



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

ARIANE LOUDEMILA SILVA DE ALBUQUERQUE

**ESTRUTURA POPULACIONAL DE UM REBANHO LEITEIRO DA RAÇA
PARDO-SUIÇA NO ESTADO DO CEARÁ**

FORTALEZA – CE
2010

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

ARIANE LOUDEMILA SILVA DE ALBUQUERQUE

**ESTRUTURA POPULACIONAL DE UM REBANHO LEITEIRO DA RAÇA PARDO-SUIÇA
NO ESTADO DO CEARÁ**

Dissertação submetida à coordenação do Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Animal.

Orientadora: Profa. Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira

**Fortaleza – CE
2010**

A298e Albuquerque, Ariane Loudemila Silva de
Estrutura populacional de um rebanho leiteiro da raça pardo-suíça no estado do Ceará / Ariane Loudemila Silva de Albuquerque, 2010.
48 f.; il.; color.; enc.

Orientador: Profa. Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira

Co-orientador: Prof. Dr. Arlindo de Alencar Araripe Noronha Moura

Área de concentração: Produção animal

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Depto. de Zootecnia, Fortaleza, 2009.

1. Bovino - criação. 2. Bovino de leite. 3. Bovino – melhoramento genético. I. Oliveira, Sônia Maria Pinheiro de (Orient.). II. Moura, Arlindo de Alencar Araripe Noronha (Co-orient.) II. Universidade Federal do Ceará – Pós-Graduação em Zootecnia IV.Título

CDD 636.08

ARIANE LOUDEMILA SILVA DE ALBUQUERQUE

ESTRUTURA POPULACIONAL DE UM REBANHO LEITEIRO DA RAÇA
PARDO-SUIÇA NO ESTADO DO CEARÁ

Dissertação submetida à coordenação do Curso de Pós-Graduação em Zootecnia, da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Produção Animal.

Aprovada em 26/04/2010

BANCA EXAMINADORA



Prof. Dra. Sônia Maria Pinheiro de Oliveira (Orientadora)
Universidade Federal do Ceará - UFC



Prof. Dr. Arlindo de Alencar Araripe Noronha Moura (Co-Orientador)
Universidade Federal do Ceará - UFC



Dr. Carlos Eduardo Azevedo Souza (Conselheiro)
Universidade Federal do Ceará - UFC

BIOGRAFIA

ARIANE LOUDEMILA SILVA DE ALBUQUERQUE - Nascida em 14 de agosto de 1983, em Palmeira dos Índios, AL. Técnica Agropecuária, formada pelo Instituto Federal de Educação, Ciências e Tecnologia de Alagoas - IFET/AL, em 2004. Zootecnista, formada pela Universidade Federal de Alagoas - CECA/UFAL em 2007. Ingressou no curso de mestrado em Zootecnia na área de concentração em Produção Animal e Melhoramento Genético, pelo Programa de Pós-graduação em Zootecnia pela Universidade Federal do Ceará - CCA/UFC, em 2008. Defendeu sua dissertação em Fevereiro de 2010.

DEDICO

Aos meus pais Roberto Bezerra e Maria Elza, que são fontes de inspirações em minha vida.

As minhas irmãs Andréia Cristina e Adriane Michele, pelo carinho, incentivo, amor e conselhos durante toda minha vida e que se sentem orgulhosas da minha conquista.

Aos meus irmãos de consideração Aritana Sara e Eduardo Felipe, por fazerem parte de minha vida.

As minhas sobrinhas Dandara e Isis que são luzes em minha vida.

Aos meus cunhados Maxsuell Leandro e Hans Kuiper pela presença nas vitórias e nos momentos difíceis.

À minha grande família composta por tios, primos e avós, que sempre me escutaram quando eu necessitei de seus incentivos e orações.

(In memorium) de meu avô Argemiro Ramos por sempre acreditar em mim, que mesmo ausente, se faz presente em meus pensamentos. *(In memorium)* de meu tio José Ferreira Albuquerque que sempre me deu apoio, carinho, coragem e amor.

Agradecimento especial

A minha família

Pelo apoio constante e pela base de toda minha educação, sempre me provando que nunca é tarde para começar. Sempre mostrando que todo caminho tem uma saída e que nenhum obstáculo é maior que as nossas forças para transpô-lo.

Obrigada Painho, Mainha, Déia e Diana, por acreditar em mim e sempre me apoiar em todos os momentos dessa caminhada, pelo exemplo de amor, confiança, paciência, dando-me forças, coragem, determinação, perseverança, companheirismo, amigo(a), compreensão, incentivador(a) e ensinando-me a tentar ser uma pessoa melhor a cada dia.

Apesar de estarmos distante, sempre encontraram uma maneira de demonstrar seu amor por mim acompanhando todos os meus passos, orgulhando-se sempre de cada sonho que consigo realizar.

Penso em vocês todos os dias e agradeço a Deus na família maravilhosa que tenho que é à base da minha vida, alicerce da minha construção moral, profissional e espiritual. Tô distante, mais meu coração e meus pensamentos estaram sempre com vocês...

Tenho orgulho de fazer parte dessa família.

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo fortalecimento da fé, pela renovação da esperança e pela saúde frente aos obstáculos vencidos.

À Universidade Federal do Ceará - UFC. Principalmente ao Departamento de Pós-Graduação em Zootecnia pela oportunidade de realizar este curso de mestrado e por essa conquista em minha vida, na qual é de grande importância nesse momento.

Ao CNPQ pela concessão da bolsa de estudos.

À Professora Sônia Maria Pinheiro de Oliveira pela orientação, amizade e compreensão durante todo o mestrado. Muito obrigada.

Ao Prof. Dr. Arturo Bernardo Selaive Villarroel, pela gentil acolhida e orientação durante ausência da professora Sônia.

Ao Prof. Dr. Arlindo de Alencar por disponibilizar os dados para realização da minha dissertação.

Ao Prof. Dr. Gabrimar Araújo Martins, pelo incentivo, atenção, empenho, paciência, transmissão de conhecimentos e amizade.

Ao Prof. Dr. Magno José Duarte Cândido, pela atenção e apoio durante o mestrado.

Ao Prof. Dr. Germano Augusto Jerônimo do Nascimento, pelo apoio, amizade e incentivo.

Ao Dr. Carlos Eduardo Azevedo Souza, pela sugestões feitas no meu trabalho, enriquecendo mais ainda o conteúdo.

Aos Professores da Universidade Federal de Alagoas, em especial a Profa. Dra. Patrícia Mendes Guimarães Beelen, Profa. Dra. Angelina Fraga Bossi, Profa. Dra. Adriana Guimarães Duarte e o Prof. Dr. Ivanildo Lima Soares, pela amizade, compreensão, incentivo, conselhos, força, apoio, ensinamentos e por ter me

inspirado a seguir em frente com a pesquisa e que mesmo longe sempre acreditaram em minha capacidade.

Aos funcionários da Fazenda Experimental do Vale do Curu, Sr. Valmir, Dona Socorro, Iron, Sr. Calixto, Sr. Roberto, Sr. Murilo, Sr. Juscelino, Paulo, Juliana, Carlos, Pedro e todos aqueles que me receberam com muito carinho.

Aos amigos Ana Gláudia e Luciano Ximenes pelo apoio, ajuda, paciência e ensinamentos, obrigada por tudo.

A amiga Daliane pelo incentivo e ajuda nas análises dos dados (ENDOG), muito obrigada.

Ao amigo Severino Junior pelo apoio, ajuda e sugestões dadas para enriquecer meu trabalho.

Ao meu namorado Álvaro Silva pelo apoio, companheirismo, amor, carinho e amizade e toda a sua família.

Aos amigos da Paraíba Socorro Pinto, Jaime Filho, Tatiana e o novo integrante da turminha Ariel pela amizade, conselhos, incentivo, apoio e o carinho.

A minha amiga de quarto Sueli Freitas, pela paciência, amizade e por me escutar horas e horas falando besteiras sem parar...risosss.

Aos colegas e amigos da Pós-Graduação Nádia Melo, Roseane Madeira, Mirlanda, Rildson, Rafael, Fabiane, Priscila, Tales, Liandro, João Paulo, Gustavo, Gilson, Fernando, Joaquim, Adriano, Bartolomeu, Leonardo, Leonilia (*In memoriam*), Igor, Emanuel, Rafaella Castro, Leninha, Fabrícia, Gerardo enfim agradeço a todos que fizeram parte de minha vida durante todo período do mestrado.

Em especial a família Madeira (Sr. Otávio, D. Conceição, Rose, Tavinho, Elis...) pela hospedagem, ajuda e cuidados, no final do mestrado, principalmente aos meus sobrinhos adotivos: João Filho, Érica, Kelvin e Yasmim pelo carinho e por fazerem minha vida mais feliz.

Aos amigos do setor de Caprinovinocultura, Marcílio, Ítalo, Jaime Martins, Daniel Souza, Mônica, Carlos Eduardo, Patrícia Pimentel, e Rômulo pela amizade e companheirismo.

Aos amigos da Reprodução Animal, Carlos Eduardo, Alethéia, Érica, pelo incentivo, conselhos e amizade.

A todos os alunos da Graduação que conheci durante esse tempo.

Aos amigos do Maranhão Suzi e Junior, pelo incentivo e apoio.

Aos amigos de graduação Ronaldo Junior, Daniele e Deise pelo carinho, apoio, incentivo e amizade. Que mesmo longe me ajudaram em todos os momentos agradeço de todo meu coração.

Aos amigos da infância e adolescência Sara Evaristo e Black que mesmo distante sempre tiveram uma palavra amável a me oferecer.

As minhas psicólogas Dra. Telma e Dra. Terezinha, pela ajuda e ensinamentos que mesmo diante dos obstáculos devemos manter a nossa cabeça erguida e seguir em frente sendo dignas das nossas vitórias e reconhecendo nossas derrotas e limitações.

Ao Diogo Mélo pela ajuda, apoio no início do meu mestrado e por compartilhar alguns momentos de minha vitória.

A Francisca Prudêncio, secretaria do curso de Pós-Graduação em Zootecnia, pelos serviços prestados no decorrer do curso.

A todos os professores do Departamento de Pós-Graduação em Zootecnia, pelos ensinamentos.

E a todos que de uma forma ou de outra contribuíram para que eu pudesse realizar esse trabalho e também aqueles que me fizeram ser a pessoa que sou hoje, pessoas que me decepcionando ou me fazendo feliz, moldaram minha personalidade e meu jeito de encarar a vida.

Encerrando ciclos

Sempre é preciso saber quando uma etapa chega ao final.. Se insistirmos em permanecer nela mais do que o tempo necessário, perdemos a alegria e o sentido das outras etapas que precisamos viver. Encerrando ciclos, fechando portas, terminando capítulos. Não importa o nome que damos, o que importa é deixar no passado os momentos da vida que já se acabaram.

Foi despedida do trabalho? Terminou um curso? Terminou uma relação? Deixou a casa dos pais? Partiu para viver em outro país? A amizade tão longamente cultivada desapareceu sem explicações? Você pode passar muito tempo se perguntando por que isso aconteceu... Pode dizer para si mesmo que não dará mais um passo enquanto não entender as razões que levaram certas coisas, que eram tão importantes e sólidas em sua vida, serem subitamente transformadas em pó.

Mas tal atitude será um desgaste imenso para todos: seus pais, seus amigos, seus filhos, seus irmãos, todos estarão encerrando capítulos, virando a folha, seguindo adiante, e todos sofrerão ao ver que você está parado. Ninguém pode estar ao mesmo tempo no presente e no passado, nem mesmo quando tentamos entender as coisas que acontecem conosco.

O que passou não voltará: não podemos ser eternamente meninos, adolescentes tardios, filhos que se sentem culpados ou rancorosos com os pais, amantes que revivem noite e dia uma ligação com quem já foi embora e não tem a menor intenção de voltar.

As coisas passam, e o melhor que fazemos é deixar que elas realmente possam ir embora... Por isso é tão importante (por mais doloroso que seja!) destruir recordações, mudar de casa, dar muitas coisas para orfanatos, vender ou doar os livros que tem.

Tudo neste mundo visível é uma manifestação do mundo invisível, do que está acontecendo em nosso coração... e o desfazer-se de certas lembranças significa também abrir espaço para que outras tomem o seu lugar. Deixar ir embora. Soltar. Desprender-se. Ninguém está jogando nesta vida com cartas marcadas, portanto às vezes ganhamos, e às vezes perdemos. Não espere que devolvam algo, não espere que reconheçam seu esforço, que descubram seu gênio, que entendam seu amor.

Pare de ligar sua televisão emocional e assistir sempre ao mesmo programa, que mostra como você sofreu com determinada perda: isso o estará apenas envenenando, e nada mais. Não há nada mais perigoso que rompimentos amorosos que não são aceitos, promessas de emprego que não têm data marcada para começar, decisões que sempre são adiadas em nome do "momento ideal".

Antes de começar um capítulo novo, é preciso terminar o antigo: diga a si mesmo que o que passou, jamais voltará! Lembre-se de que houve uma época em que podia viver sem aquilo, sem aquela pessoa - nada é insubstituível, um hábito não é uma necessidade. Pode parecer óbvio, pode mesmo ser difícil, mas é muito importante.

Encerrando ciclos. Não por causa do orgulho, por incapacidade, ou por soberba, mas porque simplesmente aquilo já não se encaixa mais na sua vida. Feche a porta, mude o disco, limpe a casa, sacuda a poeira. Deixe de ser quem era, e se transforme em quem é. Torna-te uma pessoa melhor e assegura-te de que sabes bem quem és tu próprio, antes de conheceres alguém e de esperares que ele veja quem tu és...

E lembra-te: Tudo o que chega, chega sempre por alguma razão.

(Fernando Pessoa)

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a estrutura populacional de um rebanho bovino da raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará. Os dados foram provenientes do fichário de controle zootécnico da Fazenda Experimental Vale do Curu (FEVC), da Universidade Federal do Ceará, no período de 1988 a 2009, referentes a registros de 431 animais (149 machos e 282 fêmeas). Foram estimados o tamanho efetivo (N_e), o coeficiente de consanguinidade (F) parentesco médio (AR) dos indivíduos, o tamanho efetivo de fundadores e de ancestrais (f_a e f_e), o intervalo de gerações (IG), a integridade dos *pedigrees* e as estatísticas F de Wright. Os coeficientes de F e AR médios da população foram de 0,0037 e 0,0139 respectivamente. Já o intervalo de gerações (IG) total foi de 5,40 anos, sendo maior para mãe-filha. O número efetivo de animais fundadores (f_e) e de ancestrais (f_a) foi 50 e 39 respectivamente, sendo que de todos os ancestrais apenas, metade foi responsável pela variabilidade genética da população, o que indica perda de genes de origem. Observa-se baixa contribuição dos animais fundadores ao longo das gerações. Quanto à integridade dos *pedigrees* foram identificados 53,13% animais como pais (reprodutores) e 50,81% como mães. Para subdivisão da população os valores obtidos para F_{IS} , F_{ST} e F_{IT} foram -1,00, 0,498 e -0,003 respectivamente, indicando perda de heterozigosidade causada pela divisão da população.

Palavras - Chave: Bovinos, Consanguinidade, Número Efetivo, Parentesco e Recurso Genético.

ABSTRACT

This study aimed to evaluate the population structure of a cattle herd of Brown Swiss cattle in the state of Ceará. Data were from Binder Animal Control Experimental Farm Valley Curu (FEVC), Federal University of Ceará, from 1988 to 2009, relating to records of 431 animals (149 males and 282 females). We estimated the effective size (N_e), the inbreeding coefficient (F) average kinship (AR) of individuals, the effective size of founders and ancestors (f_a and f_e), the generation interval (GI), the integrity of the *pedigrees* and Wright's F statistics. The coefficients of F and AR average population were 0.0037 and 0.0139 respectively. Since the generation interval (GI) total was 5.40 years, higher for mother-daughter. The actual number of animals founders (f_e) and ancestors (f_a) was 50 and 39 respectively, and all the ancestors only, was responsible for half the population genetic variability, indicating loss of genes of origin. Found to be low contribution of founding animals over generations. The integrity of the pedigrees were identified 53.13% animals as parents (breeders) and 50.81% as mothers. For subdivision of the values obtained for F_{IS} , F_{ST} , and F_{IT} were -1.00, -0.003 and 0.498 respectively, indicating loss of heterozygosity caused by the division of the population.

Keywords: Cattle, Inbreeding, Number Effective, Genetic Resources e Kinship.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Parâmetros populacionais do rebanho da Raça Pardo-Suíço.....	35
Tabela 2 -	Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada.....	37
Tabela 3 -	Número de animais (N), taxa de consanguinidade (F), porcentagem de indivíduos consanguíneos (POR), coeficientes para animais consanguíneos (FC) e médio de parentesco (AR) e números efetivos (N_e).....	38
Tabela 4 -	Via de transmissão genética, médias, desvios e erros padrão para o intervalo de geração e idade dos pais ao nascimento da primeira progênie.....	39
Tabela 5 -	Consanguinidade (F) e coeficiente médio de parentesco (AR) do rebanho Pardo-Suíço do Estado do Ceará.....	41
Tabela 6 -	Médias ajustadas e erros-padrão do peso adulto da vaca (PVA), peso da vaca ao parto (PVP) e escore corporal ao parto (ECC) de um rebanho da raça Pardo-Suíça por ano do controle leiteiro.....	44
Tabela 7 -	Médias estimadas (PLE) e observadas (PLO) e erros-padrão da produção de leite diária da raça Pardo-Suíça em kg.....	45

LISTA DE GRÁFICOS

Figura 1 -	Registros de nascimentos de fêmeas e machos do rebanho Pardo-Suíço.....	34
Figura 2 -	Tamanho efetivo no período de 1988-2001 em bovinos leiteiros da raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará.....	36
Figura 3 -	Consanguinidade (F) e coeficiente médio de parentesco (AR) do rebanho Pardo-Suíço do Estado do Ceará.....	41
Figura 4 -	Estrutura do pedigree do rebanho Pardo-Suíço da Fazenda Experimental do Vale do Curu - CCA/UFC.....	42

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

- *FAO* – Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação
- *N_e* - Número efetivo
- *f_e* – Número efetivo de fundadores
- *f_a* – Número efetivo de ancestrais
- ΔF - Aumento da consanguinidade
- *F* - Taxa de consanguinidade
- *AR* – Coeficiente médio de parentesco
- *F_{IT}* – Índice de fixação nos indivíduos da população
- *F_{IS}* – Índice de fixação intra-população
- *F_{ST}* – Índice de fixação entre população
- *IG* – Intervalo de geração
- *FC* – Coeficiente de consanguinidade para animais consanguíneos
- *POR* – Porcentagem de indivíduos consanguíneos
- *PVA* – Peso da vaca adulta
- *PVP* – Peso da vaca ao parto
- *ECC* - Escore da condição corporal ao parto
- *PLE* – Produção de leite diária estimada
- *PLO* – Produção de leite diária observada

SUMÁRIO

RESUMO

ABSTRACT

LISTA DE TABELAS

LISTA DE FIGURAS

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

1. INTRODUÇÃO.....	18
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	20
2.1 Considerações sobre a Raça Pardo-Suíça.....	20
2.2 Endogamia ou Consangüinidade e Estrutura Genética de uma População	21
2.2.1 Número efetivo de fundadores (<i>fe</i>).....	22
2.2.2 Número efetivo de ancestrais (<i>fa</i>).....	22
2.2.3 Coeficiente de Consangüinidade (<i>F</i>).....	23
2.2.4 Coeficiente Médio de Parentesco (<i>AR</i>).....	23
2.2.5 Número efetivo (<i>Ne</i>).....	24
2.2.6 Estatísticas F de Wright.....	25
2.2.7 Integridade dos Pedigrees.....	25
2.2.8 Intervalos de Gerações (<i>IG</i>).....	26
2.2.9 Programa ENDOG.....	26
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
3.1 Descrição da fazenda.....	28
3.2 Análise dos dados.....	30
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	34
5. CONCLUSÃO.....	46
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético representa, dentre outras, uma alternativa para aumentar a eficiência da produção animal, alterando a constituição genética dos rebanhos por meio da seleção, promovendo ganhos permanentes e acumulativos. Segundo Mucari e Oliveira (2003), para se promover o melhoramento genético em bovinos existem algumas alternativas clássicas: (1) seleção dos indivíduos que serão utilizados como pais da próxima geração, (2) escolha do sistema de acasalamento e (3) introdução de novo material genético (variabilidade genética). Essas alternativas tem por objetivo aumentar a frequência dos genes desejáveis e obter combinações gênicas favoráveis.

Um dos aspectos importantes no melhoramento genético animal está no estudo de informações de *pedigree* que têm sido bastante utilizadas para avaliar a diversidade genética e também a estrutura populacional, em diversas espécies de animais domésticos (FARIA et al., 2001, 2002; VERCESI FILHO et al., 2002).

Esses estudos de estrutura das populações, mediante as informações de *pedigree*, podem esclarecer importantes circunstâncias que afetam o histórico genético das populações (VALERA et al., 2005). São por meio dessas informações, aliadas às informações fenotípicas coletadas que é possível realizar avaliações genéticas de reprodutores no intuito de gerar uma importante etapa na elaboração de programas de melhoramento genético de qualquer espécie. Por esse motivo, a coleta acurada da genealogia dos animais é de fundamental importância, pois as avaliações dependem de informações contidas nos pedigrees.

De acordo com Malhado et al., (2008), para a viabilidade dos programas de melhoramento genético, é imprescindível que se conheçam os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e no progresso genético. Como, por exemplo, tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética.

O estudo da variabilidade genética das populações depende das informações genealógicas. Inicialmente, os estudos se davam pelo coeficiente de endogamia e sua taxa de variação (ΔF) entre gerações. Sabe-se que a endogamia traz como principal consequência o aumento do número de loci em homozigose, o que resulta na diminuição da variabilidade genética. As informações contidas nos *pedigrees* são utilizadas para se estudar a probabilidade de origem dos genes na população (BOICHARD et al., 1997).

Uma população, do ponto de vista genético, é a reunião de indivíduos com diferentes genótipos e com sistema de acasalamento definido, possibilitando a formação de descendentes em frequência proporcional à contribuição gamética de seus genitores. A estrutura de uma população pode ser definida pela frequência dos alelos que compõem os diferentes genótipos dos diferentes indivíduos que a integram (CRUZ, 2005).

O presente trabalho teve como objetivo geral avaliar a estrutura populacional de um rebanho bovino leiteiro da raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará, mediante a determinação do cálculo do tamanho efetivo, número efetivo de fundadores e de ancestrais, coeficiente médio de parentesco entre os indivíduos, intervalo de gerações, taxas de consanguinidade da população e as estatísticas F de Wright e também, foram estimadas as médias e os erros-padrão da produção de leite, peso adulto da vaca, peso da vaca ao parto e escore corporal da raça Pardo-Suíça.

2. REVISÃO LITERATURA

2.1 Considerações sobre a raça Pardo-Suíça

É uma raça taurina, originária da região dos lagos, na Suíça, Conhecido como gado Schwyz, teve a denominação de gado Pardo-Suíço, oficialmente adotada em 1880. Nos Estados Unidos é conhecido como Brown Swiss, na Itália como raça Bruna e na Suíça como Braunvieh. Hoje é bastante difundida em quase todo o continente americano. Ela é muito apreciada por suas diferentes qualidades, pela quantidade e qualidade do leite, por sua carne e por sua habilidade para trabalho (ABCGPS - Associação Brasileira de Criadores de Pardo-Suíço).

São animais de grande porte, com pelos de cor parda, pele pigmentada escura com pelos ao redor do focinho e na face interna das orelhas. O corpo é amplo, com flancos profundos e boa cobertura muscular; seus aprumos são reconhecidos como os melhores entre todas as raças leiteiras. Os chifres são brancos, com pontas negras, de tamanho médio a pequeno, crescendo para fora e para diante, com as pontas para cima. Os cascos são pretos e a mucosa dos orifícios naturais e do focinho é negra (ABCGPS - Associação Brasileira de Criadores de Pardo-Suíço).

No Brasil, os maiores rebanhos estão concentrados nas regiões sul e sudeste. Durante anos, foram feitos vários cruzamentos da raça com animais de origem zebuína, fundamentados na heterose, ou vigor híbrido, onde os seus genes dominantes expressam características favoráveis, produziram vários mestiços, sendo os principais denominados de Three-cross (Pardo-Suíço + Girolando), Itapetinga (Pardo-Suíço + Indubrasil), Lavinia (Pardo-Suíço + Guzerá) e Sabú (Pardo-Suíço + Nelore). Todos estes cruzamentos industriais foram desenvolvidos no sentido de obter animais mais produtivos tanto para carne quanto para leite (ABCGPS - Associação Brasileira de Criadores de Pardo-Suíço).

No contexto mundial, o Brasil possui, em número de animais, o segundo maior rebanho leiteiro. Entretanto, apresenta baixos índices de produtividade quando comparados aos de países desenvolvidos e mesmo àqueles com condições climáticas semelhantes. Contrastes entre e dentro das diversas regiões do país e fatores como alimentação, manejo, nível tecnológico, insumos e política social e econômica têm explicado, em parte, os baixos rendimentos dos rebanhos (SILVA et al. 2000).

A identificação e quantificação dos fatores ambientais que afetam características produtivas de importância econômica são elementos importantes e necessários na tomada de decisões, para orientação dos sistemas de manejo, sendo valiosos subsídios para definição e condução dos programas de melhoramento genético e estimativas de retorno econômico esperado.

De acordo com Silva et al. (2000), a raça Pardo-Suíça tem merecido atenção por se encontrar distribuída em todo o território nacional, apresentando produções razoáveis em condições desfavoráveis de clima. Do ponto de vista econômico, a produção de leite e o período de lactação são características importantes na determinação da exploração leiteira

2.2 Endogamia ou consangüinidade e estrutura genética de uma população

A endogamia ou consanguinidade ocorre quando os acasalamentos são efetuados entre parentes mais próximos do que seriam se os indivíduos tivessem sido escolhidos ao acaso de uma população. Os indivíduos aparentados têm um ou mais ancestrais em comum e, portanto, a extensão da endogamia está relacionada à quantidade de ancestrais que é compartilhada pelos pais dos indivíduos endogâmicos.

O efeito primário da endogamia é provocar o surgimento de mais pares de genes em homozigose, diminuindo concomitantemente a porcentagem de heterozigotos, acarretando, dessa forma, manifestações de muitos genes recessivos, os quais, geralmente, provocam alguma degeneração na média do mérito individual.

Existem duas causas possíveis do declínio da média do valor fenotípico de características quantitativas, provocadas pela endogamia. A primeira é que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (LUSH, 1945; CROW e KIMURA, 1970).

Os efeitos adversos da endogamia na habilidade reprodutiva de vacas e novilhas têm sido observados tanto em trabalhos experimentais, como em estudos realizados a partir de dados de campo, principalmente nas regiões temperadas, evidenciando, assim, que as características associadas ao valor adaptativo são as mais afetadas (YOUNG et al., 1969; GUARAGNA, 1986; HERMAS et al., 1987; e MACNEIL et al., 1989). Na Índia, as investigações de REDDY e NAGARCENKAR (1990) mostraram evidências de efeitos depressivos devidos à endogamia sobre os intervalos de partos de bovinos da raça Sahiwal.

Em dois rebanhos, as estimativas dos intervalos de partos e os coeficientes de endogamia (F) foram 503,4 dias (11,80%) e 445,5 dias (8,88%), respectivamente. DIAS e OLIVEIRA (1994a) encontraram aumento de 1,36 dias nos intervalos de partos para cada 1% de aumento na endogamia, em oito rebanhos analisados. Os valores dos intervalos de partos e da endogamia foram 459,63 dias e 6,49%, respectivamente.

De acordo com FALCONER (1989), sob o efeito dispersivo da endogamia, ou da deriva genética, a frequência gênica, em pequenas populações, tende em direção a valores extremos. Uma vez que os componentes de variância diminuem, à medida que as frequências gênicas tendem àqueles valores, a variância genética aditiva nessas populações também tende a decrescer.

2.2.1 Número efetivo de fundadores (f_e)

Representa o número de animais com igual contribuição, que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (GUTIERREZ e GOYACHE, 2005). A contribuição genética é maior à medida que se produzem mais descendentes. Quando cada um dos fundadores apresenta a mesma contribuição esperada, o f_e passa a ser igual ao número real de fundadores. Em qualquer outra situação, o f_e é menor que número real de fundadores. O equilíbrio esperado das contribuições dos fundadores é atingido quanto maior for o número efetivo de fundadores. Teoricamente, quanto maior o f_e , maior será a variabilidade genética da população.

2.2.2 Número efetivo de ancestrais (f_a)

Representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessário para se explicar a total diversidade genética da população estudada (GUTIERREZ e GOYACHE, 2005). Esse parâmetro complementa a informação oferecida por f_e por considerar perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desbalanceado de indivíduos para reprodução, gerando o “efeito gargalo”.

Denomina-se efeito gargalo (*bottleneck*) à redução drástica no número de indivíduos de uma geração para outra, mesmo que, posteriormente, o tamanho original da população seja

restabelecido. Segundo NEI et al., (1975), alelos presentes em baixa frequência antes do gargalo podem ser perdidos.

Quanto maior a distância entre f_a e f_e , menor é a participação de todos os animais fundadores na população ao longo das gerações. O ideal é que o número efetivo de animais fundadores seja igual ao número efetivo de animais ancestrais, ou que a diferença entre eles seja sempre a menor possível.

2.2.3 Coeficiente de Consangüinidade (F)

O coeficiente de consanguinidade, denotado por F , mede a correlação entre os gametas que se unem para formar um zigoto (WRIGHT, 1923) e equivale à metade do coeficiente de parentesco dos pais, quando um ancestral comum é não-endogâmico. Uma população considerada como base (“panmítica”), cujos ascendentes são desconhecidos (fundadores), é utilizada como referência para posteriores comparações com a população sob estudo e tem coeficiente de endogamia igual a zero.

O valor de F , por si só, não é suficiente para compreensão do comportamento da endogamia na população. O “incremento de endogamia” (ΔF), que mede quanto o coeficiente de endogamia varia proporcionalmente de uma geração para outra subsequente, torna possível comparar os efeitos da endogamia sob diferentes sistemas de acasalamento (FALCONER, 1989). Além disso, o incremento de endogamia é a chave para se estabelecer uma relação da população sob estudo com uma população ideal.

2.2.4 Coeficiente Médio de Parentesco (AR)

O coeficiente médio de parentesco (AR) é definido como a probabilidade de um alelo, escolhido aleatoriamente entre uma população inteira, pertencer a um dado animal no *pedigree*. Para medir a variabilidade genética e conhecer as conseqüências da política de acasalamentos utilizadas em uma população, uma das informações mais significantes procede das análises da contribuição genética, atribuídas pelo coeficiente médio de parentesco, de

fundadores e ancestrais (NAVARRO, 2008). Assim, o AR de um animal fundador indica sua contribuição genética para a população.

Dessa forma, o AR pode ser utilizado como uma alternativa ou complemento ao coeficiente de endogamia (F) para prever a endogamia de uma população a longo prazo, porque leva em consideração a porcentagem do pedigree completo originado de um fundador (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Como vantagem, o coeficiente médio de parentesco (AR) pode ser utilizado como uma medida da consanguinidade entre subpopulações e, assim servir de ferramenta para a gestão de populações através do uso de animais com menores níveis de AR na reprodução. Entretanto, em se tratando de uma ferramenta, seu uso deve ser associado aos demais parâmetros como consanguinidade, número efetivo de fundadores e intervalo de gerações.

2.2.5 Número efetivo da população (N_e)

O N_e corresponde ao número de indivíduos que, acasalados ao acaso, e com a mesma chance de deixarem filhos, gerassem a mesma taxa de endogamia observada na população em estudo. A taxa de aumento da endogamia média da população é inversamente proporcional ao tamanho efetivo da mesma (WRIGHT, 1931).

Os efeitos da prática da seleção contínua, conjugada à subdivisão populacional, podem resultar em um aumento da probabilidade de acasalamento de indivíduos aparentados, com efeitos indesejáveis sobre os índices produtivos e, principalmente, sobre os índices reprodutivos dos rebanhos. As estimativas do tamanho efetivo médio da população indicam o limite superior, inferior e “real” do N_e em populações em que as informações genealógicas são escassas (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Um tamanho efetivo mínimo de 40 animais por geração é sugerido por GODDARD e SMITH (1990), para maximizar o retorno econômico, enquanto, MEUWISSEN e WOOLLIANS (1994) recomendaram valores entre 31 e 250 animais. Para prevenir decréscimos no valor adaptativo da população. Já FRANKHAM (1995) sugeriu um tamanho efetivo da ordem de 500 animais para manutenção do potencial evolutivo indefinidamente. Contudo, este autor frisou que, para a prevenção de depressão endogamia, um tamanho efetivo de 50 animais é suficiente. Esse mesmo tamanho efetivo é recomendado pela FAO (1998), para populações sob conservação.

2.2.6 Estatísticas F de Wright

Com o objetivo de medir a variação existente entre e dentro de populações, SEWALL WRIGHT, nas décadas de 40 e 50, descreveu a teoria dos índices de fixação, conhecida como estatística F, posteriormente desenvolvida por outros autores (CHARKRABORTY e DANKER, 1991). Por meio de três parâmetros (F_{IS} , F_{IT} e F_{ST}) seria possível resumir a estrutura da população, com base nas informações de *pedigree*, a partir do cálculo da distância mínima de Nei (NEI, 1987) e estatísticas F (WRIGHT, 1978) para cada subpopulação.

Sendo F_{IT} o índice de fixação ou coeficiente de consangüinidade nos indivíduos do conjunto populacional (consangüinidade global), F_{ST} o índice de fixação ou coeficiente de consangüinidade entre populações (devido à subdivisão) e F_{IS} o índice de fixação ou coeficiente de consangüinidade intra-populacional (consangüinidade a nível populacional) (OLIVEIRA, 2007).

O F_{ST} quantifica o grau de divergência entre populações. Frequências alélicas iguais em todas as populações irão causar $F_{ST} = 0$. Já para F_{IT} e F_{IS} , valores negativos ou próximos de zero indicam que há variabilidade genética na população devido à presença de maior número de animais heterozigotos, enquanto que valores distantes de zero indicam maiores níveis de homozigose na população (OLIVEIRA, 2007).

2.2.7 Integridade dos *Pedigrees*

É muito utilizada para avaliar a quantidade de descendentes presentes em cada geração de determinado indivíduo, proporcionando porcentagens de pais, avós, bisavós, etc., em uma representação gráfica das gerações mais recentes, distinguindo as vias paternas e maternas (MAcCLUER et al., 1983; NAVARRO, 2008). No momento do cálculo dos coeficientes F e AR , o ENDOG calcula, para cada indivíduo, o número de gerações totalmente determinadas, o número máximo de gerações determinadas e as gerações completas para cada animal no *pedigree*.

O número de gerações total é definido como aqueles que separam a prole da geração mais distante onde os ancestrais 2^º do indivíduo são conhecidos. Os ancestrais sem pais conhecidos são considerados como fundadores (geração 0). O número máximo de geração é

determina o número de gerações que separam o indivíduo de seu antecessor mais distante. As gerações completas equivalentes são computadas como a soma sobre todos os ancestrais conhecidos dos termos calculados como a soma de $(1/2)^n$ onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (MAIGNEL et al., 1996).

2.2.8 Intervalo de Gerações (IG)

Intervalo de Gerações é definido como, a idade média dos genitores no nascimento da progênie mantida para reprodução (JAMES, 1977) e a idade média dos pais ao nascimento dos filhos (utilizados ou não para reprodução). Ambos os parâmetros são calculados pelos quatro passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha).

O intervalo de gerações na análise da estrutura genética de populações é essencial, uma vez que essas perdas da variabilidade venham acontecer de geração em geração. Com isso, se o intervalo de geração é curto, as perdas de variabilidade genética se processam numa velocidade maior por unidade de tempo. Entretanto em programa de melhoramento genético animal, quanto maior o intervalo de gerações, menor será o ganho genético anual na população selecionada.

2.2.9 Programa ENDOG

É um programa de computador que analisa dados demográficos e genéticos a partir de informações contidas no pedigree de modo simples para o usuário. Este programa é útil para pesquisadores ou responsáveis pelo gerenciamento de populações. Através dele é possível monitorar as alterações na variabilidade genética e na estrutura populacional a baixos custos na elaboração de bancos de dados.

Embora elaborado principalmente como software de monitoramento de populações, o ENDOG apresenta vários aspectos que podem ser de interesse para professores e estudantes que desejem atingir uma compreensão maior de conceitos estatísticos importantes e procedimentos relevantes para a análise genética da população.

O ENDOG foi testado com vários conjuntos de dados e a consistência dos resultados obtidos foi analisada através de um software alternativo sempre que possível. O arquivo de exemplos contido no programa incluir uma população muito pequena, o mesmo comporta grandes arquivos de dados. O ENDOG foi desenvolvido com o objetivo de trabalhar com populações de risco. Embora ele lide com grandes bancos de dados, a armazenagem de longos e bem sucedidos parâmetros estarão basicamente limitada às características do computador.

O ENDOG deriva de um conjunto de rotinas da linguagem FORTRAN 77 que foram amplamente distribuídas e utilizadas entre grupos espanhóis (Gutierrez et al., 2003). O ENDOG (versão 2.0) era utilizado para cálculos descritos por Goyache et al., (2003). A versão 3.2 do programa incluía a possibilidade de cálculo de estatísticas F (Wright, 1978) e o menu Indivíduo.

A versão (4.0) apresenta algumas melhorias como o cálculo da endogamia recente, a avaliação da integridade do pedigree e a estimativa do tamanho efetivo da população estudada a partir da variância de família. E a versão mais recente do ENDOG (4.5) de 2008 inclui algumas melhorias, como análise do N_e usando regressão e a formula de Hills (1972) na variância de família, especialmente na análise individual de consanguinidade e coeficiente de consanguinidade parcial (LACY et al., 1996).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Descrição da fazenda

Os dados utilizados neste estudo foram referentes a um rebanho de bovinos da raça Pardo-Suíça da Fazenda Experimental do Vale do Curu, do Centro de Ciências Agrária da Universidade Federal Ceará, situada no município de Pentecoste, estado do Ceará. A fazenda localiza-se a 105 km a Nordeste da cidade de Fortaleza, a uma altitude média de 70 metros acima do nível do mar, entre os paralelos 3°35' e 4°00' de latitude Sul e os meridianos 39°30' a Oeste de GREENWICH. A região é considerada zona de transição entre o Litoral e o Sertão.

O clima, de acordo com classificação de KOPEN é o tipo Aw', quente e úmido, caracterizado por duas estações distintas: a chuvosa, de janeiro a junho e a seca, de julho a dezembro. A fazenda possui 810 ha, com 110 ha sistematizados para irrigação e áreas com diversas plantas forrageiras como capim elefante, leucena, capim colômbio e sorgo.

Atualmente, o Setor de Produção de Leite da FEVC possui um rebanho de 70 animais (registrados) da raça Pardo Suíça, com 29 vacas e 16 novilhas. Desde janeiro de 1997, o rebanho é monitorado através dos aplicativos Monty/InterHerd (University of Reading, UK). Eram adotadas práticas de manejo compatíveis com uma pecuária de leite produtiva, como controle da qualidade e balanceamento das dietas, inseminação artificial, avaliação do peso vivo e escore corporal, e vacinações.

Os animais foram manejados e alimentados de acordo com a categoria a qual pertenciam. Os recém-nascidos permaneceram com a mãe durante as primeiras 24 horas, tendo o cuidado de verificar se os bezerros mamaram quantidades suficientes de colostro no período de 6 horas após o parto. Após este período de 24 horas, os animais foram separados da vaca e colocados em abrigos individuais e receberam um esquema de alimentação diferenciado até o desmame.

Do nascimento até o desaleitamento, os bezerros foram alimentados com leite, feno de leucena ou capim elefante, concentrado e água. Até os 5 dias de idade foi fornecido colostro/leite à vontade. O desaleitamento foi realizado entre 56-70 dias de vida, em função do consumo de concentrado (>800g/dia), ganho de peso, condição corporal (≥ 3). Após o desmame, os animais foram colocados em piquetes ou lotes de acordo com a idade e/ou peso vivo.

Do desmame aos 6 meses de vida, os animais foram alimentados com feno de leucena e/ou capim elefante à vontade e até 3 kg de concentrado. Dos 6 meses-1 ano de idade: os animais têm acesso à pastagem nativa no período das chuvas e piquetes de capim coloniã irrigado. Dependendo das condições das pastagens, eram suplementados com mistura múltipla (minerais, uréia, soja, milho e sal comum) ou até 1-2 kg de concentrado/dia, objetivando um ganho de peso acima de 500 g/dia.

As novilhas foram mantidas em pastagem nativa na época das chuvas e nos piquetes de capim coloniã irrigado até atingirem 350 kg de peso vivo, fase em que estão aptas para a reprodução. Em função das condições das pastagens, foi fornecido uma mistura múltipla nos próprios piquetes e/ou 1-2 kg de concentrado p/dia. As vacas secas e novilhas gestantes ficaram em pastagem natural no período das chuvas e receberam suplementação mineral.

As fêmeas gestantes foram suplementadas com feno de capim elefante e concentrado a partir dos 30 dias antes do parto, com o objetivo de atingir adequada condição corporal (3,5-4,0) ao parto. As vacas em lactação foram alimentadas com capim elefante verde e/ou silagem de capim elefante, sorgo ou milho. A quantidade de concentrado foi fornecida de acordo com a produção. A composição do volumoso foi avaliada periodicamente e a dieta das vacas ajustada em função do peso vivo, condição corporal e produção de leite.

No manejo reprodutivo as novilhas foram inseminadas quando obterão 350 kg de peso vivo e escore corporal mínimo de 3,5. Fêmeas que repetiram cio por 3 vezes após o serviço foram submetidas a exame reprodutivo e quando necessário, descartadas do rebanho. As vacas foram submetidas a exame reprodutivo na fase de pós-parto com a finalidade de avaliar o processo de involução uterina e estrutura dos ovários. A detecção de prenhez foi realizada entre 50 e 60 dias após o serviço, através de toque retal ou ultra-som. O programa de melhoramento genético do rebanho baseia-se na utilização de sêmen de touros com testes de progênie.

O manejo sanitário da fazenda era feito antes da ordenha, as tetas da vaca eram lavadas com água corrente e enxugadas com papel toalha e os primeiros jatos de leite de cada teta foram dispensados na caneca com fundo preto para detecção de sintomas de mamite. Após a ordenha, cada teta foi imersa numa solução à base de iodo e glicerina. Posteriormente após a secagem, as vacas foram tratadas com antibiótico (via intramamária) de longa ação. O Califórnia Mastitis Test (CMT) foi realizado mensalmente para detecção de mastite sub-clínica.

3.2 Análise dos dados

Os dados foram provenientes do fichário de controle zootécnico da Fazenda Experimental Vale do Curu, da Universidade Federal do Ceará, no período de 1988 à 2009 referentes a registros de 431 animais, (149 machos e 282 fêmeas), tendo sido realizada a análise de estrutura de todo o rebanho, dentro e entre gerações. Para tanto, os animais foram identificados pelo dia, mês e ano de nascimento, bem como, pai e mãe quando esses continham no registro.

Indivíduos cujos pais eram conhecidos, entretanto, com datas de nascimento desconhecidas tiveram a data de nascimento estimada com base nas datas de nascimento em seus ancestrais e descendentes de modo que pudessem ser incluídos a uma geração após seus pais e anterior aos seus filhos.

As análises dos dados foram realizadas utilizando o programa ENDOG v 4.5 (GUTIERREZ e GOYACHE, 2008), mediante o cálculo dos seguintes parâmetros:

O aumento da consanguinidade (ΔF) foi calculado para cada geração através da clássica fórmula: $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$, onde F_t e F_{t-1} são a média de consanguinidade na geração i_{th} .

O número efetivo da população (N_e) foi estimado por duas vias: uma em função do ΔF através da fórmula $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$, para cada geração, onde $F_t > F_{t-1}$ caracterizou aproximadamente o efeito da consanguinidade estreita e larga. N_e é definido como o número de animais reprodutores que contribuiriam para o atual aumento da consanguinidade se eles contribuíssem igualmente para a geração seguinte. A outra forma do N_e obtida foi pela variância do tamanho das famílias como:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16ML} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{M}{F} \right) \text{cov}(nm, mf) + \left(\frac{M}{F} \right)^2 \sigma_{mf}^2 \right] + \frac{1}{16FL} \left[2 + \left(\frac{F}{M} \right)^2 \sigma_{fm}^2 + 2 \left(\frac{F}{M} \right) \text{cov}(fm, ff) + \sigma_{ff}^2 \right]$$

Onde o tamanho da família é caracterizado pelos números de filho e filhas que se matem para a reprodução (JAMES, 1977).

O coeficiente de consanguinidade foi calculado de acordo com MEUWISSEN e LUO (1992). O incremento de endogamia (ΔF) foi calculado para cada geração através da fórmula clássica:

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

onde F_t e F_{t-1} são a média de consanguinidade na geração i_{th} .

O Coeficiente médio de parentesco (AR) foi obtido mediante o uso de um algoritmo proposto por GUTIÉRREZ e GOYACHE (2005), disponível no programa computacional livre ENDOG 4.5, que permite obter um vetor c' definido como :

$$c' = (1/n) \mathbf{1}' \mathbf{A} \quad [1]$$

Onde: A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de tamanho $n \times n$ e 1. Por outro lado, o numerador da matriz de parentesco pode ser obtido da matriz P onde P_{ij} é igual a 1 se j é pai de i e 0 caso não seja, o que define os pais dos animais (QUAAS, 1976), por meio de:

$$\mathbf{A} = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}')^{-1} \quad [2]$$

Onde D é uma matriz diagonal com elementos não zero obtidos por:

$$d_{ii} = 1 - \frac{1}{4} a_{jj} - \frac{1}{4} a_{kk} \quad [3]$$

j e k são os pais do indivíduo i

$$\text{De [2], } \mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

Pré-multiplicando por $(1/n) \mathbf{1}'$:

$$(1/n) \mathbf{1}' \mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

e usando [1]:

$$c' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

Multiplicando c' entre parênteses e isolando c' :

$$c' = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} + \frac{1}{2} c' \mathbf{P}' \quad [4]$$

Para Integridade dos Pedigrees foi obtido de acordo com MAcCLUER et al., (1983). Foram traçados os números de gerações totalmente determinadas, o número máximo de gerações determinadas e as gerações completas para cada animal no pedigree.

O número efetivo de fundadores e de ancestrais foi calculado para avaliar a concentração de animais e genes originais segundo (BOICHARD et al., 1997). Foi calculado como: $f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$ onde, q_k é a probabilidade do gene originar-se do ancestral k . Como

explicado acima, o cálculo é feito utilizando-se os coeficientes AR dos indivíduos fundadores; o parâmetro f_e , calculado equivale ao calculado de acordo com JAMES (1972) se a população referência utilizada apresenta pedigree completo.

O f_a é calculado de maneira similar ao número efetivo de fundadores: $f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$ onde, q_j é a contribuição marginal de um ancestral j , que é a contribuição

genética dada por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente. Os dois últimos parâmetros são inicialmente calculados tendo como referência a população daqueles animais no pedigree com ambos os pais conhecidos.

O intervalo de gerações foi calculado por quatro passagens gaméticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) utilizando as datas de nascimento de cada indivíduo e dos seus pais. O intervalo médio de gerações (L) calculado de acordo com a seguinte fórmula:

$$L = \frac{1}{4} * (LPM + LPF + LMM + LMF)$$

em que:

LPM = intervalo médio entre pais e filhos;

LPF = intervalo médio entre pais e filhas;

LMM = intervalo médio entre mães e filhos;

LMF = intervalo médio entre mães e filhas.

As estatísticas de F de WRIGHT (1965) F_{IS} , F_{IT} e F_{ST} , também foram calculadas, F_{IT} é o coeficiente médio de endogamia da população, F_{ST} é estimado como o coeficiente médio de endogamia esperado se os reprodutores de cada período fossem acasalados ao acaso e o F_{IS} é o coeficiente de endogamia devido à existência de subdivisão na população calculado como:

$$F_{IS} = \frac{F_{IT} F_{ST}}{1 F_{ST}}$$

Foram avaliada as médias e erros padrão da produção de leite diária estimada (PLE) e observada (PLO), levando em consideração o mês e ano do controle leiteiro de (1997 a 2003). As análises dos dados foram realizadas utilizando os procedimentos estatísticos contidos no Statistical Analysis System - SAS (2000), verificando restrições, limitações e a consistência das informações.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Figura 1 pode ser observada a evolução do número de animais da raça Pardo-Suíça registrados na Fazenda Experimental do Vale do Curu, do Centro de Ciências Agrária da Universidade Federal Ceará, ao longo dos anos. Inicialmente, observou-se que no período de 1988 a 1991, um maior aumento do número de fêmeas do que de machos registrados, indicando uma grande valorização da raça durante esse período em relação aos machos. Logo após esse período, o número de nascimentos diminuiu, principalmente para os machos.

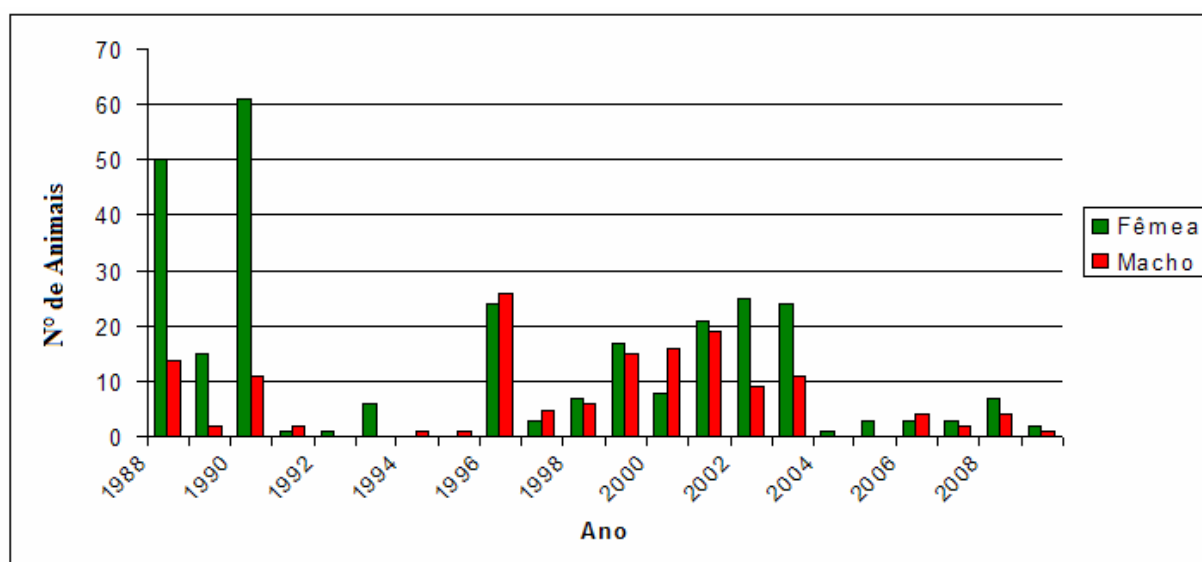


Figura 1 – Registros de nascimentos de fêmeas e machos do rebanho Pardo-Suíço da UFC.

Ao avaliar o número de nascimentos de machos e fêmeas (Figura 1), percebe-se que nos anos de 1988 à 1991, a relação macho:fêmea foi bastante desequilibrada, porém, para os outros anos analisados, a relação foi um pouco equilibrada. Já no ano de 1997 o número de machos foi superior ao de fêmeas, estes fatos podem ser atribuídos à substituição do touro por inseminação artificial no rebanho, comparando com os resultados dos anos anteriores.

Números efetivos de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a)

Na Tabela 1, é apresentado o resumo da estrutura populacional do rebanho estudado. Foram determinados a partir da população base, aqueles responsáveis pela variabilidade genética encontrada no rebanho, ou seja, o número de animais fundadores e ancestrais.

Tabela 1 – Parâmetros populacionais do rebanho da Raça Pardo-Suíça

Tamanho da população analisada	431
Tamanho da população referência	188
Número efetivo de fundadores (f_e)	50
Número efetivo de ancestrais (f_a)	39
Número de ancestral que contribui na população	100
Número de ancestral que explica 50% da variabilidade genética	50

O número médio de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a) foram diferentes, de modo que a razão f_e/f_a observada foi de 1,28, valor intermediário aos obtidos por FARIA (2002), de 1,08 e 1,34 em períodos diferentes para a raça Gir, e por BOICHARD et al., (1997), de 3,0 para a raça Normanda na França.

Portanto, o resultado do presente trabalho não diferiu do que freqüentemente se encontra na literatura onde o parâmetro f_a é sempre inferior ou igual ao f_e , representando assim o “efeito gargalo” no pedigree, em virtude da diminuição do número de reprodutores utilizados. Isto se deve, provavelmente, ao fato de que os fundadores aparecem em mais vias de transmissão genética do que os ancestrais (REIS FILHO, 2006; POGGIAN, 2008).

O procedimento de cálculo do número efetivo de ancestrais permite uma individualização da contribuição de cada animal para população referência. Assim, o número de animais fundadores e de ancestrais explicam o uso abusivo de determinados indivíduos reprodutores que pode contribuir para redução considerável da diversidade genética de uma população (GUTIÉRREZ et al., 2003).

Números efetivos da população

O tamanho efetivo (Figura 2) diminuiu do período de 1988-1992 até o 1992-1996, quando obteve um valor de (37%). A partir desse período, o tamanho efetivo aumentou, atingindo o valor de (75%). Do período 1996-2000 para o 1997-2001, houve um decréscimo de apenas 23,38%. A explicação para a redução do tamanho efetivo deve esta relacionada ao número de vacas utilizadas na reprodução nas últimas décadas e a diminuição do número médio de filhos por ano das vacas, que tem se mantido em torno de 1,5 desde o período de 1992.

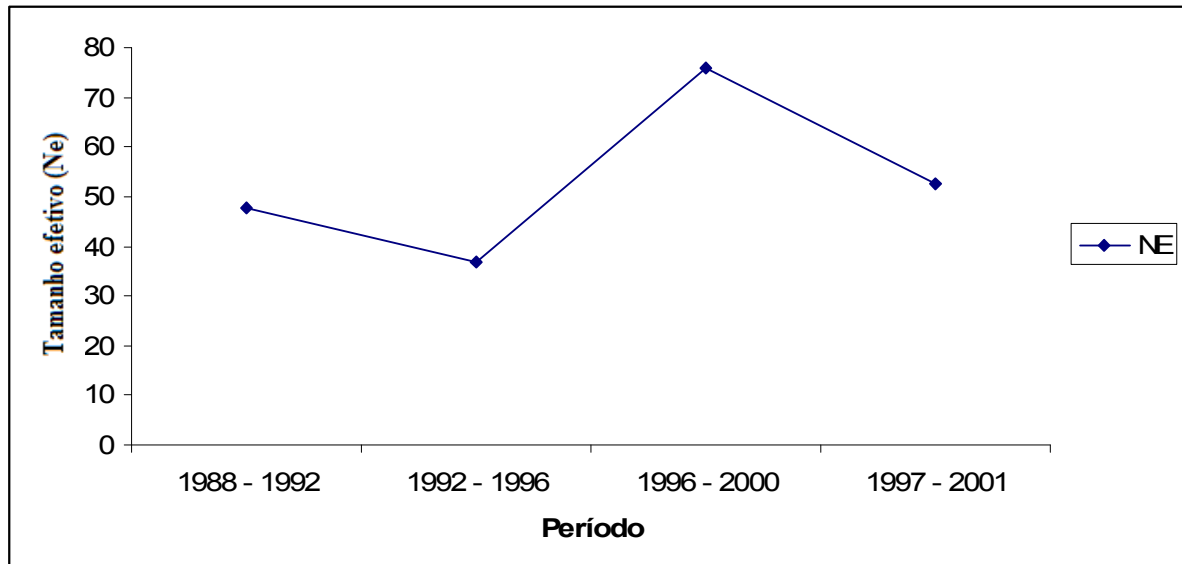


Figura 2 – Tamanho efetivo no período de 1988-2001 em bovinos leiteiros da raça Pardo-Suíça no Estado do Ceará.

Valor muito baixo de tamanho efetivo foi observado também por Faria et al., (2001b), que avaliaram parâmetros populacionais do rebanho Sindi do Brasil e encontraram tamanho efetivo de 19 no último período avaliado (1994-1998) e concluíram que o rebanho Sindi apresenta sério risco de desaparecimento no Brasil.

Vercesi Filho et al., (2002b) encontraram tamanho efetivo de 42 para o rebanho Indubrasil registrado no Brasil no período 1994-1998. O tamanho efetivo de 26, observado no último período para a raça Indubrasil do nordeste é bem inferior ao encontrado para o rebanho

nacional, podendo ser considerado de risco, e também é bem menor que os valores encontrados, nos últimos períodos de avaliação para outras raças zebuínas criadas no Brasil: $Ne_{Nelore\ Mocho} = 124$ (Faria et al., 2002); $Ne_{Tabapuã} = 55$ (Vercesi Filho et al., 2002a) e $Ne_{Gir\ Mocho} = 70$ (Faria et al., 2001a).

O tamanho efetivo mínimo de 40 animais por geração foi sugerido por Goddard & Smith (1990), para aumentar o retorno econômico, enquanto Meuwissen e Woolliams (1994) recomendaram valores entre 31 e 250 animais para prevenir decréscimos no valor adaptativo da população. Frankham (1995), por sua vez, sugeriu tamanho efetivo da ordem de 500 animais para manutenção do potencial evolutivo indefinidamente, contudo, frisou que, para a prevenção de depressão endogâmica, tamanho efetivo de 50 animais seria suficiente. Para populações sob conservação, um tamanho efetivo mínimo de 50 também é recomendado pela FAO (1998).

As estimativas do tamanho efetivo médio da população considerando a integridade do pedigree estão apresentadas na Tabela 2. Essas estimativas são úteis para indicar o limite superior, inferior e “real” do Ne , respectivamente, em populações em que as informações genealógicas são escassas (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

Tabela 2 – Número médio de gerações traçadas, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (Ne) por tipo de geração considerada.

Tipos de gerações	Número médio	ΔF (%)	Ne
Completas ¹	0,52	0,92%	54,45
Máximas ²	1,66	0,25%	201,46
Equivalentes ³	0,96	0,58%	86,54

¹Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

²Número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

³Somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido.

Nestes cálculos analisados, quanto menor o número de ancestrais conhecidos, maior a probabilidade de ser detectado o incremento da endogamia, o que pode justificar o maior valor encontrado para ΔF nas gerações completas. Por outro lado, quanto maior for o número de ancestrais conhecidos, menor vai ser a probabilidade de se encontrarem altas taxas de endogamia, confirmando posteriormente o baixo valor de ΔF encontrado para gerações máximas.

Nas gerações equivalentes, os valores encontrados foram intermediários, já que o cálculo considera todos os ancestrais conhecidos, e não somente os conhecidos ou mais remotos. Os valores de N_e oscilam de acordo com a taxa de endogamia, já que este parâmetro é calculado em função de ΔF .

Na Tabela 3, apresenta os valores calculados para número de animais, taxa de consanguinidade (F), porcentagem de indivíduos consanguíneos (POR), coeficientes de consanguinidade considerando apenas os animais consanguíneos (FC), parentesco médio (AR) e número efetivo (N_e).

Tabela 3 - Número de animais, taxa de consanguinidade (F), porcentagem de indivíduos consanguíneos (POR), coeficientes de consanguinidade considerando apenas os animais consanguíneos (FC), parentesco médio (AR) e número efetivo (N_e).

Geração	N	F (%)	POR (%)	FC (%)	AR (%)	N_e
0	171	0	.	.	0,48	.
1	53	0	.	.	1,26	.
2	61	0,20	1,64	12,54	1,92	24,4
3	71	0,97	7,04	13,75	2,17	65,3
4	52	1,20	7,69	15,63	2,14	211,9
5	20	0,74	25,00	2,97	2,10	.
6	3	0,26	33,33	0,78	2,45	.

Na Tabela 3, observou-se que AR e a porcentagem de indivíduos consanguíneos aumentaram no decorrer das gerações em consequência do pequeno tamanho efetivo da população e, também, do aumento na ocorrência de acasalamentos entre indivíduos aparentados. Já em relação ao F , apresentou à partir da segunda geração até a quarta geração um aumento de 0,20 para 1,20 e, posteriormente, nas gerações seguintes o F diminuiu de 1,20 para 0,26. Contudo, a média de F diminuiu de 12,54 na segunda geração para 0,78% na sexta geração.

A endogamia do rebanho obtida apresentou valor que proporcionou o aumento do tamanho efetivo nos últimos períodos, indicando a necessidade de programa que visem a expansão desta raça. A ausência de um valor calculado para N_e , simbolizada por um traço, deve-se à ausência de informação de endogamia na geração anterior e também ao pequeno N na última geração.

Entretanto FARIA et al., (2004), analisando a estrutura genética da raça Sindi, encontraram altas variações de N_e com 161; 20; 14 e 9 com taxas de consanguinidade crescentes do primeiro ao último período, indicando a existência do plano de gestão genética para o rebanho.

Intervalo de geração

O intervalo médio de gerações (média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução) e a média de idade dos pais ao nascimento da prole (usadas para reprodução ou não), com os respectivos números de observações, desvio-padrão e erro-padrão, podem ser observados na Tabela 4.

Tabela 4 – Via de transmissão genética, número de indivíduos (N), desvio-padrão (DP) e erro-padrão (EP) da média do intervalo de geração e idade dos pais ao nascimento da progênie.

Intervalo de gerações (anos)				
	Número	Média	Erro-Padrão	
Pai-filho	43	4,78	0,32	
Pai-filha	60	5,59	0,38	
Mãe-filho	36	5,31	0,40	
Mãe-filha	60	5,71	0,29	
Total	199	5,40	0,17	
Idade dos pais ao nascimento da progênie (anos)				
	Número	Média	Erro-Padrão	
Pai-filho	93	5,11	0,20	
Pai-filha	136	5,17	0,25	
Mãe-filho	90	5,73	0,25	
Mãe-filha	129	5,74	0,20	
Total	448	5,44	0,12	

O intervalo médio de gerações (*IG*) calculado, de 5,40 anos, está ligeiramente abaixo dos encontrados por FARIA et al., (2001) e POGGIAN (2008), 7,92 e 7,48 anos, respectivamente, para raça guzerá. Este resultado demonstra a substituição mais rápida de pais e mães neste rebanho permitindo maior ganho genético por geração, em relação aos resultados citados na literatura nacional para bovinos leiteiros. Entretanto, o valor médio obtido de 5,40 anos para intervalo de gerações ainda é considerado alto nos programas de melhoramento genético de bovinos leiteiros.

Na via de pais de touros, o intervalo médio de gerações foi de 4,78 anos, pais de vacas, 5,59 anos, mães de touros, 5,31 anos e mães de vacas, 5,71 anos. Apesar das diferenças do *IG* verificadas nas quatro vias de transmissão genética, pode-se inferir que a substituição de touros e vacas por seus descendentes ocorreu mais rapidamente na via mães de vacas do que as outras vias gaméticas, em função do uso prolongado de touros neste período, fato que pode contribuir para o aumento do coeficiente médio de endogamia da população.

A idade média dos pais ao nascimento dos filhos, calculada em 5,44, podendo levar também à redução do ganho genético por unidade de tempo. Além disso, a permanência de animais nos rebanhos por um maior período de tempo pode aumentar as chances de acasalamentos entre parentes, podendo levar posteriormente ao aumento do coeficiente de endogamia. A idade da mãe ao nascimento da filha é maior em relação às demais trilhas (pai-filho, pai-filha e mãe e filho). Isso pode ser justificado pela utilização contínua de determinadas matrizes, sem haver uma rápida substituição por seus descendentes.

Consanguinidade (*F*) e coeficiente médio de parentesco (*AR*)

Na Figura 3 pode ser visto a relação entre a taxa de consanguinidade (*F*) e o coeficiente médio de parentesco (*AR*). No ano de 2001 houve uma elevação de *F* que coincidiu com o surgimento dos poucos animais endogâmicos na população, porém, não ultrapassa 0,25%, pois a partir desse momento os valores voltaram a diminuir.

Já os valores médios de *AR*, houve um aumento quando comparado ao *F*, pois os coeficientes de parentesco médio individual (*AR*) não ultrapassou o valor máximo de 0,048 valor esse, que refere-se ao animal que mais contribuiu para o rebanho. Esses baixos valores podem ser usados como ferramenta para prever e controlar possíveis incrementos da consanguinidade em longo prazo. No entanto os resultados de *F* foram inferiores aos

verificados por PAIVA et al., (2003) que encontraram a consanguinidade de 0,38% e o coeficiente médio de 2,30% para raça Holandesa e MION et al., (2009) também encontraram valores superiores para a consanguinidade que foi de 0,33, para a raça Santa Gertrudis.

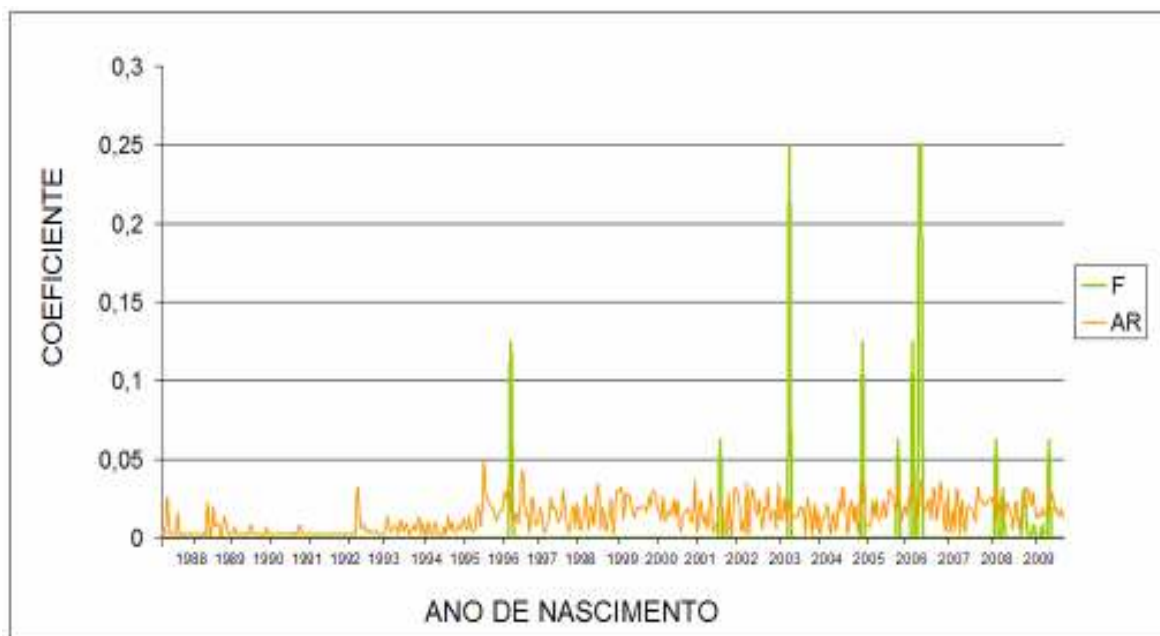


Figura 3 - Consanguinidade (*F*) e coeficiente médio de parentesco (*AR*) do rebanho Pardo-Suíço da Fazenda Experimental Vale do Curu – UFC.

Na Tabela 5 verifica-se detalhadamente a média, os valores mínimo e máximo de Consanguinidade (*F*) e coeficiente médio de parentesco (*AR*) do rebanho Pardo-Suíço do Estado do Ceará. Esses valores demonstram que o rebanho estudado encontra-se em boa situação genética, aumentando as chances de reprodução entre indivíduos não aparentados ou pouco aparentados.

Tabela 5 - Consanguinidade (*F*) e coeficiente médio de parentesco (*AR*) do rebanho Pardo-Suíço do Estado do Ceará.

(%)	N	Média	Min	Máx
<i>F</i>	431	0,0037	0,0000	0,2500
<i>AR</i>	431	0,0139	0,0023	0,0480

Portanto, o conhecimento do *AR* dos reprodutores é essencial para que se faça a escolha mais adequada dos animais a serem usados na reprodução. A forma mais eficiente para o controle da consanguinidade em longo prazo é dar preferência sempre ao uso de reprodutores com baixos valores de *AR*.

Integridade dos pedigrees

A Figura 4 apresenta o diagrama de parentesco, passível de identificação, dos animais registrados, evidenciando que à medida que regrediu-se no arquivo de pedigree foi-se perdendo informações sobre a ascendência dos animais. No total de 431 animais registrados, 230 (53,15%) animais foram identificados como pais (reprodutores) e 50,81% de mães identificadas.

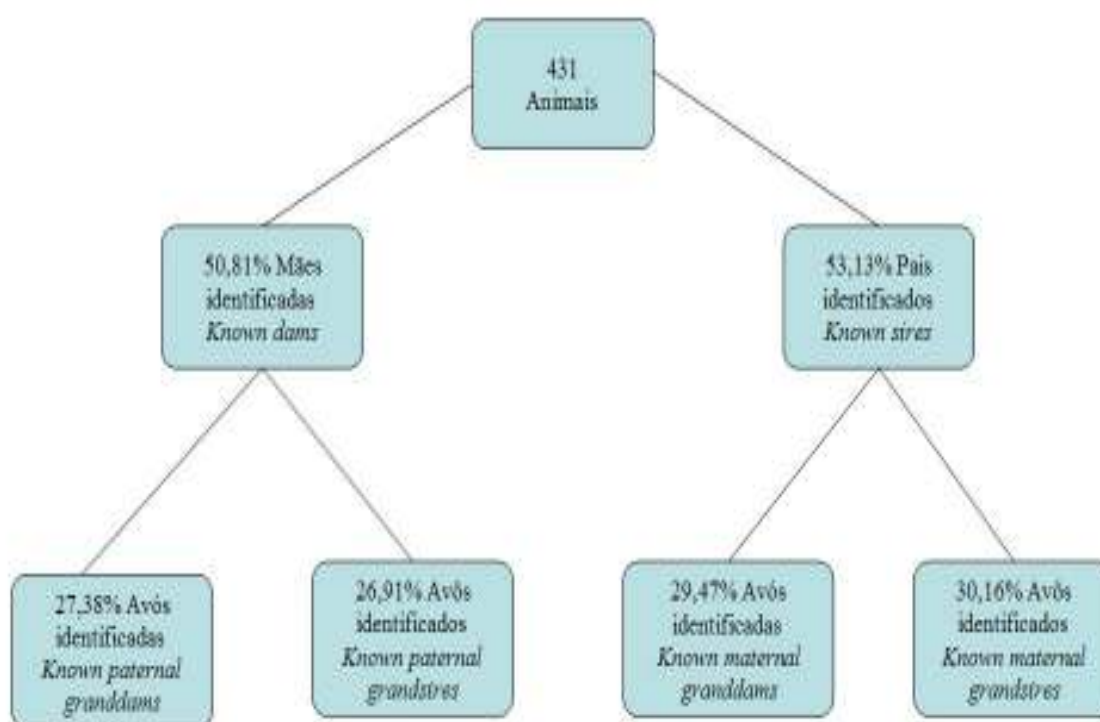


Figura 4 – Estrutura do pedigree do rebanho Pardo-Suíço da Fazenda Experimental do Vale do Curu – CCA/UFC.

Neste pedigree do rebanho Pardo-Suíço, foi observado que muitas informações de paternidade foram perdidas nas gerações anteriores. No entanto, é possível identificar ancestrais apenas até a terceira geração, com percentual baixo de pais e mães identificados na população atual. Essa informação é importante porque todos os parâmetros estudados são consequência dessa estrutura populacional, sendo que quanto mais completo for o pedigree, mais precisas serão as estimativas.

Deste modo, houve incremento de consanguinidade ao reconstruir a genealogia, demonstrando dependência deste parâmetro à quantidade do pedigree conhecido. Pois os

valores de F acumulados para as últimas gerações no pedigree foram 4,5% para completas contra 3,8% para máximas.

Subdivisão da população

Os valores obtidos para F_{IT} , F_{ST} , F_{IS} e foram -0,003, 0,498 e -1,00, respectivamente. Indicando perda de heterozigosidade causada pela divisão da população em resposta do valor de F_{ST} o que demonstra falta de trocas genéticas entre os grupos divididos. Contudo, houve presença de diversidade genética entre os indivíduos das subdivisões e de toda população. A causa para o efeito de F_{IS} e F_{IT} negativo pode ter sido pelo alto número de fundadores presentes no rebanho.

Dos três valores das estatísticas F 's de W (F_{IS} , F_{ST} e F_{IT}) os F_{IS} e F_{ST} são os mais interessantes já que o primeiro proporciona uma informação sobre a consanguinidade de cada população da amostra e o segundo as diferenças genéticas entre elas (SASTRE, 2003). Apesar da magnitude de aumento, essa porcentagem de endogamia na população é considerada aceitável. O F_{ST} , que é o coeficiente médio de endogamia da população resultante do acasalamento ao acaso dos pais dentro de cada período, apresentou crescimento constante. Como ele está diretamente relacionado ao tamanho efetivo da população (WRIGHT, 1978; CABALLERO e HILL, 1992), verificou-se sua diminuição contínua com o decorrer dos períodos.

O F_{IS} é o coeficiente de endogamia que expressa o grau de sub-divisão da população. Assim, quando F_{IS} for maior que zero o nível de endogamia real excede o nível esperado se os acasalamentos forem ao acaso, o que estaria levando a população a um processo de subdivisão. Quando esse coeficiente for menor que zero estaria ocorrendo um processo no qual se procura evitar a endogamia ou o acasalamento entre sub-populações foi priorizado. No Brasil não existem muitos estudos sobre a estrutura populacional para bovinos leiteiros da raça Taurina. Os estudos existentes são escassos e, geralmente, voltados para animais da raça zebuína.

A raça Tabapuã apresentou processo contínuo de subdivisão, o que pode ser verificado pelo aumento do F_{IS} . Na raça Japanese Black, NOMURA et al., (2001) relataram que após o início das avaliações genéticas, a utilização intensa de poucos animais resultou num decréscimo do F_{IS} de aproximadamente 2,0% em 1985 para 0,5% em 1997, indicando que

atualmente a população praticamente não mais se encontra subdividida, ao contrário do que acontece com o Tabapuã.

Características produtivas das vacas em lactação

São apresentados, na Tabela 6, os valores médios do peso da vaca adulta, peso da vaca ao parto e escore da condição corporal da vaca ao parto. Para o peso da vaca adulta houve diferença significativa pelo teste *t* de *Student* nos três anos de estudos, tendo no ano de 1997 valores $468,33 \pm 8,19$, para o ano de 1998 foi de $322,94 \pm 7,53$ e no ano 1998 foi verificado $421,13 \pm 12,14$, esses resultados podem ser explicados devido os fatores não genético como: manejo e alimentação do animal.

Tabela 6 – Médias ajustadas e erros-padrão do peso adulto da vaca (PVA), peso da vaca ao parto (PVP) e escore corporal ao parto (ECC) de um rebanho da raça Pardo-Suíça por ano do controle leiteiro.

ANO	PVA (kg)	PVP (kg)	ECC
1997	$468,33 \pm 8,19^a$	$461,33 \pm 10,83^a$	$3,48 \pm 0,04^a$
1998	$322,94 \pm 7,53^c$	$480,26 \pm 10,33^a$	$3,23 \pm 0,04^b$
1999	$421,13 \pm 12,14^b$	$439,27 \pm 16,34^a$	$3,07 \pm 0,05^c$

Médias seguidas de letras diferentes na mesma coluna diferem entre si pelo teste *t* de Student ($P < 0,01$).

Já as médias e o erro padrão para o peso da vaca ao parto não houve diferença entre si. Pois no ano de 1997 obteve $461,33 \pm 10,83$, já no ano de 1998 obteve $480,26 \pm 10,33$ e para o ano de 1999 verificou-se $439,27 \pm 16,34$. Já CARVALHO et al., (2009) apresentaram valor médio de $519,00 \pm 46,60$ kg, para o peso ao parto de vacas mestiças F1 Holandês x Zebu (HZ) superiores do que o presente trabalho. De acordo com GONZÁLEZ (2001), fatores como: alimentação, clima, manejo sanitário, constituição genética e reprodutiva também influenciam no peso da vaca ao parto.

Para a média e erro padrão do escore condição corporal, o observado para os anos de 1997, 1998 e 1999 foi de $3,48 \pm 0,04$, $3,23 \pm 0,04$, $3,07 \pm 0,05$, respectivamente, obtendo-se

diferença significativa. Essa variação ocorrida nesta característica justifica-se pela suplementação fornecida, bem como pela deposição de gordura subcutânea de cada animal, o que reflete em maiores exigências nutricionais de manutenção.

Comparando os efeitos das características produtivas estudadas por ano, observa-se que não houve diferença significativa ($P < 0,01$), para o ano de 1997, já em relação aos anos posteriores houve diferença entre si, o que pode indicar diferenças genéticas, como também o uso de diferentes práticas de manejo e alimentação que era fornecido para os animais naquela época do ano.

No entanto, esses resultados foram inferiores aos verificados por CARVALHO et al., (2009), ao realizarem o escore da condição corporal vacas mestiças F1 Holandês x Zebu (HZ) que apresentaram $4,39 \pm 0,41$. Na Tabela 7 estão apresentadas as médias estimadas (PLE) e observadas (PLO) e erros-padrão da produção de leite diária da raça Pardo-Suíça.

Tabela 7 – Médias estimadas (PLE) e observadas (PLO) e erros-padrão da produção de leite diária da raça Pardo-Suíça em kg.

ANO	PLE	PLO
1997	$6,82 \pm 0,11c$	$6,63 \pm 2,77$
1998	$7,51 \pm 0,14b$	$7,32 \pm 3,03$
1999	$8,53 \pm 0,13b$	$8,53 \pm 3,50$
2000	$8,88 \pm 0,12b$	$9,07 \pm 3,28$
2001	$9,58 \pm 0,11a$	$9,55 \pm 3,74$
2002	$9,73 \pm 0,15a$	$9,93 \pm 4,74$
2003	$9,62 \pm 0,14a$	$9,68 \pm 2,83$

Médias seguidas de letras diferentes na mesma coluna diferem entre si pelo teste t de Student ($P < 0,01$).

5. CONCLUSÃO

O tamanho efetivo da população é pequeno e, portanto, a média de endogamia encontrada também foi baixa, não afetando significativamente as características produtivas estudadas como peso da vaca adulta, peso da vaca ao parto e escore da condição corporal ao parto do rebanho da raça Pardo-Suíça.

O efeito de gargalo genético encontra-se acentuado, em decorrência do baixo número de animais ancestrais que contribuíram para fundação da população da raça Pardo-Suíça para leite.

Os valores obtidos das estatísticas F de Wright indicam que houve perda de heterozigosidade causada pela subdivisão da população, o que vem demonstrar a falta de trocas genéticas entre os grupos divididos.

Diante do exposto foi possível concluir que os animais que se mantiveram por mais tempo em atividade produtiva, apresentaram melhor ganho de peso a idade adulta.

A produção de leite aumentou ao longo dos anos, o que pode ser considerada como uma resposta ao processo seletivo, no qual se procura eliminar animais mais velhos e menos produtivos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE PARDO-SUIÇO – ABCGPS. Disponível em <http://www.revistarural.com.br/edicoes/2006/Artigos/rev104_pardo.htm>. Acesso em: 24 de nov. 2009.

BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. et al. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic Selection Evolution**, n.29, p.5-23, 1997.

CABALLERO, A.; HILL, W.G. Effective size of nonrandom mating populations. **Genetics**. 130:909, 1992.

CARVALHO, B.C.; RUAS, M.R.J.; SILVA FILHO, et al. Avaliação de diferentes manejos pré-parto sobre o peso e o escore da condição corporal de vacas mestiças F1 Holandês x Zebu. **Revista Brasileira de Ciências Veterinária**. v.16, n.2, p.62-67, 2009.

CHARKRABORTY, R.; DANKER-HOPFE, H. Analysis of population structure: a comparative study of different estimators of Wright's fixation indices. **Handbook of statistics**, 1991.

CROW, J.F.; KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. Minneapolis: **Alpha Editions**. 591p. 1970.

CRUZ, C.D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 394p. 2005.

DIAS, F.M.G.N.; OLIVEIRA, H.N. Efeito da consangüinidade sobre os pesos à desmama e a um ano de idade de bovinos da raça Nelore. In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, **Anais...** Maringá: SBZ, p.174. 1994b.

FAO – Food and Agriculture Organization. Secondary Guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at site. **Rome FAO**, 215p. 1998.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 3.ed. New York: **Logman Scientific & Technical**. 438p. 1989.

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Gir Mocho registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1984-1988, 2001a. (Suplemento).

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Sindi registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1989-1994, 2001b (suplemento).

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**. v.54, p.501-509, 2002.

FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura Genética da raça Sindi no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.852-857, 2004.

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v.29, p.305-327, 1995.

GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.1113-1122, 1990.

GONZÁLEZ F.H.D. **Composição bioquímica do leite e hormônios da lactação**. In: Uso do leite para monitorar a nutrição e o metabolismo de vacas leiteiras. Gráfica da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre. 2001.

GUARAGNA, G.P. **Reprodução e endogamia em bovinos Mantiqueira**. Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1986. 136p. Tese (Doutorado em Ciências) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1986.

GUTIERREZ, J.P.; GOYACHE, F. **A note on ENDOG**: a computer program for monitoring genetic variability of populations using pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122. 2005.

GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.; CERVANTES, I. et al. **ENDOG**: a computer program for monitoring genetic variability of populations using pedigree information: 172-176, 2008.

JAMES, J.W. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. **Animal Production**. n.24, p.109-112, 1972.

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

LUSH, J.L. **Animal breeding plans**. 3 ed. Ames: Iowa State College Press. 443p. 1945.

MACCLUER, J.; BOYCE, B.; DYKE, L. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **Journal of Heredity**. n.74, p. 394-399, 1983.

MACNEIL, M.D.; DEARBORN, D.D.; CUNDIFF, L.V. et al. Effects of inbreeding and heterosis in Hereford females on fertility, calf survival and preweaning growth. **Journal Animal Science.**, n.67, p.895-901. 1989.

MAIGNEL L.; BOICHARD, D.; VERRIER E. et al. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bull**, n.14, p.49-54, 1996.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G. et al. R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1163-1169, 2008.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MION, T.D.; DAROZ, R.Q.; SANTANA JÚNIOR, et al. Estrutura populacional da raça Santa Gertrudis no Brasil. **Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia – FZEA/USP**, 2009.

MUCARI, T.B.; OLIVEIRA, J.A. Análise genético-quantitativa de pesos aos 8, 12, 18 e 24 meses de idade em um rebanho da raça Guzará. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.32, n.6, suppl.1, p.1604-1613. 2003.

NAVARRO, C.I. **Estructura genética del caballo de pura raza Árabe Español y su influencia em razas derivadas: aplicación de nuevas metodologías en El cálculo del tamaño efectivo**. Tese de Doutorado. Madrid (Espanha): Universidad complutense de Madrid, 2008.

NEI, M.; MARUYAMA, T.; CHAKRABORTY, R. et al. The bottleneck effect and genetic variability in populations. **Evolution** , v.29, p.1-10, 1975.

NOMURA, T.; HONDA, T.; MUKAI, F. et al. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. **Journal Animal Science.**, v.79, p.366-370, 2001.

OLIVEIRA, J.C.V. **Diversidade genética em caprinos.** Tese de Doutorado. p.103. Recife-PE: Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE. 2007.

PAIVA, A.L.C.; FREITAS, M.S.; YAMAKI, M. et al. **Endogamia na raça Holandesa no Brasil,** 2003.

POGGIAN, C.F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para produção de leite.** Dissertação de Mestrado. 60p. Juiz de Fora - MG: Universidade Federal de Juiz de Fora. 2008.

QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. **Biometrics.** n.32, p.949-953, 1976.

REIS FILHO, R.J.C. **Avaliação de Características de Produção e Reprodução de Grupos Genéticos Holandês x Gir de um Rebanho Leiteiro no Município de Horizonte – Ce** (Dissertação de mestrado), 2006.

REDDY, K.M.; NAGARCENKAR, R. Effect of inbreeding on economic traits in Sahiwal cattle. Ind. **Journal Animal Science,** 1990.

SAS Institute Inc. SAS user's guide for Windows Environment: 6.12. Cary, NC, **SAS Institute:** 79f. 1996.

SASTRE, H.J. **Descripción, situación actual y estrategias de conservación de la raza bovina colombiana criolla Casanare.** Tese de Doutorado. Córdoba (Espanha): Universidade de Córdoba, 2003.

SILVA, A.R.P.; OLIVEIRA, A.I.G.; GALVÃO, R.J.D. Avaliação do desempenho produtivo de rebanho da Raça Pardo-Suíça no Estado de São Paulo. **Revista Ciência Agrotécnica.** Lavras, v.24, n.2, p.458-467, 2000.

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

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E. et al. L.A. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.609-617, 2002a.

VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.10, p.86-92, 2002b.

YOUNG, C.W.; TYLER, W.J.; FREEMAN, A.E. et al. Inbreeding investigations with dairy cattle in the North Central region of the United States. Minnesota **Agricultural Experiment Station**./University of Minnesota. p.3-15 (Technical Bulletin 266). 1969.

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

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

WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. **Science**, v.87, p.430-431, 1938.

WRIGHT, S. **The theory of gene frequencies**, VII. Chicago: The University Of Chicago Press, 511p. 1969.

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

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)