

Endogamia em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana

Sousa, J.E.R.¹; Paiva, R.D.M.²; Sousa, W.H.³; Façanha, D.A.E.¹; Nunes, S.F.⁴; Morais, J.H.G.²; Souza, M.S.M.⁴ e Ferreira, J. B.²

¹Departamento de Ciências Animais. Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA). Mossoró, RN. Brasil.

²Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA). Mossoró, RN. Brasil.

³Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária (EMEPA) – João Pessoa, PB. Brasil.

⁴Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA). Caraúbas, RN. Brasil.

RESUMO

O objetivo desta pesquisa foi descrever a estrutura da população e avaliar os efeitos da endogamia sobre peso corporal em diferentes idades em caprinos Anglo Nubiana. Foram utilizados dados de pedigree de 1.104 animais nascidos de 1980 a 2010. O programa Endog foi utilizado para análise do pedigree e estimação dos parâmetros populacionais. O efeito da endogamia foi verificado pelo teste t, avaliando contraste por meio de uma sub-rotina do aplicativo MTDFREML. Do total de animais estudados, 85,96% apresentaram pedigree na primeira ascendência, 41,51% na segunda e 15,82% na terceira. O coeficiente médio de endogamia (F) e de relação (AR) foi de 1,1% e 3,14% respectivamente. O número efetivo de animais fundadores e de ancestrais foi igual (29). Os 11 principais ancestrais explicaram 50% da variância genética total. Depressão endogâmica significativa foi encontrada para PN, P56, P140 e P168 dias de idade.

Inbreeding in a Anglo Nubiana breed goat herd

SUMMARY

The aim of this research was to describe the population structure and evaluate the effects of the inbreeding on the body weights at different ages in Anglo Nubiana goat. Pedigree records of 1,104 animals, which were born from 1980–2010, were used. The program Endog was used for pedigree analysis and estimations of populations parameters. The effect of inbreeding t test was verified by evaluating contrast through a subroutine MTDFREML application. From the total number of animals studied, 85,96% had pedigree in the first ascendancy, 41,51% in the second, and 15,82% in the third. Average inbreeding coefficient (F) and relationship coefficient (AR) of the population were 1,1% and 3,14% respectively. The effective number of founder animals and ancestral was the same (29). Approximately, 50% of total genetic variance was explained by the 11 most influential ancestors. Significant individual inbreeding depression was found for both traits (BW, 56W, 140W and 168W) days of age.

PALAVRAS CHAVE ADICIONAIS

Depressão endogâmica.

Caprino.

Tamanho efetivo.

ADDITIONAL KEYWORDS

Inbreeding depression.

Goat.

Effective size.

INFORMATION

Cronología del artículo.

Recibido/Received: 29.11.2016.

Aceptado/Accepted: 09.05.2018

On-line: 15.07.2018

Correspondencia a los autores/Contact e-mail:

ernandes@ufersa.edu.br

INTRODUÇÃO

A estrutura genética populacional pode ser definida como a distribuição da variabilidade genética entre e dentro de populações. Esta estrutura resulta da combinação entre mutação, fluxo gênico, seleção e deriva genética, os quais definem a distribuição da variabilidade genética nas populações (Malhado et al. 2010). O principal objetivo, ao se definir a estrutura de populações, é estimar os parâmetros que as caracterizam, como a endogamia, o tamanho efetivo populacional,

de modo que se possa direcionar o desenvolvimento de estratégias para gerenciamento adequado dos recursos genéticos para a preservação e o aproveitamento da máxima diversidade (Oliveira et al. 2011).

O acasalamento entre parentes é uma prática frequentemente usada principalmente por criadores de raças puras, com o objetivo de assegurar maior uniformidade racial e fixação de certas características de maior importância econômica. Entretanto, acima de certos níveis, a endogamia tem efeitos deletérios sobre

os animais, afetando em maior magnitude as características relacionadas à reprodução e viabilidade, e de forma mais moderada a produção de leite e crescimento dos animais (Leroy 2014).

A consanguinidade ocorre quando os acasalamentos são efetuados entre parentes mais próximos do que se os indivíduos tivessem sido escolhidos ao acaso em uma população. O efeito primário da endogamia é provocar o surgimento de mais pares de genes homozigóticos, diminuindo concomitantemente a porcentagem de heterozigotos. Isto incorre na manifestação de muitos genes recessivos, que geralmente provocam alguma degeneração na média do mérito individual. Existem duas causas possíveis do declínio da média do valor fenotípico, de características quantitativas, provocado 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 (Crow & Kimura 1970).

Falconer & Mackay (1996) definiu depressão endogâmica como a redução do valor médio fenotípico sobre as características associadas a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, podendo também impactar em outras características sob seleção.

Na literatura é frequente a constatação da influência significativa da endogamia sobre características de importância econômica em diversas espécies animal, destacando-se os trabalhos de Santana Júnior, et al. (2010) e Curik, et al. (2014) com bovinos, Pedrosa, et al. (2010) e Etequadi, et al. (2015) com ovinos. Apesar da sua importância, ainda são poucos os estudos que visam avaliar a estrutura populacional, bem como os efeitos da endogamia sobre características sob seleção em caprinos. Destacam-se os trabalhos de, Barros, et al. (2011) e Rashidi, et al. (2015).

Desse modo o objetivo da presente pesquisa foi estimar a ocorrência de endogamia, avaliar a estrutura populacional e determinar os efeitos da endogamia sobre características de crescimento dos animais em um rebanho de caprinos da raça Anglo Nubiana.

MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho foi realizado com dados do rebanho caprino da Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária (EMEPA – PB) situada no município de Soledade, apresentando temperaturas médias anuais em torno de 24 °C, umidade relativa do ar em torno de 68%, ocorrendo precipitação média de 400 mm anuais, com déficit hídrico durante quase todo o ano.

Foram coletadas informações referentes ao desempenho ponderal de caprinos da raça Anglo Nubiana, desde o nascimento aos 196 dias de idade (PN – peso ao nascer; P28 – peso aos 28; P56 – peso aos 56; P112 – peso aos 112; P140 – peso aos 140 e P196 – peso aos 196 dias) no período de 1980 a 2010.

Os animais foram criados em sistema semi-intensivo, sendo alimentados em piquetes com pastagem nativa e suplementação alimentar à base de silagem de milho (*Zea mays* L.), sorgo (*Sorghum bicolor* (L.)

Moench), feno de maniçoba (*Manihot glaziowii* Mull.), palma forrageira (*Opuntia ficus* sp), e ração concentrada com 14 - 16% de proteína, quando necessário. A suplementação mineral foi prática constante durante todo o ano.

O rebanho foi submetido a dois períodos de monta controlada, com duração de 40 a 60 dias, que normalmente tinha início nos meses de março e novembro, fazendo com que as parições se concentrassem nos períodos de agosto a setembro e fevereiro a abril, respectivamente. Durante as estações de monta, as cabras receberam suplementação alimentar em razão da escassez de forragem na região. Os animais foram separados da mãe ao nascimento, receberam colostro três vezes ao dia e dieta sólida a partir do décimo dia, sendo desaleitados aos 70 dias de vida.

Utilizou-se o programa ENDOG versão 4.8 (Gutiérrez & Goyache 2005) para avaliar a estrutura populacional e calcular o coeficiente de endogamia. A estimação do número efetivo de fundadores (f_e) foi feita de acordo com Boichard et al. (1997), adotando:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

, em que f_e é o número de fundadores e f é o somatório da contribuição esperada do número de progênes (q) do fundador (k) na população. O q_k é o coeficiente de parentesco médio do fundador k .

O número efetivo de ancestrais (f_a) foi obtido computando-se a contribuição marginal de cada ancestral por:

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

, onde, q_j é a contribuição marginal do ancestral j , que é a contribuição genética dada por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente.

Foram identificados também, o número de gerações completas traçadas (geração mais distante em que todos os pais são conhecidos), o número máximo de gerações traçadas (número de gerações que separa o indivíduo do seu ancestral mais remoto) e o número equivalente de gerações

$$\left(\sum \left(\frac{1}{2} \right)^n \right)$$

onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido) (Maignel et al. 1996).

Para o cálculo do coeficiente de endogamia (F) utilizou-se o algoritmo proposto por Meuwissen & Luo (1992). Já o aumento da endogamia (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 é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração e F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia estimado para a geração anterior.

Tamanho efetivo da população (N_e) (Wright 1931): número de indivíduos que acasalando ao acaso e com a mesma chance de deixarem filhos gerassem a mesma taxa de consanguinidade observada na população em estudo. Obtido por:

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

, onde ΔF é aumento relativo da consanguinidade por geração.

Coeficiente de parentesco médio (AR) (Goyache et al. 2003): é a dupla probabilidade de dois alelos tomados ao acaso, um para o animal e outro para a população no pedigree (incluindo o do animal), serem idênticos por descendência. O AR de cada indivíduo no pedigree é calculado como a média dos coeficientes na linha correspondente ao indivíduo em relação a matriz de parentesco A.

Para avaliar o efeito da endogamia sobre as características estudadas, foi utilizado o método da máxima verossimilhança restrita livre de derivada com um modelo unicaracterístico, através do aplicativo Multiple Traits Derivate Free Restrict Maximum Likelihood – MTDFREML (Boldman et al. 1995). Para cada característica, têm-se o seguinte modelo:

$$Y_1 = X_1\beta_1 + Z_1\alpha_1 + e_1$$

Em que, Y corresponde ao vetor de observações da característica em questão; β é o vetor de efeitos fixos; α , o vetor de valores genéticos aditivos; e , vetor de efeitos residuais; X e Z são matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram incluídos no modelo os efeitos fixos de grupo de contemporâneas (GC), composto por animais nascidos na mesma estação e mesmo ano, sexo, tipo de nascimento; endogamia do animal (linear) como covariável e o efeito aleatório genético aditivo. A significância do efeito da endogamia foi testada pelo teste t, realizando contraste em uma sub-rotina do MTDFREML (Boldman et al. 1995).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os parâmetros populacionais do rebanho estudado foram determinados a partir da população base, ou seja, o número de animais fundadores e ancestrais, que são responsáveis pela variabilidade genética encontrada no rebanho. O número efetivo de fundadores avalia como o balanço esperado das contribuições dos fundadores é mantido entre as gerações, levando em consideração a taxa de seleção e a variação de tamanho de família.

No arquivo geral de dados analisados, contendo 1104 animais (**Tabela I**), o número efetivo de fundadores (f_e) apresentou valor bem inferior ao número total de animais pertencentes a população fundadora, ou número de fundadores. Uma das principais causas da redução observada do f_e em relação ao número de fundadores, é a utilização de poucos animais como reprodutores ao longo dos anos analisados.

Entre os parâmetros populacionais analisados (**Tabela I**), verificou-se que o número efetivo de ancestrais (f_a) encontrado foi de 29, valor semelhante ao número efetivo de fundadores (f_e). De acordo com Barros, et al. (2011) quando esse tipo de situação acontece, é indicativo de que os animais que contribuíram para formação da raça continuam atuando de maneira efetiva no rebanho atual, e que não houve nenhum animal, além dos considerados fundadores, que tenham contribuído para a composição genética do rebanho. No entanto, o ideal é que tanto o f_a como o f_e , sejam mais próximo possíveis da população fundadora, o que não se observou no presente estudo, haja visto que o número de animais fundadores foi de 146.

Tabela I. Parâmetros populacionais do rebanho Anglo Nubiana da EMEPA-PB (Population parameters of the Anglo Nubian herd EMEPA-PB).

Parâmetro	Quantidade
Número de animais	1104
Número de animais endogâmicos	134
Número de animais da população de referencia	936
População base (com pelo menos um parente desconhecido)	168
Número de ancestrais	146
Número de fundadores	146
Número efetivo de ancestrais	29
Número efetivo de fundadores	29
Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	11
Coeficiente médio de endogamia (%)	1,11
Grau de parentesco médio (%)	3,14

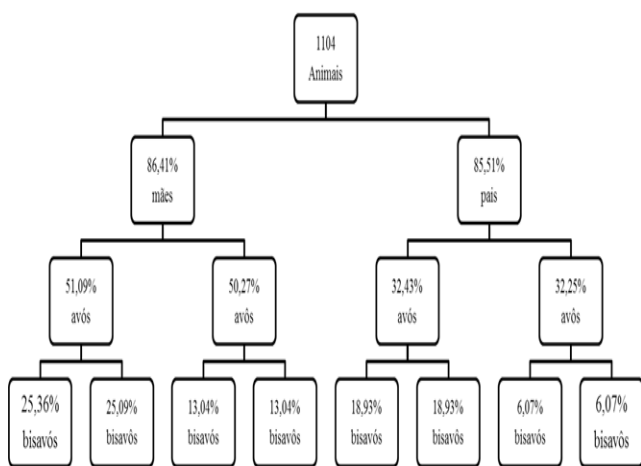


Figura 1. Integralidade do pedigree (Pedigree completeness).

Valores observados foram considerados baixos para *fe* e *fa*, quando comparados com o número de animais fundadores, levando o rebanho a se desenvolver através de uma base genética que apresenta estreita relação, o que pode resultar em perdas de genes de origem. Os valores de *fe* e *fa* observado no presente estudo foram inferiores aos encontrados por Oravcová (2013) em estudo com caprinos da raça White Shorthaired, e por Rashidi et al. (2015) com caprinos da raça Markhoz.

A razão entre *fe/fa* encontrado sugere que todos os animais ancestrais eram fundadores e ainda continuam a contribuir de maneira efetiva para a população atual. Segundo Boichard et al. (1997), o número efetivo de ancestrais permite avaliar os gargalos encontrados no *pedigree*, de tal forma que *fa* sempre será menor ou igual a *fe*.

Observa-se que do total de animais que deram origem à população de referência apenas 11 explicam 50% da variabilidade total encontrada nos rebanhos, indicativo do uso desequilibrado de alguns reprodutores. Essa situação é reflexo dos baixos valores do *fe* e *fa* encontrados, o ideal seria que todos os animais contribuíssem de igual maneira ao longo das gerações.

Barros, et al. (2011) estudando a raça de caprinos Marota, constataram que apenas 22 animais de um total de 214 entre àqueles que deram origem à população de referência, foram responsáveis por 50% dos alelos presentes na população. Mesmo com o uso intensivo de determinados reprodutores, observou-se que os valores médios para o coeficiente de endogamia (F) e para o coeficiente de parentesco (AR) encontrados no rebanho de caprinos Anglo Nubiano no decorrer do período analisado foram de baixa magnitude (Tabela I). O baixo grau de endogamia observado no presente estudo demonstra que o rebanho encontra-se em boa situação genética, haja vista que os responsáveis pela sua formação e gestão genética procuraram evitar acasalamentos consanguíneos, já que o grau de parentesco entre os indivíduos, também não é elevado. Portanto o conhecimento dos AR dos reprodutores é essencial

para que se faça a escolha mais adequada dos animais a serem utilizados na reprodução.

A endogamia média encontrada foi de 1,11% (Tabela I), valor aceitável, já que a maioria da literatura sobre o assunto indica valores apenas acima de 10% como prejudiciais. Valores de endogamia superiores aos observados para esta população foram obtidos em outros trabalhos com caprinos (Rashidi et al. 2015). Para estes autores, o controle dos valores de F seria uma das maneiras de garantir a manutenção da variabilidade genética intrarracial.

Convém lembrar que os valores de F são obtidos considerando-se que não havia acasalamentos endogâmicos (F=0) na população base, sendo que a mesma é composta, principalmente, por animais de genealogia desconhecida. Assim, o melhor conhecimento e controle da genealogia com o passar das gerações possibilita o cálculo mais acurado de F.

A integralidade do pedigree (Figura 1) corresponde ao percentual médio de pedigree completo para cada geração por ano. Se todos os ancestrais de um indivíduo em uma geração específica são conhecidos, então se pode assumir que a integridade do pedigree para o mesmo será de 100% ou I = 1. No entanto, caso um dos pais seja desconhecido, a integridade será igual a zero.

Dos 1104 animais analisados, verifica-se que 85,96% apresentaram pedigree conhecido na primeira ascendência. Valor que corresponde à média de pedigree conhecido entre os pais e as mães, que neste caso foi de 86,41% para mães e 85,51% para os pais. Observa-se ainda um percentual de 41,51 e 15,82 de pedigree conhecido na segunda e terceira ascendência respectivamente. As informações de pedigree foram mais completas na linha materna, conforme observado na figura 1. Este resultado atribui-se provavelmente aos criadores possuírem mais de um reprodutor em seu rebanho, e desta forma quando não havia certeza sobre a paternidade de um determinado animal, este era considerado filho de pai desconhecido.

Observa-se ocorrência de perda de informação da primeira para a segunda geração, uma vez que apenas 14,04% dos animais não apresentavam informações de pai e mãe, enquanto que 58,49% não apresentavam informações de avós no pedigree. Estes resultados apontam para a necessidade de mais atenção com a integridade dos pedigrees, que em sua maioria apresentam inconsistência à medida que aumenta o número de gerações em sua estrutura de formação, que pode ser atribuída principalmente a falta de controle e escrituração zootécnica dos rebanhos. De acordo com Gutiérrez & Goyache (2005), as estimativas do tamanho efetivo médio (N_e) em diferentes tipos de gerações, considerando a integridade do pedigree, são úteis para indicar os limites do N_e em populações em que as informações genealógicas são escassas, como observado em estudos com caprinos por Rashidi et al. (2015).

Considera-se limite superior do tamanho efetivo, aquele que corresponde ao tamanho efetivo máximo, encontrado via gerações máximas traçadas. Este leva em consideração o ancestral mais remoto e normalmente apresenta maior magnitude para N_e . Já o limite

inferior equivale ao tamanho efetivo mínimo, obtido por meio das gerações completas traçadas, ou seja, considera apenas aqueles indivíduos que apresentam pai e mãe conhecidos, e desta forma geralmente tem o menor N_e . O limite real do tamanho efetivo é um valor intermediário entre o limite superior e o limite inferior, sendo contabilizado utilizando as gerações equivalentes traçadas, que envolve somente os indivíduos com todos os ancestrais conhecidos.

Assim, ΔF , que é a taxa de aproximação à endogamia completa em cada geração, depende do valor do tamanho efetivo da população, ou seja, quanto menor for o N_e em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns, e conseqüentemente, o valor de ΔF também será maior. No presente estudo, o número médio de gerações completas encontrada foi de 1,09, sugerindo que um pequeno número de ancestrais é conhecido. No entanto para este mesmo tipo de geração, espera-se maior probabilidade de ser detectado o incremento da endogamia, justificada possivelmente pelo menor N_e , que foi de 21,32.

Maior número médio de ancestrais remotos foi verificado para as gerações máximas, quando comparadas às gerações completas e equivalentes. Dessa maneira, a probabilidade de se obter altas taxas de endogamia tende a ser menor, o que se confirma através da baixa magnitude verificada para ΔF de 0,63%, assim como do N_e estimado de 78,87, considerado maior no comparativo das gerações.

Para as gerações equivalentes, os valores encontrados foram intermediários, uma vez que seu cálculo considera todos os ancestrais conhecidos e não somente os ancestrais mais remotos. No entanto, os valores de N_e oscilaram de acordo com a taxa de endogamia,

já que este parâmetro é calculado em função de ΔF , e ambos são inversamente proporcionais.

O tamanho efetivo, por geração máxima apresenta valores baixos, inferior ao recomendado pela FAO (1992), que classifica o rebanho com vulnerável quando $N_e < 100$, concomitantemente tem-se uma elevação no valor do coeficiente de endogamia, com o aumento da gerações, chegando ao valor de 12,59% na geração 8, com 100% dos animais endogâmicos, colocando em risco a sua produção. Os baixos valores de AR observados foram consequência do reduzido número de gerações conhecidas. O coeficiente de parentesco pode mostrar diferentes tendências e evolução ao longo das gerações, em função da quantidade de informações do pedigree (Oravcová & Margetín 2011).

O coeficiente de endogamia médio (F) estimado para as 4 gerações, através da geração completa, apresentou um comportamento crescente, variando de 0,25%, na geração 1, a 10,03% na geração 4. Da mesma maneira, o percentual de indivíduos endogâmicos, que foi de 2,36% na primeira geração, chegou a 100% na última geração. Esse aumento consistente de F e na porcentagem de animais endogâmicos com o transcorrer das gerações, pode ser justificado pelo fato de que, quando se conhece mais gerações completas de um indivíduo, aumenta-se a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree. A ausência de alguns valores na geração 0, simbolizada por um traço, deve-se à falta de informação referente à endogamia na geração anterior, por ser formada pela população fundadora.

Entre os anos de 1980-2000, foram observados registros de consanguinidade (F), seguidos por coeficiente de parentesco médio (AR) de baixa magnitude, explicados possivelmente pela contribuição dos animais fundadores para população, que inicialmente já tinham um parentesco.

Entre os anos de 2001 e 2005, observa-se uma redução considerável de F, provavelmente devido ao uso de reprodutores não aparentados, adquiridos em outros rebanhos ou importados, sendo o parentesco atribuído apenas as matrizes, fato que poderia justificar a ausência de redução no coeficiente médio de parentesco neste mesmo período. Posteriormente, a partir de 2005 verifica-se aumento acelerado da endogamia, exigindo maior atenção a este fato, recomendando-se acasalamentos preferenciais entre indivíduos menos aparentados, afim de manter a endogamia em níveis aceitáveis.

O coeficiente de parentesco médio (AR), associado ao coeficiente de endogamia tem sido utilizado para avaliar a perda de diversidade intrarracial. O valor de AR indica o grau de contribuição de um determinado animal, de tal forma que, quanto maior for o seu valor de AR, maior terá sido a sua contribuição para a total diversidade observada na população atual. Para o controle da consanguinidade deve-se dá ênfase ao uso de reprodutores com os menores valores de AR.

Foram observados efeitos significativos do coeficiente de endogamia médio para peso ao nascer, peso aos 56, 140 e 168 dias de idade (Tabela II). Verificou-se

Tabela II. Coeficientes de regressão (b_1) e erro padrão para as características estudadas em caprinos da raça Anglo Nubiana (Regression coefficients (b_1) and standard error for the characteristics studied in goats Anglo Nubian).

Característica (kg)	b_1	Erro padrão
PN	-0,012*	0,005
P28	-0,001 ^{ns}	0,012
P56	-0,027*	0,016
P84	-0,032 ^{ns}	0,02
P112	-0,022 ^{ns}	0,025
P140	-0,050*	0,03
P168	-0,102**	0,032
P196	-0,056 ^{ns}	0,043

* : significativo ($P < 0,05$); ** : significativo ($P < 0,01$); ns: não significativo ($P > 0,05$); PN: peso ao nascer; P28: Peso aos 28 dias; P56: peso aos 56 dias; P84: peso aos 84 dias; P112: peso aos 112 dias; P140: peso aos 140 dias; P168: peso aos 168 dias; P196: peso aos 196 dias.

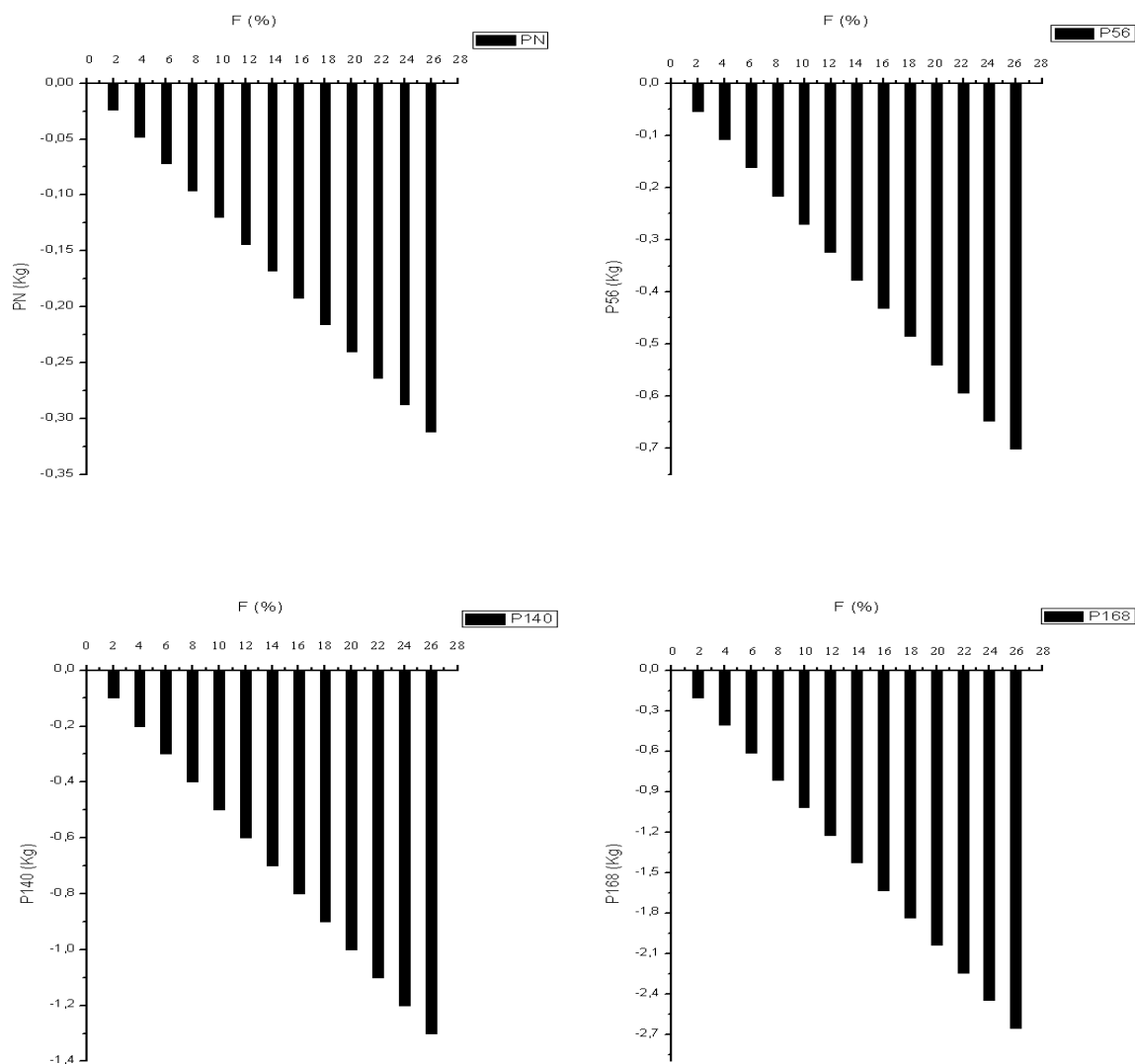


Figura 2. Coeficiente de endogamia médio para peso ao nascer, peso aos 56, 140 e 168 dias de idade (Average inbreeding for weight at birth, weight at 56, 140 and 168 days old).

uma redução de 12g no peso ao nascer por 1% de aumento no coeficiente de endogamia. Embora o efeito de endogamia seja significativo, não ocorre depressão endogâmica acentuada nas características analisadas para pequenos valores de endogamia, conforme pode ser verificado na **figura 2**.

A literatura, na maioria dos casos, mostra que a endogamia tem efeito negativo sobre características de desempenho, haja vista que os animais com maior homozigose apresentam menor flexibilidade frente às variações do meio ambiente e, conseqüentemente, são mais frágeis e susceptíveis ao mesmo.

Khan et al. (2007) estudando o efeito da endogamia por meio de análise de regressão em características

de crescimento em caprinos Beetal, verificaram efeito significativo da endogamia para peso ao nascer, peso ao desmame e pos-desmame, e ganho de peso diário. Rashidi et al. (2015), em caprinos da raça Markhoz observaram depressão endogâmica não significativa para peso ao nascer, peso ao desmame e ganho de peso do nascimento ao desmame.

Efeito mais acentuado da endogamia ocorre normalmente nas características mais dependentes de ação não-aditivas, principalmente as associadas à reprodução e à adaptação. Desta forma, os animais que apresentam alguma deficiência limitante ou grave, na maioria morrem ou são descartados no início da vida, não fazendo parte portanto dos controles de pesagem.

Se as limitações apresentadas pelos animais forem decorrentes do efeito da endogamia, não será possível sua plena quantificação nas análises dos dados de características de importância econômica, uma vez que esses animais não tiveram a oportunidade de manifestar seu desempenho. Assim, o efeito da endogamia é, possivelmente, mais acentuado do que o observado. Tradicionalmente, a endogamia tem sido praticada em associação com seleção para melhorar o desempenho, bem como a uniformidade do rebanho. Quando a prática da endogamia não é deliberada, como é o caso dessa população de caprinos Anglo Nubiano, o aumento dos níveis de endogamia ocorre lentamente, permitindo que a seleção possa atuar de forma mais eficiente no melhoramento genético de muitas características de importância econômica, eliminando-se, assim, os genótipos menos adaptados.

CONCLUSÃO

O rebanho estudado apresenta tamanho efetivo e coeficiente de consanguinidade de magnitude moderada, sugerindo a necessidade de manutenção do plano de gestão genética nesta população. A endogamia influenciou na maioria das características analisadas, comprometendo o desempenho do rebanho da raça Anglo Nubiana. Faz-se necessário que os acasalamentos sejam monitorados, com o objetivo de manter a endogamia em valores baixos.

REFERÊNCIAS

- Barros, E, A, Ribeiro, M, N, & Almeida, M, J, O 2011, Estrutura populacional e variabilidade genética da raça caprina Marota, *Archivos de Zootecnia*, vol. 60, pp. 543-52.
- Boichard, D, Maignel, L, & Verrier, E 1997, The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population, *Genetic Selection Evolution*, vol. 29, pp. 5-23.
- Boldman, K, G, Kriese, L, A, & Van Vleck, L, D 1995, *A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariance*. Lincoln: Department of Agriculture, Agricultural Research Service.
- Crow, J, F, & Kimura, M 1970, *An introduction to population genetics theory*. Alpha Editions, Minneapolis.
- Curik, I, Feren akovi, M, Karapandza, N, Cubric, C, V, Sölkner, J 2014, Estimation of inbreeding and effective population size in Istrian cattle using molecular information, *Acta Agraria Kaposváriensis*, vol. 18, pp. 30-4.
- Eteqadi, B, Hossein-Zadeh, N, G, Shadparvar, A, A 2015, Inbreeding effects on reproductive traits in Iranian Guilan sheep, *Tropical Animal Health Production* vol. 47, pp. 533-9.
- Falconer, D, S, & Mackay, T, F, C 1996, *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman Green, London.
- FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations, 1992, *The Management of Global Animal Genetic Resources*, Health Paper, United Nations, Rome.
- Goyache, F, Gutiérrez, J, P, Fernández, I, Gomez, E, Alvarez, I, Díez, J, & Royo, J 2003, Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example, *Journal Animal Breeding and Genetics*, vol. 120, pp. 95-103.
- Gutierrez, J, G, & Goyache, F 2005, A computer program for analysing pedigree information – ENDOG, *Journal Animal Breeding Genetic*, vol. 122, pp. 172-6.
- Khan, M, S, Ali, A, Hyder, A, U, & Chatta, A, I 2007, Effect of inbreeding on growth and reproduction traits of Beetal goats, *Archiv Tierzucht*, vol. 50, pp. 197-203.
- Leroy, G, 2014, Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis, *Animal Genetics*, vol. 45, pp. 618-28.
- Maignel, L, Boichard, D, & Verrier, E 1996, Genetic variability of french dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull*, vol. 14, pp. 49-54.
- Malhado, C, H, M, Carneiro, P, L, S, Malhado, A, C, M, Martins, J, A, M, Martins Filho, R, & Bozzi, R 2010, History of registered Gyr breed in Brazilian Northeast: population structure and genetic improvement of growth traits, *Ciência Rural*, vol. 40, pp. 1385-91.
- Meuwissen, T, H, E, & Luo, Z 1992, Computing inbreeding coefficients in large populations, *Genetics Selection Evolution*, vol. 24, pp. 305-13.
- Oliveira, P, S, Santana Júnior, M, L, Pedrosa, V, B, Oliveira, E, C, M, Eler, J, P, & Ferraz, J, B, S 2011, Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 46, pp. 639-47.
- Oravcová, M, & Margetín, M 2011, Preliminary assessment of trends in inbreeding and average relatedness of the former Valachian sheep, *Slovak Journal Animal Science*, vol. 44, pp. 90-6.
- Oravcová, M 2013, Pedigree analysis in White Shorthaired goat: First results, *Archiv Tierzucht*, vol. 56, pp. 547-54.
- Pedrosa, V, B, Santana Júnior, M, L, Oliveira, P, S, Eler, J, P, & Ferraz, J, B, S 2010, Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil, *Small Ruminant Research*, vol. 93, pp. 135-9.
- Rashidi, A, Mokhtari, M, S, & Gutiérrez, J, P 2015, Pedigree analysis and inbreeding effects on early growth traits and greasy fleece weight in Markhoz goat, *Small Ruminant Research*, vol. 124, pp. 1-8.
- Santana Júnior, M, L, Oliveira, P, S, Pedrosa, V, B, Eler, J, P, Groeneveld, E, & Ferraz, J, B, S 2010, Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nelore cattle in Brazil, *Livestock Science*, vol. 131, pp. 212-7.
- Wright, S 1931, Evolution in mendelian populations, *Genetics*, vol. 16, pp. 97-159.