhecidos como crioulos (nativos) e que resultaram na formação da raça Caracu.

37 A introdução do zebu no final do século XIX e início do XX contribuiu para a
38 redução do efetivo populacional da raça Caracu e de outras raças, como o Mantiqueira e
39 o Mocho Nacional, sem que as características produtivas e de adaptação pudessem ser
40 avaliadas cientificamente. Desse modo, houve a substituição gradativa de um recurso
41 genético por outro que quase condenou a raça ao processo de extinção (Santiago, 1986).

42 A Associação Brasileira de Criadores de Caracu (ABCCARACU) foi fundada
43 em 1916. Entretanto, no final dos anos de 1960, a raça entrou em processo de extinção
44 em razão do grande interesse dos pecuaristas pela criação de animais zebuínos e do
45 fechamento do “Herd Book” da raça. Na década de 1970, o Instituto de Zootecnia (IZ)
46 reativou o programa de seleção de bovinos Caracu, readquirindo vacas de rebanhos
47 remanescentes (Lima et al., 1992). Vários centros de pesquisa como a Empresa
48 Brasileira de Pesquisa Agropecuária- Centro Nacional de Pesquisa de Gado de Corte
49 (EMBRAPA- Gado de Corte), Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR), Instituto de
50 Zootecnia (IZ) e algumas universidades, como o Centro Universitário Católico do
51 Sudoeste do Paraná (UNICS), passaram a desenvolver trabalhos em conjunto com a
52 ABCCARACU em prol do desenvolvimento da raça.

53 A raça Caracu é uma raça taurina adaptadas às condições climáticas brasileiras.
54 Os animais da raça Caracu são reconhecidos por sua rusticidade, tolerância ao calor,
55 resistência a parasitas, capacidade de digerir fibras grosseiras e facilidade de parto.
56 Algumas características morfológicas associadas aos animais da raça são: pêlo curto,

57 bons aprumos, cascos fortes e umbigo reduzido. O padrão racial é caracterizado por
58 chifres alaranjados que saem para os lados, orelhas pequenas, pelagem nos vários tons
59 de amarelo, estrutura longilínea, linha de dorso plana, pequena inclinação na garupa no
60 sentido do ísquio, prepúcio curto, vassoura do rabo amarela, mucosa alaranjada, e
61 cascos claros, avermelhados ou rajados (ABCCARACU, 2012).

62 De acordo com a ABCCARACU foram registrados cerca de 156 mil animais até
63 julho de 2012. Nas Tabelas 1 e 2 são apresentados os registros provisórios e definitivos
64 emitidos de 2003 até 2012, respectivamente.

65

66

67

Tabela 1- Número de registros provisórios emitidos por ano de emissão conforme a categoria de registro e sexo na raça Caracu

Ano	Categorias*												Total por ano		
	CCG			PCOC			PCRB			PO					
	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T
2003	-	74	74	3.575	3.863	7.438	4	4	8	1.774	1.500	3.274	5.353	5.441	10.794
2004	-	23	23	2.194	2.401	4.595	2	1	3	1.003	1.085	2.088	3.199	3.510	6.709
2005	-	14	14	794	2.162	2.956	-	-	-	302	1.108	1.410	1.096	3.284	4.380
2006	-	61	61	637	845	1.482	6	-	6	476	1.635	2.111	1.119	2.541	3.660
2007	-	11	11	265	262	527	1	1	2	1.122	1.782	2.904	1.388	2.056	3.444
2008	-	-	-	3	2	5	-	-	-	509	859	1.368	512	861	1.373
2009	-	-	-	3	5	8	-	3	3	1.535	1.623	3.158	1.538	1.631	3.169
2010	-	-	-	89	98	187	-	-	-	1.557	1.508	3.065	1.646	1.606	3.252
2011	-	-	-	-	2	2	1	1	2	1.507	1.461	2.968	1.508	1.464	2.972
2012**	-	-	-	111	197	308	3	1	4	1.125	1.186	2.311	1.239	1.384	2.623

68

69

70

71

72

* Cruzamento sob controle de genealogia (CCG), puros por cruzamento de origem conhecida (PCOC), puros por cruzamento de origem desconhecida (PCOD), puros por cruzamento de rebanho base (PCRB) e puros de origem (PO).

** De Janeiro a Junho de 2012. Fonte: (ABCCARACU, 2012).

73

74

75

Tabela 2- Número de registros definitivos emitidos por ano de emissão conforme a categoria de registro e sexo na raça Caracu

Ano	Categorias															Total por ano		
	CCG			PCOC			PCOD			PCRB			PO					
	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T	M	F	T
2003	-	41	41	703	1.791	2.494	-	487	487	17	15	32	138	867	1.005	858	3.201	4.059
2004	-	-	-	363	1.736	2.099	-	5	5	4	-	4	147	759	906	514	2.500	3.014
2005	-	104	104	246	1.240	1.486	-	54	54	-	9	9	86	648	734	332	2.055	2.387
2006	-	2	2	154	1.021	1.175	-	2	2	-	-	-	59	465	524	213	1.490	1.703
2007	-	-	-	132	885	1.017	-	-	-	-	4	4	37	569	606	169	1.458	1.627
2008	-	-	-	36	474	510	-	-	-	-	25	25	147	927	1.074	183	1.426	1.609
2009	-	-	-	15	170	185	-	128	128	-	8	8	212	1.327	1.539	227	1.633	1.860
2010	-	-	-	14	122	136	-	90	90	-	-	-	273	1.387	1.660	287	1.599	1.886
2011	-	6	6	11	127	138	-	208	208	-	2	2	375	1.287	1.662	386	1.630	2.016
2012**	-	-	-	1	12	13	-	22	22	-	-	-	171	501	672	172	535	707

76

77

78

79

80

* Cruzamento sob controle de genealogia (CCG), puros por cruzamento de origem conhecida (PCOC), puros por cruzamento de origem desconhecida (PCOD), puros por cruzamento de rebanho base (PCRB) e puros de origem (PO).

** De Janeiro a Junho de 2012. Fonte: (ABCCARACU, 2012).

1 Na Tab. 1 pode-se observar a redução gradual do número de registros provisórios no
2 decênio considerado. Em 2011, o número total de registros provisórios permitiu evidenciar a
3 redução de aproximadamente 72% do valor observado em 2003, independente da categoria de
4 registro. Ao analisar a situação dos registros provisórios emitidos para a categoria PCOC
5 observa-se a drástica redução do número de registros emitidos. Estes passaram de cerca de
6 7.500 indivíduos para apenas dois em 2011. Neste sentido, houve um afinilamento de
7 registros com redução evidente no ano de 2007, e a partir de então, esse declínio foi
8 considerável, o que também pode ser observado em relação aos registros definitivos (Tab. 2).

9 Em relação ao registro provisório da categoria PO (Tab.1) a redução foi menos
10 acentuada e os registros apresentaram declínio de cerca de 10% em relação ao ano de 2003.
11 Entretanto, nos anos de 2003 e 2004 pode-se evidenciar o maior número de animais PCOC
12 registrados em relação aos Puros de Origem (PO).

13 Na Tab. 2 a tendência de redução no número total de registros também se faz evidente,
14 e em 2011, esse total representou cerca de 50% do efetivo registrado em 2003. Assim como
15 observado em relação aos registros provisórios (Tab. 1), o número de animais PCOC
16 registrados em definitivo suplantou o de animais PO até o ano de 2007. A partir dessa data
17 percebe-se a redução do número de registros definitivos na categoria PCOC, e aumento de
18 cerca de 65% no número de registros definitivos na categoria PO.

19 De acordo com dados retrospectivos da Associação Brasileira de Inseminação
20 Artificial (ASBIA), o número de doses de sêmen vendidas da raça Caracu tem apresentado
21 uma queda, em 2001 foram vendidas 24.618 doses o que representou 0,57% do total de doses
22 vendidas, em 2007 esse valor caiu para 9.596 doses, representando somente 0,25% do total e
23 no último ano, 2011, o valor de doses vendidas foi de 20.179, representando 0,29% do total
24 (ASBIA, 2012).

25 Esse fato pode ser observado correntemente ao acessar as estatísticas de registros das
26 raças zebuínas (ABCZ, 2012). A redução do número de animais registrados em espécies
27 domésticas pode refletir o desinteresse dos criadores pela raça, e as políticas de registro
28 definidas pela própria associação, como por exemplo, o maior rigor no registro de machos e o
29 fechamento do livro aberto. É notório que a oscilação do censo populacional é um dos fatores
30 que afetam a variabilidade genética das raças (Falconer e Mackay, 1996).

31
32
33

34 ENDOGAMIA E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL

35 A seleção e a endogamia foram combinadas de forma eficaz nos primeiros criatórios
 36 de animais domésticos com o propósito de estabelecer as populações que serviriam de base
 37 para o melhoramento dos rebanhos (Falcão et al., 2001). A endogamia ocorre em função do
 38 acasalamento de indivíduos aparentados. Os indivíduos são considerados aparentados quando
 39 os mesmos possuem pelo menos um ancestral comum na sua genealogia. E a intensidade do
 40 coeficiente de endogamia de um indivíduo depende do grau de parentesco entre seus pais.

41 O coeficiente de endogamia mede a probabilidade de um indivíduo, em um
 42 determinado locus, apresentar dois alelos que são idênticos por descendência (Pereira, 2008).
 43 Esse parâmetro pode ser estimado por meio de informações obtidas do arquivo de genealogia.
 44 Ao passo que o coeficiente médio de endogamia populacional é determinado como a média
 45 dos coeficientes dos indivíduos que a compõe.

46 Esse coeficiente depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o
 47 tamanho da população em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e
 48 maior será o coeficiente médio de endogamia (Breda et al., 2004). Ele é calculado pela
 49 fórmula descrita por Wright (1922).

$$50 \quad F_x = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n+n'+1} (1 + F_A), \text{ em que:}$$

51 F_x = coeficiente de endogamia do indivíduo X;

52 n e n' = número de gerações nas linhas através das quais o pai e a mãe são relacionadas
 53 (parentes);

54 F_A = coeficiente de endogamia do ascendente em comum

55

56 O tamanho efetivo da população (N_e) representa o número de indivíduos de uma
 57 população ideal que daria origem à taxa de endogamia observado na população avaliada. De
 58 acordo com Falconer e Mackay (1996), a oscilação do N_e pode ocorrer em função de fatores
 59 como o desvio da razão de sexos (1:1), alterações no censo da população e diferenças no
 60 sucesso reprodutivo dos progenitores. Se em uma geração houver uma grande diminuição no
 61 número de progenitores, ocorrerá também uma diminuição do tamanho efetivo nessa geração.

62 O tamanho efetivo populacional é calculado através da fórmula descrita por Falconer e
 63 Mackay (1996)

64

65

66

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}, \text{ em que:}$$

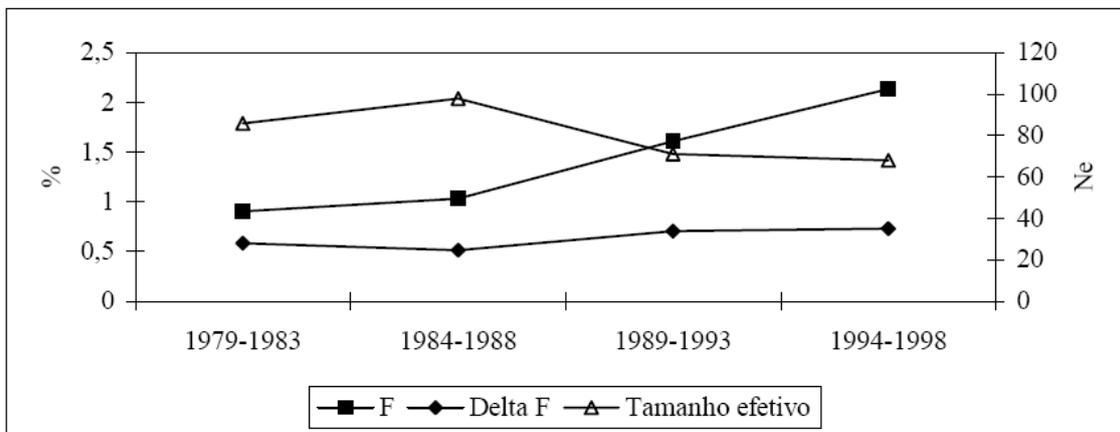
67 N_e = Tamanho efetivo da população;68 ΔF = variação do coeficiente de endogamia entre gerações sucessivas;

69

70 Alguns trabalhos descreveram aumentos no coeficiente de endogamia populacional e
 71 consequentes reduções no tamanho efetivo em algumas raças de bovinos. Faria (2002)
 72 estudou a estrutura populacional de várias raças zebuínas no período de 1938 e 1998. Os
 73 dados foram divididos em quatro quinquênios: 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993 e 1994-
 74 1998. Em especial para a raça Nelore, esse autor determinou o coeficiente de endogamia
 75 populacional (F), a taxa de incremento da endogamia (ΔF) e o tamanho efetivo (N_e).

76 Os valores encontrados foram de 0,90%, 1,03%, 1,60 % e 2,13 %, para o coeficiente
 77 médio de endogamia; de 0,58%, 0,50%, 0,70% e 0,73% para o ΔF e de 85, 98, 71 e 68 para o
 78 N_e . A endogamia mostrou-se crescente do primeiro ao último período, excedendo em pouco
 79 mais de duas vezes seu valor inicial, assim como o ΔF , exceção encontrada para o N_e que
 80 apresentou declínio, como pode ser visto na Fig. 1.

81

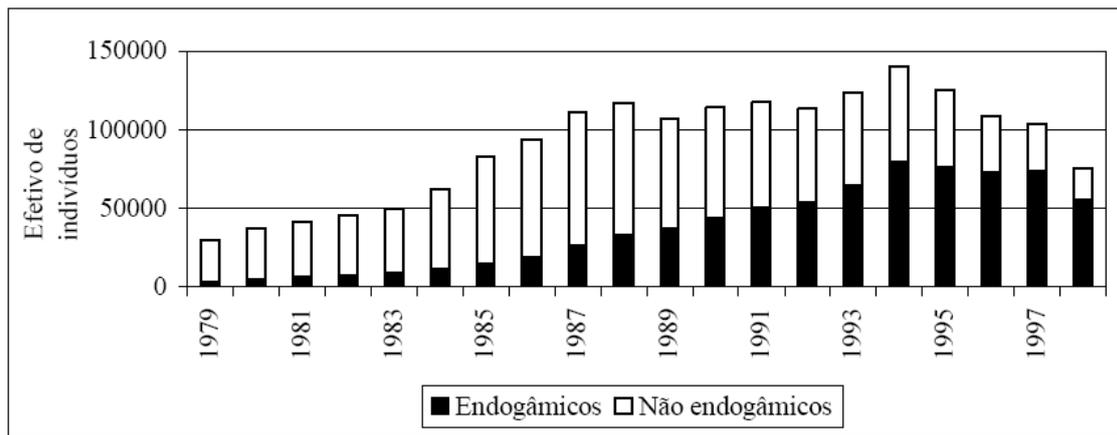


82

83 Figura 1. Evolução do coeficiente de endogamia, taxa de incremento de endogamia entre
 84 gerações (Delta F) e tamanho efetivo populacional (N_e) na raça Nelore. Fonte: Faria (2002).

85

86 Faria (2002) também verificou que o número de animais endogâmicos aumentou ano a
 87 ano como pode ser observado na Fig. 2. De acordo com o autor esse aumento se deu em
 88 função do uso intenso de poucos reprodutores. Contudo, em raças como o Gir Mocho, a
 89 redução do censo populacional também contribuiu para o aumento nos níveis de endogamia
 90 observados.



91

92 Figura 2. Evolução do número de animais endogâmicos na raça Nelore de 1979 a 1998. Fonte:
93 Faria (2002).

94

95 Reis Filho et al. (2010), analisaram a estrutura populacional da raça Gir leiteira, do
96 Programa Nacional de Melhoramento do Gir Leiteiro e do Arquivo Zootécnico Nacional, e
97 verificaram que 60% dos animais eram consanguíneos com um coeficiente de endogamia
98 médio de 4,66%. Dias et al. (2011), ao estudarem os reprodutores da raça Nelore com sêmen
99 em centrais de inseminação, verificaram que os valores médios do coeficiente de endogamia
100 foram de 4,57%, e de acordo com os autores o número de animais consanguíneos tem
101 aumentado a cada geração.

102 Marquez et al. (2010), encontraram uma redução no coeficiente de endogamia, dos
103 animais registrados na Associação Americana de Red Angus, entre os anos de 1960 e 1975.
104 Os valores foram de 10,7% e 3,2%, respectivamente. De todos os animais analisados 83,6%
105 dos animais eram consanguíneos.

106 Falconer e Mackay (1996) descreveram os efeitos da endogamia sobre a composição
107 genética das populações, que consistiram em decréscimos no número de indivíduos
108 heterozigotos, redistribuições da variabilidade genética, aumento da chance de aparecimento
109 de genes recessivos de efeitos deletérios e de perdas de genes por flutuações na frequência
110 gênica, além de influenciar negativamente o desempenho populacional médio em
111 características de interesse econômico.

112 Bouquet et al. (2011) analisaram a estrutura das raças Charoles e Limousin em cinco
113 países e encontraram coeficientes médios de endogamia para a raça Charolês de 1,04%,
114 0,67%, 0,99% e 0,92% na Dinamarca, França, Irlanda e Suécia, respectivamente. Já para a
115 raça Limousin os valores encontrados foram de 1,02%, 0,71%, 0,79%, 1,08% e 1,13% na
116 Dinamarca, França, Irlanda, Suécia e Reino Unido, respectivamente. Neste mesmo trabalho os

117 autores calcularam o tamanho efetivo populacional e para a raça Charolês encontraram
118 valores de 558, 493 e 244, na Dinamarca, França e Irlanda, respectivamente e para a raça
119 Limousin o tamanho efetivo populacional encontrado foi de 1.667, 2.459 e 345 na Dinamarca,
120 França e Irlanda.

121 Apesar de seus riscos, a endogamia tem sido bastante usada por criadores de animais,
122 principalmente, entre criadores de elite, com o objetivo de assegurar uniformidade racial e
123 fixação de certas características em linhagens cujos produtos têm maior aceitação comercial
124 (Queiroz et al., 2000). Além disso, a inseminação artificial e a transferência de embriões
125 permitiram aumentar a intensidade de seleção e, em função de seu uso e de práticas de
126 acasalamento de parentes, espera-se o aumento no número de indivíduos endogâmicos.

127

128 **DEPRESSÃO ENDOGÂMICA**

129 A endogamia reduz a heterozigosidade e, conseqüentemente, aumenta a
130 homozigosidade. O aumento da homozigose faz com que haja um aumento do número de
131 indivíduos afetados, já que a endogamia altera a freqüência genotípica da população. Além
132 disso, poderá ocorrer a redução do desempenho fenotípico de alguns animais. A redução no
133 desempenho fenotípico dos animais causada pela endogamia é conhecida como depressão
134 endogâmica.

135 A homozigose causada pela endogamia tem efeitos deletérios sobre as características
136 dos animais, especialmente com as relacionadas à reprodução e viabilidade, mas também
137 sobre a produção de leite e o crescimento. Em rebanhos de corte, os efeitos da endogamia
138 sobre características produtivas têm sido geralmente prejudiciais (Faria, 2002).

139 Shimbo et al. (2000) avaliaram o efeito da endogamia em um rebanho da raça Nelore e
140 verificaram que os níveis de endogamia individuais afetaram todas as características. O
141 aumento de cada 1% no nível de consangüinidade causou reduções de 0,30 kg no peso à
142 desmama, 1,12 kg no peso ao sobreano, 0,73 kg no ganho de peso da desmama ao sobreano e
143 0,055 cm no perímetro escrotal. Para conformação, precocidade de acabamento e
144 musculosidade observou-se depressão de 0,03 pontos no escore a cada 1% de aumento no
145 coeficiente de endogamia.

146 Queiroz et al. (2000) avaliaram o efeito da endogamia sobre características de
147 crescimento em bovinos da raça Gir e verificaram que os valores de F foram de pequena
148 magnitude, porém significativos. Os autores verificaram que a endogamia influenciou nas

149 características estudadas e os resultados mostraram depressão endogâmica nas características
150 peso à desmama e ao sobreano.

151 Schenkel et al. (2002), verificaram que a endogamia individual e a materna
152 influenciaram o ganho médio diário do nascimento à desmama ajustado para 205 dias
153 (GMD205) e o ajustado para 550 dias (GMD550) para as raças Guzerá, Indubrasil, Nelore e
154 Tabapuã. Os autores verificaram que para cada 10% de aumento na endogamia individual, o
155 GMD205 e o GMD550 foram reduzidos em 1,7% e 2,1% em relação à média fenotípica,
156 respectivamente. A endogamia materna também afetou o GMD205 e o GMD550 com redução
157 de 1,4% e 0,5%, respectivamente.

158 Drumont (1988), ao analisar os efeitos da endogamia sobre características de
159 reprodução, na raça Nelore verificou que a cada 1% no aumento do coeficiente de
160 consangüinidade, aumentava-se também a idade ao primeiro parto em aproximadamente 2,36
161 dias e no primeiro intervalo de partos em 0,84 dias.

162 Magnabosco et al. (2012) verificaram que em bovinos da raça Nelore Mocho
163 pertencentes ao Centro de Pesquisa Agropecuário do Cerrado da Embrapa, a partir de 8% de
164 endogamia, houve redução nos pesos aos 120 e 210 dias.

165 Burrow (1993) constatou efeitos negativos da endogamia sobre características
166 ponderais e reprodutivas de bovinos de corte (Tab. 3).

167

168 Tabela 3. Efeito da endogamia sobre o desempenho individual em bovinos de corte

Característica	Desempenho individual ⁽¹⁾
Peso ao nascimento	-0,06 kg
Peso a desmama	-0,44 kg
Peso ao ano	-0,69 kg
Peso adulto	-1,30 kg
Consumo alimentar diário	-0,014 kg
Ganho diário	-0,002 kg
Conversão alimentar	-0,002 kg
Taxa de natalidade	-0,020%
Taxa de desmama	-0,111%
Circunferência escrotal	-0,03mm
Motilidade espermática	-0,04%
Defeitos espermáticos primários	0,06%
Defeitos espermáticos secundários	0,08%
Quantidade de células normais	-0,14%

169 ⁽¹⁾ Mudança no desempenho individual a cada acréscimo de 1% no coeficiente de endogamia. Fonte: Burrow
170 (1993).

171

172

173

174 **PARÂMETROS BASEADOS NA PROBABILIDADE DE ORIGEM DOS GENES**

175 Um alelo autossômico amostrado aleatoriamente de qualquer individuo tem 50% de
176 probabilidade de ter sido herdado de um de seus pais e 25% de probabilidade de ter sido
177 herdado de um dos quatro avós. Desse modo é possível determinar a probabilidade de origem
178 de um gene de qualquer antepassado.

179 Para calcular a contribuição de todos os fundadores na população referência, Lacy
180 (1989) propôs o uso do número efetivo de fundadores (f_e). Este parâmetro permite mensurar
181 toda a representação de fundadores nas populações, ao considerar a redução da variabilidade
182 em função de contribuições desiguais dos mesmos. Ele expressa o número de fundadores que
183 produziriam a mesma diversidade de alelos fundadores como a existente na população
184 referência, se todos os fundadores tivessem contribuído igualmente em todas as
185 gerações. Quando cada fundador apresenta a mesma contribuição esperada na população o
186 valor de f_e se iguala ao número de fundadores real.

187 Como o f_e expressa a contribuição dos fundadores, esse parâmetro se torna limitado
188 pois seria impossível determinar o efeito “gargalo” nos pedigrees. É conhecido como efeito
189 gargalo qualquer diminuição drástica no número de indivíduos de uma geração para outra em
190 uma população, mesmo que depois o tamanho original seja restabelecido.

191 Para contornar essa limitação, Boichard et al.(1997) propuseram o uso do número
192 efetivo de ancestrais (f_a), esse parâmetro determina o número mínimo de ancestrais
193 (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população
194 estudada. O f_a é sempre menor ou igual ao f_e , isso porque leva em consideração o efeito
195 gargalo no pedigree, que por sua vez é a maior causa de perdas de alelos em populações.

196 De acordo Boichard et al.(1997) a razão f_e/f_a expressa o efeito “gargalo” e resulta da
197 diminuição do número de reprodutores ao longo dos períodos, sendo que quanto maior esse
198 valor (mais afastado de um), maior o processo de deriva genética. Este efeito pode gerar
199 aumento da endogamia e perda de alelos na população, e conseqüentemente redução da
200 diversidade genética ao nível do “pool” gênico original.

201

202 **INTERVALO DE GERAÇÕES**

203 O intervalo de gerações (IG) é definido como a média da idade dos pais quando
204 nascem os filhos que serão os pais da próxima geração. O IG quantifica o tempo médio de
205 permanência dos mesmos genes na população.

206 Vários trabalhos mostram intervalos de gerações em diferentes raças. Em um rebanho
207 da raça Caracu na Estação Experimental de Zootecnia de Sertãozinho, Pereira et al. (2005)
208 obtiveram os seguintes intervalos de gerações: 6,3; 6,3; 5,5 e 4,8 anos para os períodos de
209 1979 a 1984, 1985 a 1990, 1991 a 1996 e de 1997 a 2002, respectivamente. Os autores
210 citaram como principal motivo da diminuição do IG nos períodos analisados o descarte de
211 touros após dois anos de utilização no programa de seleção, sobretudo nos dois últimos anos.
212 Bouquet et al. (2011) encontraram intervalos de gerações para a raça Charolês de 5,5, 5,7, 6,4
213 e 4,6 na Dinamarca, França, Irlanda, Suécia e para a raça Limousin de 5,4, 6,1, 6,3, 5,1 e 5,9
214 na Dinamarca, França, Irlanda, Suécia e Reino Unido, respectivamente.

215 A otimização do intervalo médio de gerações é de fundamental importância em
216 programas de melhoramento genético, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho
217 genético anual quanto às características selecionadas, o que leva a um menor retorno
218 econômico do programa (Faria et al., 2001). A utilização de jovens touros avaliados é uma
219 ferramenta para a redução deste intervalo, principalmente em relação às passagens pai- filho e
220 pai- filha.

221

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

222

223

224 ABCCARACU. **Estatísticas**. Disponível em: <www.abccaracu.com.br>. Acesso em: 27/
225 ago/2012.

226 ABCZ. **Relatórios**. Disponível em: <www.abcz.org.br>. Acesso em: 27/ ago/2012.

227 ASBIA. **Relatórios**. Disponível em: <www.asbia.org.br>. Acesso em: 10/ nov/2012.

228 BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene
229 origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, p.
230 5-23, 1997.

231 BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOË, D. et al. Genetic structure of the European Charolais
232 and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. **Journal of Animal Science**,
233 v.89, p. 1719-1730, 2011.

234 BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S. et al. Endogamia e limite de seleção em
235 populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6,
236 p.2017-2025, 2004. (Supl.2)

237 BURROW, H. M. The effects of inbreeding in beef cattle. **Animal Breeding Abstract**, v. 61,
238 n 11, p. 737-751, 1993.

239 DIAS, A. C.; FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; COSTA, D. S. Análise de pedigree
240 de reprodutores da raça Nelore com sêmen disponível em centrais de inseminação artificial. In:
241 48ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2011, Belém-PA. **Anais...** Belém,
242 2011.

243 DRUMONT, A. M. **Efeito da endogamia sobre a idade ao primeiro parto e o intervalo**
244 **entre partos em um rebanho Nelore do estado de São Paulo**. 1988. 97 p. Dissertação
245 (Mestrado em Zootecnia)- Escola de Veterinária da UFMG. Universidade Federal de Minas
246 Gerais, Belo Horizonte, 1988.

247 FALCÃO, A. J. S.; MARTINS FILHO, R.; MAGNABOSCO, C. U. et al. Efeitos da
248 endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de
249 bovinos da raça Pardo-Suíça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.1, p. 83-92, 2001.

250 FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London:
251 Longman Group Ltda, 1996. 464 p.

252 FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações registradas**. 2002. 177 p. Tese
253 (Doutorado em Ciência Animal)- Escola de Veterinária da UFMG. Universidade Federal de
254 Minas Gerais, Belo Horizonte, 2002.

- 255 FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E. et al. Parâmetros
256 populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**,
257 v.30, n.6, p.1984-1988, 2001.
- 258 IBGE. **Censo Agropecuário**. Disponível em: <www.ibge.gov.br>. Acesso em: 18/set/2012.
- 259 LACY, R C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder
260 genome equivalents. **Zoology Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.
- 261 LIMA, M. L. P.; BONILHA NETO, L. M.; FIGUEIREDO, L. A. et al. Os bovinos da raça
262 Caracu. **Zootecnia**, v.30, p.1-12, 1992.
- 263 MAGNABOSCO, C. U.; LOPES, F. B.; MAMEDE, M. M. S. Efeito da endogamia sobre
264 pesos aos 120 e 210 dias de idade de bovinos da raça Nelore mocho criados no bioma cerrado.
265 In: 49^a Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2012. Brasília, DF. **Anais...**
266 Brasília, 2012.
- 267 MARQUEZ, G. C.; SPEIDEL, S. E.; ENNS, R. M. et al. Genetic diversity and population
268 structure of American Red Angus cattle. **Journal of Animal Science**. v. 88, p. 59-68. 2010.
- 269 PEREIRA, J. C. de C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo
270 Horizonte: Ed. FEP-MVZ, 2008, 416 p.
- 271 PEREIRA, M. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G. et al. Estimativa de
272 ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho
273 Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 6, p. 2245-2252, 2005. (supl.)
- 274 QUEIROZ, S. A.; ALBUQUERQUE, L. G.; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre
275 características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de**
276 **Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1014-1019, 2000.
- 277 REIS FILHO, J. C.; LOPES, P. S.; VERNEQUE, R. S. et al. Population structure of Brazilian
278 Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.12, p. 2640-2645, 2010.
- 279 SANTIAGO, A. A. **O Zebu na Índia, no Brasil e no mundo**. Campinas: Instituto
280 Campineiro de Ensino Agrícola, 1986. 745 p.
- 281 SCHENKEL, F. S.; LA GIOIA, D. R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão
282 endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: IV Simpósio Nacional de
283 Melhoramento Animal, 2002, Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande, 2002.
- 284 SHIMBO, M. V.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P. et al. Influência da endogamia sobre
285 características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: III Simpósio Nacional de
286 Melhoramento Animal, 2000, Belo Horizonte, MG. **Anais...** Belo Horizonte, 2000.

- 287 TROVO, J. B. F.; DUARTE, F. A. M. Levantamento de núcleos de criação de bovinos da
288 raça Caracu no Brasil. **Zootecnia**, v.19, p.245-263, 1981.
- 289 WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v. 56, p.
290 330–338, 1922.
- 291

ANÁLISE DA ESTRUTURA GENÉTICA DA RAÇA CARACU

Genetic structure analysis of Caracu breed

Amábily Cardoso Dias¹, Fábio José Carvalho Faria^{2*}

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

²Professor Associado, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, UFMS

*Autor para correspondência: fabio.faria@ufms.br

Resumo- O objetivo do trabalho foi determinar a estrutura genética dos bovinos da raça Caracu. Foi utilizado um arquivo de pedigree de 130.165 animais que foi obtido da Associação Brasileira de Criadores de Caracu. O banco de dados foi dividido em seis períodos: 1979-1983, 1984-1988, 1989-1993, 1994-1998, 1999-2003 e 2004-2008. Foram estimados o coeficiente de endogamia, o tamanho efetivo populacional e o número efetivo de fundadores e ancestrais. O coeficiente médio de endogamia entre os animais consanguíneos foi 3,6; 4,1; 4,4; 4,1; 3,6 e 3,7%, nos seis períodos, respectivamente. O tamanho efetivo populacional estimado por meio do aumento individual no coeficiente de endogamia foi 62, 61, 73, 99, 113 e 113, e o tamanho efetivo populacional estimado por meio da regressão do coeficiente de endogamia sobre o número de gerações equivalentes foi 32, 28, 34, 42, 57 e 60, nos seis períodos, respectivamente. O número efetivo de fundadores foi de 88, 89, 78, 84, 108 e 103, e o número efetivo de ancestrais foi de 67, 68, 61, 63, 79 e 74, nos seis períodos, respectivamente. O número de ancestrais que explicam 50% dos genes nas populações referência variou de 49 a 127, entre os períodos. Para os valores dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene houve uma variação entre os períodos. O coeficiente médio de endogamia e os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene indicaram níveis moderados. Apesar disso, os resultados indicaram que o número de indivíduos consanguíneos aumentou. Para o intervalo de gerações os valores encontrados foram de 6,14; 6,10; 6,36 e 6,31 para pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha.

Palavras-chave: análise de pedigree, endogamia, probabilidade de origem do gene, tamanho efetivo populacional

323 **Abstract** - The aim of this study was to determine the genetic structure of Caracu cattle breed.
324 The pedigree file of 130,165 animals was obtained from the Brazilian Association of Caracu
325 Breeders. The data set was divided in the following periods from 1979-1983, 1984-1988,
326 1989-1993, 1994-1998, 1999-2003 and 2004-2008. The inbreeding coefficient, the effective
327 population size and the effective number of founders and ancestors were estimated. The mean
328 inbreeding of inbred animals was 3.6, 4.1, 4.4, 4.1, 3.7 and 3.6 from 1979-1983 to 2004-2008,
329 respectively. The effective population size computed via the increase in inbreeding for each
330 individual was 62, 61, 73, 99, 113 and 113 also the effective population size computed via
331 regression on equivalent generation was 32, 28, 34, 42, 57 and 60, from 1979-1983 to 2004-
332 2008, respectively. The effective number of founders was 88, 89, 78, 84, 108 and 103, from
333 1979-1983 to 2004-2008, respectively. The effective number of ancestors was 67, 68, 61, 63,
334 79 and 74, from 1979-1983 to 2004-2008, respectively. The number of ancestors explaining
335 50% of genes in the reference populations ranged from 49 to 127, from 1979-1983 to 2004-
336 2008, respectively. Parameter values based on the probability of gene origin increased
337 between the periods. The mean coefficient of inbreeding and parameters based on the
338 probability of gene origin indicated moderate levels. Nevertheless, the results indicated that
339 the number of inbred animals increased. For the generation interval of the values were 6.14,
340 6.10, 6.36 and 6.31 for father-son, father-daughter, mother-son and mother-daughter.
341 **Keywords:** effective population size, inbreeding, pedigree analysis, probability of gene origin
342

Introdução

343

344

345

346

347

348

349

A preservação de raças nativas, como a Caracu, mantidas em rebanhos puros, é importante, pois os genótipos nativos podem se tornar mais produtivos em seus próprios ambientes que raças exóticas melhoradas, por terem sofrido rigorosa seleção natural. Confirmando este fato, a Caracu é uma das poucas raças de origem européia aptas a servirem em monta natural no Brasil Central, tornando-se, portanto, fonte de genes para resistência a ectoparasitas e tolerância ao calor (Pereira et al., 2005).

350

351

352

353

354

355

356

A diversidade genética dentro das espécies domésticas está refletida na variedade de tipos e raças que existem e na variação presente dentro de cada uma, sendo que a perda de um único tipo ou raça compromete o acesso a seus genes e combinações genéticas únicas que podem ser úteis no futuro (Egito et al., 2002). A caracterização genética é o primeiro passo para a conservação da raça, sendo que este estudo poderá auxiliar no desenvolvimento e acompanhamento de futuros programas de melhoramento, e na preservação e conservação de germoplasmas (Sólis et al., 2005).

357

358

359

360

361

362

De acordo com Faria et al. (2009), através da taxa de aumento da endogamia e do tamanho efetivo populacional é possível determinar e monitorar a variação genética das populações. Neste sentido, pode-se determinar a variabilidade genética populacional e sua evolução durante as gerações por meio de informações obtidas com o registro genealógico. Vários trabalhos têm relatado o impacto da redução da variabilidade genética sobre o desempenho fenotípico em populações.

363

364

365

366

O presente trabalho teve por objetivo analisar a estrutura populacional e avaliar a variabilidade genética da raça Caracu, por meio de informações obtidas de seu registro genealógico.

Material e Métodos

367

368

369

370

371

372

373

374

375

376

377

378

379

380

381

382

383

384

385

386

387

388

389

390

391

392

393

394

395

396

Foram utilizados dados do registro genealógico de 130.165 animais da raça Caracu fornecidos pela Associação Brasileira de Criadores de Caracu. O arquivo obtido continha informações desde a abertura do livro de registros até o ano de 2008. As informações referentes a cada animal consistiram de: pai, mãe, sexo, data de nascimento do animal, da mãe e do pai, criador, cidade e estado do criador e do proprietário. Inicialmente foram obtidas estatísticas descritivas do banco de dados. Após as estimativas iniciais o banco de dados foi dividido em seis períodos de cinco anos, de acordo com o ano de emissão do registro: de 1979 a 1983, de 1984 a 1988, de 1989 a 1993, de 1994 a 1998, de 1999 a 2003 e de 2004 a 2008. software ENDOG[®] (Gutiérrez e Goyache, 2005), foi utilizado para o cálculo do coeficiente de endogamia individual, do tamanho efetivo populacional, do número efetivo de fundadores e ancestrais por período e do intervalo de gerações. Os tamanhos efetivos foram calculados por meio do aumento individual no coeficiente de endogamia, e por meio da regressão do coeficiente de endogamia sobre o número de gerações equivalentes.

O coeficiente de endogamia individual foi calculado conforme descrição de Falconer e Mackay (1996), assim como o coeficiente médio de endogamia da população. Posteriormente, o tamanho efetivo populacional (N_e) foi estimado por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações sucessivas (ΔF) conforme Falconer e Mackay (1996):

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

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}, \text{ em que:}$$

F_t = coeficiente médio de endogamia estimado na geração atual,

F_{t-1} = coeficiente médio de endogamia estimado na geração anterior.

Além disso, por meio do software ENDOG[®] (Gutiérrez e Goyache, 2005) calculou-se o tamanho efetivo da população por meio de metodologias diferentes. Estas metodologias incluem métodos de regressão e a do método do tamanho efetivo realizado por meio do aumento individual do coeficiente de endogamia (Gutiérrez et al., 2008), modificado para evitar computar casos de auto-fecundação (Gutiérrez et al., 2009). O coeficiente de regressão (b) correspondente ao aumento de endogamia entre gerações é dado por:

397 $(F_t - F_{t-1} = b)$, de tal modo que: $N_e = \frac{1}{2b}$

398 O tamanho efetivo realizado (Gutiérrez et al., 2009), pode ser computado a partir do
399 aumento individual do coeficiente de endogamia (ΔF_i). O aumento individual do coeficiente
400 de endogamia é computado como:

401
$$\Delta F_i = 1 - t^{-1} \sqrt{1 - F_i}$$
, em que:

402 F_i = coeficiente individual de endogamia;

403 t = número equivalente de gerações completas.

404 Após a obtenção da média dos ΔF_{is} dos n indivíduos que compõem a população
405 referência obtém-se o $\overline{\Delta F}$. Nesse caso, o tamanho efetivo realizado é dado por:

406
$$N_e = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$$

407 Os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene foram obtidos por meio
408 da utilização do software ENDOG[®] (Gutiérrez e Goyache, 2005). A aproximação clássica na
409 determinação do número efetivo de fundadores foi obtida por:

410
$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$
, em que:

411 f_e = número efetivo de fundadores,

412 $\sum_{k=1}^f q_k^2$ = somatório da contribuição esperada do número de progênes (q_k) do k fundador na
413 população.

414 A determinação do número efetivo de ancestrais foi obtida computando-se a
415 contribuição marginal de cada ancestral por:

416
$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$$
, em que:

417 f_a = número efetivo de ancestrais,

418 $\sum_{k=1}^f p_k^2$ = contribuição marginal do k ancestral na população (ex.: contribuição que ainda não
419 foi explicada por outros ancestrais na população).

420 O intervalo de gerações médio (\bar{L}) em cada período foi calculado de acordo com a
421 seguinte fórmula proposta por Rendel e Robertson (1951):

422

423 $\bar{L} = \frac{1}{4} (L_{PM} + L_{PF} + L_{MM} + L_{MF})$, em que:

424

425 L_{PM} = média dos intervalos de pais a filhos;426 L_{PF} = média dos intervalos de pais a filhas;427 L_{MM} = média dos intervalos de mães a filhos;428 L_{MF} = média dos intervalos de mães a filhas.

429

430

Resultados e Discussão

Foram calculados o total de animais registrados nos diferentes estados da federação em cada período estudado, como pode ser visto na Tab. 1.

Tabela 1- Efetivo de animais registrados nos diferentes estados da federação conforme o período estudado..

ESTADO	1979-1983	1984-1988	1989-1993	1994-1998	1999-2003	2004-2008
AM	-	-	58	-	-	-
BA	-	3	100	183	446	57
ES	-	-	67	73	14	-
CE	-	-	-	-	-	5
GO	125	223	539	359	1.445	1.025
MG	1.507	4.345	8.348	9.465	12.297	9.937
MS	17	170	1.021	2.598	3.924	1.779
MT	16	82	1.005	2.299	6.180	1.541
PR	401	1.169	2.821	6.035	8.847	5.005
PY	-	-	-	-	-	30
RJ	8	89	153	106	5	7
RO	-	-	-	1	466	832
RS	40	63	123	59	71	60
SC	433	963	1.430	1.588	1.287	487
SP	497	1.044	2.592	4.402	4.867	2.751
TOTAL	3.044	18.032	18.257	27.168	39.849	23.516

Dos 130.165 animais do banco de dados, 77.876 apresentaram coeficiente de endogamia acima de zero, o que representa aproximadamente 60% da população. A endogamia média desses indivíduos foi de 3,92% e a máxima de 44,34%.

Dentre os consanguíneos 61.648 animais apresentaram coeficiente de endogamia entre 0 e 5%. Dos animais restantes 12.266 apresentaram coeficientes entre 5 e 10%, 2.181 entre 10 e 15%, 1.069 entre 15 e 20%, 91 entre 20 e 25%, 579 entre 25 e 30%, 38 entre 30 e 35%, 3 entre 35 e 40% e 1 entre 40 e 45%. Verificou-se que dentre os consanguíneos a grande maioria apresentou coeficiente entre 0 e 5% (cerca de 80% do total). Como pode ser visto na Tab. 2.

453 Tabela 2 – Coeficiente de endogamia separado por classe, número de animais por classe e
 454 porcentagem de endogâmicos.

Coeficiente de endogamia (%)	Número de animais	%
0 ≤ 5	61.648	79,162
5 ≤ 10	12.266	15,751
10 ≤ 15	2.181	2,801
15 ≤ 20	1.069	1,373
20 ≤ 25	91	0,117
25 ≤ 30	579	0,743
30 ≤ 35	38	0,049
35 ≤ 40	3	0,004
40 ≤ 45	1	0,001
TOTAL	77.876	

455

456

457 O coeficiente médio de endogamia dos indivíduos endogâmicos apresentou pequena
 458 variação, mas com valores baixos, e o valor máximo de endogamia decresceu entre os
 459 períodos. Entretanto, fato que merece destaque é o aumento do número absoluto de animais
 460 consanguíneos. (Tab. 3)

461

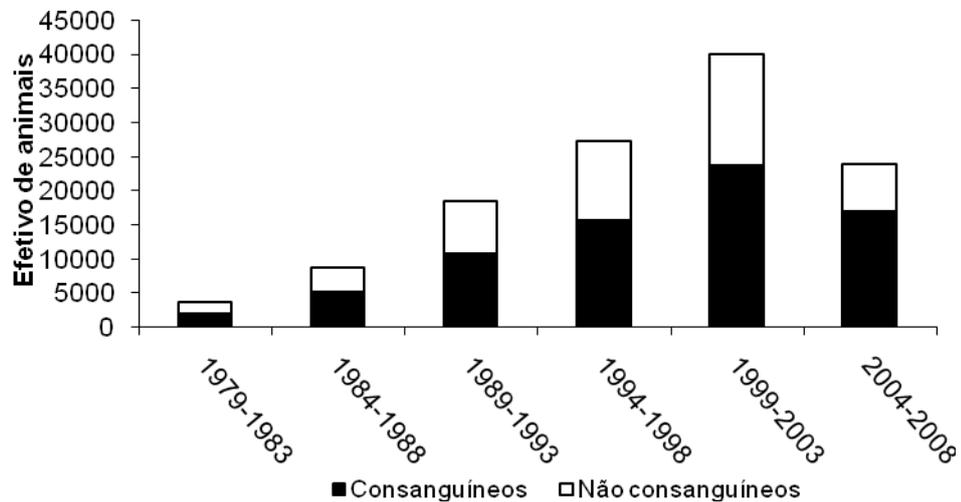
462 Tabela 3 - Total de animais, total de animais endogâmicos, endogamia média (F) e máxima
 463 determinada entre os animais endogâmicos por período.

Períodos	Total de animais (n)	Total de endogâmicos (n)	F (%)	Endogamia máxima (%)
1979 – 1983	3.524	1.967	3,6	44,3
1984 – 1988	8.717	5.046	4,1	34,0
1989 – 1993	18.366	10.723	4,4	39,7
1994 – 1998	27.191	15.662	4,1	34,9
1999 – 2003	39.862	23.663	3,7	34,6
2004 – 2008	23.750	16.924	3,6	37,5
Total	121.410	73.985		

464

465 Na Fig. 1 pode-se verificar esse aumento no número de animais consanguíneos, no
 466 período total compreendido entre os anos de 1979 a 2008. A porcentagem de animais
 467 consanguíneos passou de 55 a 71%, do primeiro ao último período. Apesar dessa proporção
 468 de animais consanguíneos ter aumentado, o coeficiente de endogamia não tem acompanhado
 469 esse aumento, isso pode ter ocorrido devido ao aumento na quantidade de animais, mas a
 470 endogamia entre eles ser baixa. Faria (2002) descreveu essa mesma tendência de aumento no
 471 número absoluto de animais endogâmicos em raças zebuínas registradas.

472 Em relação a raça Caracu, esse fato pode ter ocorrido por dois fatores. Primeiramente,
 473 pode ter ocorrido o aumento do número de animais endogâmicos, mas também, e que não
 474 pode ser descartado foi o fato do aumento do número de ascendentes nos pedigrees. O que
 475 certamente contribuiu para uma estimativa mais acurada do coeficiente de endogamia.
 476



477

478 Figura 1- Número de animais consanguíneos e não consanguíneos por período, na raça Caracu
 479 registrada.
 480

481 Bozzi et al. (2006) determinaram o coeficiente de endogamia e tamanho efetivo
 482 populacional nas raças italianas Chianina, Marchigiana e Romagnola. A população referência
 483 foi definida pelas fêmeas nascidas entre 1996 e 2000 com ambos os pais identificados. Os
 484 coeficientes médios de endogamia estimados nas três raças ficaram ao redor de 2%. Contudo,
 485 quando o tamanho efetivo populacional foi estimado usando-se o coeficiente de endogamia,
 486 os valores descritos foram de pequena magnitude com valores de 27,83, 7,51 e 29,99 para as
 487 raças Chianina, Marchigiana e Romagnola, respectivamente. O aumento no nível de
 488 endogamia nas raças estudadas foi significativo, de acordo com os autores, e concluíram que
 489 isso se deu em função do uso de uns poucos reprodutores. Esses valores estão de acordo com
 490 valores encontrados na Áustria por Baumung e Solkner (2002) e na Espanha por Gutierrez et
 491 al. (2003).

492 Faria et al. (2009) descreveram a variabilidade genética em raças zebuínas brasileiras,
 493 e verificaram alterações nos parâmetros relacionados à variabilidade genética nessas
 494 populações. Nos períodos estudados os valores do coeficiente médio de endogamia passaram

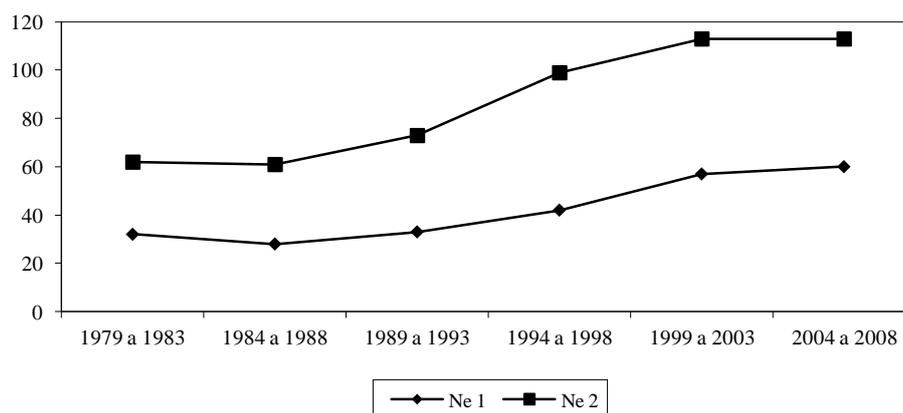
495 de 0,90 a 2,13%; de 0,97 a 2,28% e de 0,73 a 1,75% para as raças Nelore, Gir e Guzerá,
496 respectivamente.

497 No Brasil, Santana Jr. et al. (2012) quantificaram os efeitos da depressão endogâmica
498 nas raças Marchigiana e Bonsmara. O coeficiente médio de endogamia encontrado foi de
499 1,33% e 0,26% para as raças Marchigiana e Bonsmara, respectivamente. Entretanto, os
500 autores relataram reduções na variabilidade genética ao determinarem o tamanho efetivo
501 populacional de 97 na Marchigiana e 54 no Bonsmara.

502 Os resultados para tamanho efetivo populacional (N_e) obtidos em cada período estão
503 sumarizados na Fig. 2. O N_e foi estimado por dois métodos diferentes, o que refletiu diferentes
504 valores absolutos. Apesar disso, a tendência dos valores entre os períodos foi similar, e pode-
505 se observar um aumento de magnitude. Esse fato pode ser em função da inclusão de animais
506 sem genealogia conhecida no livro de registro da raça, o que favoreceu o aumento desse
507 parâmetro.

508 Os valores de N_e determinados por meio do aumento individual no coeficiente de
509 endogamia e por meio da regressão do coeficiente de endogamia sobre o número de gerações
510 equivalentes foram 62, 61, 73, 99, 113, 113 e 32, 28, 33, 42, 57, 60, respectivamente, entre os
511 quinquênios de 1979-1983 a 2004-2008.

512 Embora comparações diretas não sejam possíveis, em função da adoção de diferentes
513 metodologias, Faria et al. (2009) descreveram reduções no N_e em raças zebuínas que variaram
514 de 85 a 68 e de 70 a 45 nas raças Nelore e Gir, respectivamente. Na raça Guzerá esse valor
515 apresentou aumento de pequena magnitude e variou de 107 a 117 no período estudado.



516

517 Figura 2 – Evolução do tamanho efetivo populacional (N_e 1) calculado por meio da regressão
518 do coeficiente de endogamia sobre o número de gerações equivalentes e por meio do aumento
519 individual no coeficiente de endogamia (N_e 2) na raça Caracu registrada.

520

521 O número de ancestrais com contribuição na população referência entre 2004 e 2008
 522 aumentou cerca de duas vezes e meia o seu valor em relação ao observado no período de 1979
 523 a 1983, e o maior valor foi observado no período de 1999 a 2003. Essa mesma tendência foi
 524 observada em relação aos valores de (f_e) e (f_a). Ainda na Tab.4, ao quantificar a contribuição
 525 dos ancestrais, verifica-se a ocorrência de aumento no número de animais que contribuíram
 526 com 50% dos genes em cada período (Tab. 4)

527

528 Tabela 4 - Total de ancestrais com contribuição na população referência, número efetivo de
 529 fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a) e número de ancestrais que explicam 50%
 530 dos genes na população referência por período

Períodos	Ancestrais com contribuição na população referência (n)	f_e	f_a	Animais que explicam 50 % dos genes (n)
1979 – 1983	1.848	88	67	49
1984 – 1988	3.541	89	68	50
1989 – 1993	5.578	78	61	37
1994 – 1998	6.946	84	63	40
1999 – 2003	7.068	108	79	52
2004 – 2008	4.586	103	74	127

531

532 Vozzi et al. (2004) compararam as variedades Mocho e Padrão da raça Nelore, em
 533 animais nascidos entre 2000 e 2001. Os autores verificaram que aproximadamente 60 animais
 534 foram responsáveis pela diversidade genética presente em cada variedade.

535 Faria et al. (2009) ao analisarem as raças Nelore, Gir e Guzerá verificaram reduções
 536 nos parâmetros f_e e f_a . Os autores estimaram em 80, 327 e 406; 80, 301 e 365 os parâmetros f_e
 537 e f_a nas raças Nelore, Gir e Guzerá, respectivamente, entre os anos de 1979 a 1983. Ao passo
 538 que entre os anos de 1994 a 1998 os valores estimados foram 38, 284 e 247; 34, 211 e 166
 539 para f_e e f_a nas raças Nelore, Gir e Guzerá, respectivamente.

540 A redução da variabilidade genética tem sido descrita em várias populações de
 541 bovinos. Bouquet et al. (2009) analisaram cinco populações da raça Limousin na Europa.
 542 Essas populações correspondiam aos seguintes países: Dinamarca, França, Irlanda, Suécia e
 543 Reino Unido. Nessas populações os autores verificaram que os fundadores e os ancestrais
 544 apresentaram uma contribuição desbalanceada. Na França, os dez ancestrais com maior
 545 contribuição foram responsáveis por 25% dos genes, ao passo que nos demais países esse
 546 valor foi de 20%.

547 Na raça Brahman, Faria et al. (2010) descreveram redução do f_e , em contrapartida,
 548 houve aumento de pequena magnitude no f_a . Esses autores descreveram que, no último

549 período avaliado, dez reprodutores contribuíram com cerca de 34% dos genes na população.
 550 Nesse mesmo trabalho um único reprodutor contribuiu com mais de 10% dos genes em cada
 551 período.

552 Também foi calculado a razão entre f_e e f_a , que representa o efeito gargalo no pedigree,
 553 nesse trabalho a razão encontrada foi de 1,31, 1,31, 1,27, 1,33, 1,36 e 1,39, nos seis períodos,
 554 respectivamente. Boichard et al. (1997), encontraram a razão de 3 para a raça Normanda na
 555 França, e Vercesi et al. (2002) e Faria et al. em 2002, encontraram valores de 1,44 e 1,5 para a
 556 raça Tabapuã e Nelore mocho. O efeito gargalo na raça Caracu não foi de grande magnitude,
 557 isso talvez seja em função do número de reprodutores em monta natural em uso nos rebanhos
 558 puros.

559 Na Tab. 5 pode-se verificar o número de reprodutores por período, a razão do número
 560 de fêmeas e machos e a média e o desvio padrão do número de progênes por reprodutor. O
 561 período que houve um maior número de reprodutores foi de 1999 a 2003 com 1.053 animais,
 562 esse valor aumentou desde o primeiro período, assim como a média do número de progênes
 563 durante os anos, com exceção do período de 2004 a 2008 que houve uma redução nesses
 564 valores, mas ainda assim, o valor observado foi cerca de três vezes maior em relação ao
 565 primeiro período. A proporção de fêmeas/macho diminuiu durante os períodos de 20,68 para
 566 11,22. Foi possível verificar um aumento no desvio padrão (DP) de 5,66 para 16,27. Com o
 567 aumento do desvio padrão do número de progênie era esperado que houvesse uma redução no
 568 tamanho efetivo da população, mas nesse trabalho ocorreu o inverso, isso pode ter ocorrido
 569 devido ao aumento no efetivo populacional e pela diminuição na razão entre fêmeas e
 570 machos.

571

572 Tabela 5 - Número de reprodutores, média e desvio padrão (DP) do número de progênes e
 573 razão dos números de fêmeas e machos na raça Caracu

Período	Número de pais	Nº de fêmeas/Nº de machos	Número de progênes por reprodutor	
			Média	D.P
1979 a 1983	71	20,68	3,89	5,66
1984 a 1988	232	13,71	9,25	11,36
1989 a 1993	455	12,24	16,69	19,91
1994 a 1998	680	12,58	16,96	23,36
1999 a 2003	1.053	12,65	17,77	24
2004 a 2008	810	11,22	13,48	16,27

574

575 De modo geral o intervalo de gerações diminuiu entre os anos, isso certamente refletiu
 576 a taxa de descarte aplicada pelos criadores (Tab. 6). Os valores encontrados estão um pouco
 577 abaixo dos encontrados na literatura, principalmente em relação aos zebuínos. Malhado et al.
 578 (2008), avaliando o progresso genético e a estrutura populacional da raça Nelore na Bahia
 579 encontraram valores de 9,1 (pai-filho), 9,0 (pai-filha), 7,6 (mãe-filho) e 7,5 anos (mãe-filha), e
 580 o intervalo de gerações médio foi de 8,3 anos. Vercesi Filho et al. (2002) encontraram valores
 581 de 7,2 (pai-filho), 7,2 (pai-filha), 7 (mãe-filho) e 6,9 (mãe-filha) para a raça Tabapuã. Faria et
 582 al. (2002), que estimaram médias de 7,1 (pai-filho), 7,2 (pai-filha), 7,2 (mãe-filho) e 7,1 (mãe-
 583 filha), para animais registrados das raças Nelore Mocho.

584 Reis Filho et al. (2010), estimaram valores médios em anos de 9,63 (pai-filho), 8,86
 585 (pai-filha), 7,37 (mãe-filho) e 7,34 (mãe-filha). Faria et al (2010), encontraram valores acima
 586 de 9 anos para animais da raça Nelore com sêmen disponíveis em centrais de inseminação.
 587 Ainda Faria et al. (2001) descreveram valores médios de 6,56 anos na raça Gir Mocho e
 588 Queiroz & Lobo (1993) relataram valor médio de 8,02 anos na raça Gir.

589

590 Tabela 6. Intervalo de gerações, em anos, das quatro passagens gaméticas e média dos
 591 intervalos na raça Caracu

Período	Passagem gamética				Média ^(a)
	Pai – filho	Pai – filha	Mãe – filho	Mãe – filha	
Anos					
1979 a 1983	6,27	6,12	6,63	6,53	6,39
1984 a 1988	6,51	6,32	6,66	6,47	6,49
1989 a 1993	6,30	6,34	6,43	6,41	6,37
1994 a 1998	6,04	6,02	6,30	6,26	6,16
1999 a 2003	5,94	5,93	6,16	6,10	6,03
2004 a 2008	5,81	5,84	5,98	6,09	5,93
Média ^(b)	6,14	6,10	6,36	6,31	

592 (a) = média das passagens gaméticas dentro de períodos, (b) = média dentro de passagens ao
 593 longo dos períodos.

594

Conclusões

595

596

597 O número de animais consanguíneos aumentou ao longo dos períodos analisados,
598 embora a magnitude do coeficiente médio de endogamia permaneceu estável. O tamanho
599 efetivo populacional e os parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene
600 aumentaram entre os períodos estudados. Esses fatores refletiram de certo modo a política de
601 inclusão de animais no livro de registro genealógico, o que favoreceu o aumento de
602 magnitude dos parâmetros analisados.

603

Agradecimentos

604
605
606
607
608
609

Os autores agradecem a Associação Brasileira de Criadores de Caracu (ABCCARACU) pela concessão dos dados que tornou possível a realização deste trabalho. Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudo. Aos pesquisadores Juan Pablo Gutiérrez e Félix Goyache pela concessão do software ENDOG. À EMBRAPA – CNPGC e ao Arquivo Zootécnico Nacional.

Referências

610
611

- 612 BAUMUNG, R.; SOLKNER, J. Analysis of pedigrees of Tux-Zillertal, Carinthian Blond and
613 Original Pinzgau cattle population in Austria. **Journal of Animal Breeding Genetic**, v. 119,
614 p. 175-181, 2002.
- 615 BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene
616 origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, p.
617 5-23, 1997.
- 618 BOUQUET, A.; VENOT, E.; LALOË D. et al. Genetic structure of the European Limousin
619 cattle metapopulation using pedigree analyses. In: INTERBULL MEETING, 40, 2009,
620 Barcelona. **Proceedings...** Spain, 2009, p.98 - 103.
- 621 BOZZI, R.; FRANCI, O.; FORABOSCO, F. et al. Genetic variability in three italian beef
622 cattle breeds derived from pedigree information. **Italian Journal of Animal Science**, v.5,
623 p.129-137, 2006.
- 624 EGITO, A. A.; MARIANTE, A. S.; ALBUQUERQUE, M. S. M. Programa Brasileiro de
625 conservação de recursos genéticos animais. **Arquivos de Zootecnia**, v. 51, n. 193-194, p. 39-
626 52, 2002.
- 627 FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4^a ed.
628 Harlow:Longman, London, 1996, p.494.
- 629 FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002.
630 177 p. Tese (Doutorado em Ciência Animal) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de
631 Minas Gerais, Belo Horizonte.2002.
- 632 FARIA, F. J. C.; DIAS, A. C.; VERCESI FILHO, A. E. et al. Análise da estrutura genética de
633 reprodutores da raça Nelore em centrais de inseminação: intervalo de gerações e variância do
634 número de progênes. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE
635 MELHORAMENTO ANIMAL, 8, 2010, Maringá. **Anais...**, Maringá: 2010.

- 636 FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E. et al. Parâmetros
637 populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**,
638 v.30, p.1984-1988, 2001.
- 639 FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A.
640 Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária**
641 **e Zootecnia**, v.54, p.501-509, 2002
- 642 FARIA, F. J. C.; VERCESI FILHO, A. E.; MADALENA F. E. et al. Pedigree analysis in the
643 brazilian zebu breeds. **Journal of Animal Breeding Genetic**, v. 126, p. 148-153, 2009.
- 644 FARIA, L. C.; QUEIROZ, S. A.; VOZZI, P. A. et al. Variabilidade genética da raça Brahman
645 no Brasil detectada por meio de análise de pedigree. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**,
646 v.45, n.10, p.1133-1140, 2010.
- 647 GUTIÉRREZ, J. P., CERVANTES, I., GOYACHE, F. Improving the estimation of realized
648 effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 126,
649 327-332, 2009.
- 650 GUTIÉRREZ, J. P., CERVANTES, I., MOLINA, A. et al. Individual increase in inbreeding
651 allows estimating realised effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, 40,
652 359-378, 2008.
- 653 GUTIERREZ, J. P., GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing
654 pedigree information. **Journal of Animal Breeding Genetic**, v. 122, p. 172-176, 2005.
- 655 GUTIÉRREZ, J. P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C. et al. Pedigree analysis of eighth Spanish beef
656 cattle breeds. **Genetics Seletion Evolution**, v.35, p.43-63, 2003.
- 657 LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and
658 founder genome equivalents. **Zoology Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.
- 659 MALHADO, C. H. M; CARNEIRO, P. L. Z; PEREIRA, D. G. et al. Progresso genético e
660 estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária**
661 **Brasileira**, v.43, n.9, p.1163-1169, 2008.
- 662 PEREIRA, M. C.; MERCADANTE, M. E. Z.; ALBUQUERQUE, L. G. de et al. Estimativa
663 de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um
664 rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.6, p. 2245-2252, 2005. (supl.)
- 665 QUEIROZ, S. A.; LÔBO, R. B.; MARTINEZ, M. L. Efeito da endogamia sobre algumas
666 características de importância econômica na raça Gir. **Revista Brasileira Zootecnia**, v.22,
667 p.773-786, 1993.

- 668 REIS FILHO, J. C.; LOPES, P. S.; VERNEQUE, R. S. et al. Population structure of Brazilian
669 Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.39, n.12, p. 2640-2645, 2010.
- 670 RENDEL, J. M.; ROBERTSON, A. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a
671 closed herd of dairy cattle. **Journal of Genetics**, v.50, p. 1-8, 1951.
- 672 SANTANA JR., M. L.; OLIVEIRA, P. S.; ELER, J. P. et al. Pedigree analysis and inbreeding
673 depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of**
674 **Animal Science**, p.90–108, 2012.
- 675 SÓLIS, A.; JUGO, B. M.; MÉRIAUX, J. C. et al. Genetic diversity within and among four
676 south European native horse breeds base don microsatellite DNA analysis: implications for
677 conservation. **Journal of Heredity**, v.96, n.6, p.670-678, 2005.
- 678 VERCESI FILHO, A. E.; FARIA, F. J. C.; MADALENA, F. E. et al. Estrutura populacional
679 do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e**
680 **Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002
- 681 VOZZI, P. A.; MARCONDES, C. R.; BEZERRA, L. A. F. et al. Estrutura de linhagens e
682 variabilidade genética da raça Nelore. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE
683 MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga. **Anais...**, Pirassununga: 2004.