

Parâmetros populacionais da raça ovina Santa Inês no Brasil

Milton Rezende Teixeira Neto⁽¹⁾, Jurandir Ferreira da Cruz⁽²⁾, Paulo Luiz Souza Carneiro⁽³⁾,
Carlos Henrique Mendes Malhado⁽³⁾ e Helder Henrique Neves Faria⁽²⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (Uesb), Rodovia BR 415, Km 03, CEP 45700-000 Itapetinga, BA, Brasil. E-mail: rezendeteixeira@yahoo.com.br ⁽²⁾Uesb, Departamento de Fitotecnia e Zootecnia, Estrada do Bem Querer, Km 04, Caixa Postal 95, CEP 45083-900 Vitória da Conquista, BA, Brasil. E-mail: cruzjurandir@gmail.com, helderique@hotmail.com ⁽³⁾Uesb, Departamento de Ciências Biológicas, Avenida José Moreira Sobrinho, s/nº, Jequiezinho, CEP 45200-000 Jequié, BA, Brasil. E-mail: plscarneiro@gmail.com, carlosmalhado@gmail.com

Resumo – O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês criados no Brasil. Foram utilizados dados de pedigree de 13.216 animais, pertencentes a 53 rebanhos de oito estados brasileiros, nascidos no período de 1976 a 2010. O programa Endog foi utilizado para análise do pedigree e estimação dos parâmetros populacionais. Do total de animais estudados, 80,86% apresentaram pedigree na primeira ascendência, 73,78% na segunda e 67,75% na terceira. O número máximo de gerações conhecidas foi de 19, e a média de gerações equivalentes foi de 4,67. A média do intervalo de gerações foi de $3,22 \pm 1,77$ anos. O tamanho efetivo da população apresentou média de 172,5 animais. O número de animais fundadores foi 829, mas o número efetivo de fundadores foi apenas 50. Os 17 principais ancestrais explicaram 50% da variabilidade genética total. O coeficiente médio de relação foi de 3,87% e o de endogamia, de 6,92%. Apesar do satisfatório coeficiente médio de endogamia nas últimas gerações, este coeficiente requer monitoramento por sua proximidade do limite recomendável. O fluxo de genes entre os rebanhos é o principal fator para o aumento do tamanho efetivo e a manutenção da variabilidade genética da raça Santa Inês.

Termos para indexação: ancestrais, endogamia, fundadores, pedigree, variabilidade genética.

Population parameters of the sheep breed Santa Inês in Brazil

Abstract – The objective of this work was to evaluate the population structure of the sheep breed Santa Inês raised in Brazil. Pedigree data from 13,216 animals, belonging to 53 herds from eight Brazilian states, born between 1976 and 2010, were used. The program Endog was used for pedigree analysis and estimation of population parameters. From the total number of animals studied, 80.86% had a pedigree in the first ascendancy, 73.78% in the second, and 67.75% in the third. The maximum number of known generations was 19, and the average of equivalent generations was 4.67. The average generation interval was 3.22 ± 1.77 years. The mean effective population size was of 172.5 animals. The number of founder animals was 829, but the effective number of founders was only 50. The 17 main ancestors accounted for 50% of the total genetic variability. The average relatedness coefficient was of 3.87% and the average inbreeding coefficient, of 6.92%. Despite the satisfactory average inbreeding coefficient in recent generations, this coefficient requires monitoring because of its proximity to the recommended limit. Gene flow among herds is the main factor for the increase of effective size and the maintenance of genetic variability in the breed Santa Inês.

Index terms: ancestors, endogamy, founders, pedigree, genetic variability.

Introdução

A análise genealógica fornece informações a respeito da história e da estrutura genética das raças, bem como sobre a evolução da variabilidade demográfica e genética da população (Goyache et al., 2010). O conhecimento da estrutura populacional, por sua vez, pode direcionar ações em programas de melhoramento genético (Malhado et al., 2008).

O estudo da estrutura populacional baseado em informações de pedigree, embora apresente algumas

desvantagens, como a baixa integridade ou imprecisão dos dados para animais de produção (Ron et al., 1996), tem sido realizado em diferentes populações ovinas de diversas partes do mundo (Maiwashe & Blackburn, 2004; Goyache et al., 2010; Paiva et al., 2011; Ghafouri-Kesbi, 2012).

As informações de pedigree são ferramenta importante para o estudo da estrutura genética das populações dada a sua simplicidade e o seu baixo custo, quando comparadas ao uso de marcadores moleculares (Malhado et al., 2009). Além disso, fornecem detalhes

a respeito da variabilidade genética e demográfica populacional (Goyache et al., 2010).

A manutenção da diversidade genética é fundamental para a sobrevivência das populações e, no caso dos programas de melhoramento genético, possibilita a seleção. Quanto maior a diversidade, mais fácil e rápida será a possibilidade de se obter indivíduos adaptados aos diversos sistemas de produção e ambientes (Delgado et al., 2001; Dossa et al., 2007).

O conhecimento da estrutura populacional da raça Santa Inês no Brasil ainda é limitado, apesar da existência de programas específicos de melhoramento genético para a raça (Sousa & Morais, 2000; Lôbo, 2003) e de esta representar o grupo genético ovino mais difundido no país (Silva et al., 2012), com o maior número de animais registrados (Morais, 2000).

O objetivo deste trabalho foi analisar a estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês criados no Brasil.

Material e Métodos

Os dados utilizados foram provenientes de informações de pedigree de 13.216 animais da raça Santa Inês, nascidos no período de 1976 a 2010, pertencentes a 53 rebanhos criados em oito estados brasileiros: Bahia (29), Ceará (4), Paraíba (9), Pernambuco (3), Piauí (1), Rio Grande do Norte (1), Sergipe (5) e São Paulo (1). Para a análise do pedigree e a estimação dos parâmetros populacionais, foi utilizado o programa Endog (Gutiérrez & Goyache, 2005). Os dados foram oriundos de animais com registro definitivo, disponibilizados pela Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (Arco). Os rebanhos avaliados foram selecionados em conjunto com a superintendência técnica dessa associação, por representarem fidedignamente a raça e serem referência de animais para reprodução no país. Assim, no presente trabalho, há representatividade desejável da raça.

Para a estimação da probabilidade de origem do gene, foi calculado o número efetivo de fundadores e de ancestrais. O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição, que produziram a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada. Para a determinação do número efetivo de fundadores, foi utilizada a equação:

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

em que f_e é o número efetivo de fundadores e q_k é a probabilidade de o gene ser originado do fundador k . O número efetivo de ancestrais, que representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) necessários para explicar a diversidade genética total da população estudada, foi estimado pela equação:

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

em que f_a é o número efetivo de ancestrais e q_j é a contribuição marginal de um ancestral j .

O coeficiente de endogamia individual (F_x) foi calculado com uso do algoritmo: $F_x = [\Sigma(1/2)^n (1+F_A)]/2$, em que n é o número de gerações que ligam os dois pais do indivíduo ao ancestral comum, e F_A é o coeficiente de endogamia de cada ancestral comum (Wright, 1931). Também foi calculado o coeficiente F para todo o pedigree, tendo-se utilizado o algoritmo: $F = A_i - 1$, em que A é a matriz de relação genética aditiva dos indivíduos da população (Meuwissen & Luo, 1992).

A taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia (ΔF) entre gerações sucessivas foi calculada por meio da equação: $\Delta F = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$, em que 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.

As estatísticas F de Wright foram obtidas pelos coeficientes F_{st} , F_{is} e F_{it} (Wright, 1978). O F_{st} expressa a correlação entre os genes da subpopulação em relação aos genes da população total; o F_{is} representa a correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes de sua subpopulação; e o F_{it} é a correlação dos genes de um indivíduo em relação aos genes da população total. Para determinação desses parâmetros, foram utilizadas as equações:

$$F_{is} = (\tilde{F} - \tilde{f}) / (1 - \tilde{f}), \quad F_{st} = (\tilde{f} - \bar{f}) / (1 - \bar{f}) \quad \text{e} \quad F_{it} = (\tilde{F} - \bar{f}) / (1 - \bar{f}),$$

em que \tilde{f} e \tilde{F} são, respectivamente, o coeficiente médio de relação e o coeficiente de endogamia para a metapopulação; e \bar{f} é o coeficiente médio de relação dentro de subpopulações.

O coeficiente médio de relação (CR) foi calculado com o algoritmo: $C' = (1/n)1' A$, em que A é a matriz de parentesco de tamanho $n \times n$; e $1'$ é um vetor de um de ordem $1 \times n$, sendo n o número de animais.

O intervalo médio de gerações foi calculado a partir dos passos: pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha, de acordo com a equação,

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

em que: LPM é o intervalo médio entre pais e filhos; LPF é o intervalo médio entre pais e filhas; LMM é o intervalo médio entre mães e filhos; e LMF é o intervalo médio entre mães e filhas.

O número de gerações equivalentes foi obtido pelo somatório dos termos $(1/2)^n$, de todos os ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O tamanho efetivo da população (N_e) foi calculado por meio da variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações ($N_e = 1/2\Delta F$). O número efetivo de rebanhos, que produziram carneiros pais, avós, bisavós e avós, foi calculado pelo inverso da probabilidade de dois animais escolhidos aleatoriamente serem do mesmo rebanho.

Para verificação da perda ou não de variabilidade genética, os 500 principais fundadores ou ancestrais foram ordenados de maneira decrescente, com base nos seus valores de CR e contribuição, respectivamente, por meio do procedimento Sort do SAS, versão 9.1 (SAS Institute, Cary, NC, EUA). Para fins de comparação das classificações de fundadores e ancestrais, foi efetuada a análise de correlação por meio da equação de Spearman, com uso do programa Proc Corr do SAS, versão 9.1 (SAS Institute, Cary, NC, EUA).

Resultados e Discussão

Dos 13.216 animais estudados, 80,86% apresentaram pedigree na primeira ascendência, 73,78% na segunda, 67,75% na terceira, 61,89% na quarta e 53,82% na quinta. As informações de pedigree foram semelhantes para as linhas paternas e maternas

(Figura 1). Da primeira para a segunda geração, ocorreu perda de informação, uma vez que 19,14% dos animais não apresentavam no pedigree informações de pai e mãe, e 26,22% não apresentavam informações de avós. Essa perda foi menor do que as observadas nas raças espanholas Mallorquina (Goyache et al., 2010) e Navajo-Churro (Maiwashe & Blackburn, 2004). Esses autores relataram, respectivamente, 65,70 e 49,50% de animais sem registro de pais, e 92,45 e 78% sem registro de avós.

A quantidade de informações de pedigree foi menor entre 1976 e 1987, quando 73,79% dos animais não apresentaram registro dos pais. No entanto, o volume de informações apresentou incremento expressivo ao longo dos anos, uma vez que, no período entre 1988 e 2010, apenas 16,38% dos animais não apresentaram registro dos ascendentes.

As informações de registros genealógicos da raça Santa Inês, avaliada em 35 anos, indicaram um máximo de 19 gerações, em 2009. A média de gerações equivalentes foi de 4,67, com valor zero de 1976 a 1980 e maior média anual em 2008 (7,87). Em trabalhos recentes realizados com ovinos em diferentes países, os maiores valores de gerações equivalentes foram: 1,4 (Goyache et al., 2010), 6,2 (Tahmoorespur & Sheikhloo, 2011), 2,45 (Ghafouri-kesbi, 2012) e 2,5 (Chalh et al., 2012). O maior número de gerações equivalentes é um dado importante, pois, quanto mais completo for o pedigree, mais confiáveis serão as estimativas dos parâmetros. Ao se considerar que, até a quinta geração, mais de 50% dos animais apresentaram genealogia conhecida, pode-se afirmar que o pedigree da raça Santa Inês apresenta elevado nível de integralidade.

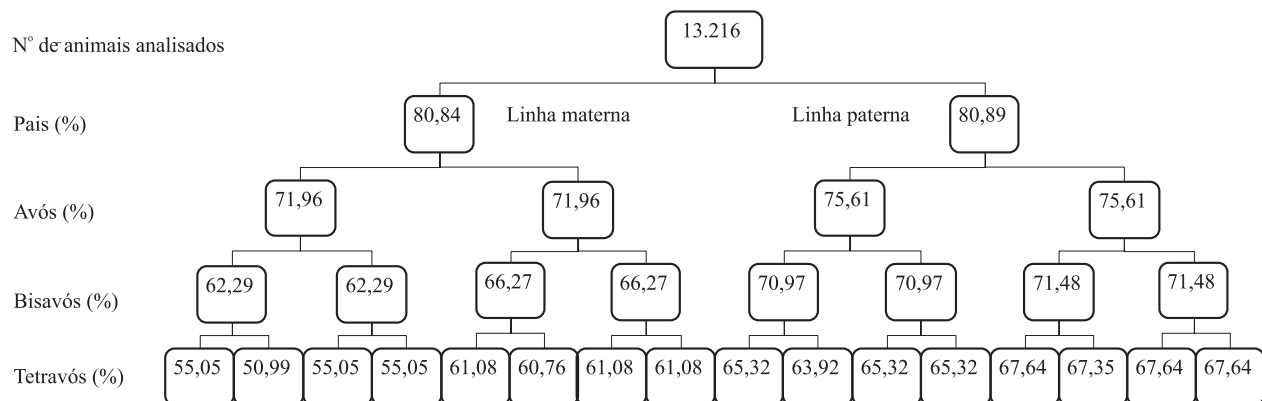


Figura 1. Estrutura do pedigree da raça Santa Inês com percentual de pais, avós, bisavós e tetravós conhecidos.

Os intervalos de gerações para as quatro passagens gaméticas, para todo o pedigree, foram de: 3,05±1,42 (pai-filho), 3,20±1,54 (pai-filha), 3,18±2,08 (mãe-filho) e 3,28±1,97 anos (mãe-filha), e o intervalo médio foi de 3,22±1,77 anos. A similaridade dos intervalos em todas as passagens gaméticas pode ser consequência da reposição simultânea de reprodutores e matrizes nos rebanhos. Contudo, o intervalo de geração também pode ser influenciado por tempo de permanência dos animais no rebanho, idade de início da atividade reprodutiva e intervalo entre partos. Esses fatores podem explicar o maior intervalo (3,70 anos) descrito por Pedrosa et al. (2010), para a raça Santa Inês. Ressalta-se que, quanto menor o intervalo de geração, maior é o ganho genético anual das características selecionadas (Carneiro et al., 2009).

Os dez principais fundadores, dos quais seis eram machos, foram responsáveis por 30,51% da variabilidade inicial da população (Tabela 1). Na raça Mallorquina, foi observado valor consideravelmente menor que o verificado no presente trabalho, em que os dez primeiros fundadores contribuíram apenas com 8,8% da variabilidade genética inicial (Goyache et al., 2010). Para a raça Santa Inês, a contribuição de cada fundador variou em função do número e da expressividade de seus descendentes na população.

Tabela 1. Coeficiente de relação (CR) e contribuição dos fundadores e dos ancestrais de maior importância na estrutura populacional de ovinos da raça Santa Inês no Brasil.

Classificação	Fundador			Ancestral		
	Sexo	CR (%)	Nº de filhos	Sexo	Contribuição ⁽¹⁾ (%)	Nº de filhos
1º	Macho	4,99	6	Macho	9,69	44
2º	Macho	4,85	11	Macho	6,89	27
3º	Fêmea	4,45	3	Macho	6,07	26
4º	Macho	2,94	7	Macho	4,26	29
5º	Fêmea	2,74	1	Macho	3,49	14
6º	Fêmea	2,61	2	Macho	2,71	9
7º	Macho	2,20	9	Macho	2,44	6
8º	Macho	1,98	6	Macho	2,38	16
9º	Macho	1,90	18	Macho	2,36	21
10º	Fêmea	1,85	2	Macho	1,83	8
11º	Macho	1,79	7	Macho	1,58	51
12º	Macho	1,53	6	Macho	1,30	7
13º	Macho	1,49	8	Fêmea	1,26	4
14º	Fêmea	1,06	1	Macho	1,24	22
15º	Macho	1,06	7	Macho	1,18	10
16º	Fêmea	1,03	4	Macho	1,16	18
17º	Macho	1,01	7	Macho	1,14	10

⁽¹⁾Contribuição para a variabilidade genética.

O número efetivo de 50 fundadores foi menor quando comparado aos 829 animais pertencentes à população fundadora e aos 1.766 componentes da população base. Isso pode ser resultado do baixo número de linhagens paternas utilizadas ao longo dos anos. Em situações como essa, quanto menor o número de animais fundadores, maior a necessidade de monitoramento e de controle da endogamia do rebanho, o que pode ser feito, por exemplo, pela introdução de animais que não apresentem parentesco direto com os principais fundadores (Marcondes et al., 2010).

Os 17 principais ancestrais foram responsáveis por mais de 50,98% de toda a variabilidade genética da população (Tabela 1). A variabilidade genética observada foi próxima à relatada em ovinos iranianos da raça Afshari, por Ghafouri-Kesbi (2012), os quais verificaram que 50% da variabilidade genética daquela raça foi proporcionada pelos 13 principais ancestrais. A contribuição expressiva dos 17 principais ancestrais é decorrente do elevado número de descendentes destes animais, quando comparado à média dos demais ancestrais da população (19,9 vs. 7,8 e 4,0 vs. 1,6 progênies por reprodutor e por matriz, respectivamente).

A correlação entre as classificações dos animais fundadores e ancestrais foi alta e positiva (0,90), o que indica que a maior parte dos animais fundadores também foi ancestral. Esse fato, em adição ao pequeno número efetivo de fundadores, evidencia a ocorrência do efeito fundador na população. Essa situação pode ser considerada desfavorável, uma vez que o efeito fundador contribui para a redução do tamanho efetivo e da variação genética da população, com consequentes perdas de alelos por oscilação genética (Teixeira Neto et al., 2012). Entretanto, a incorporação aos rebanhos de animais puros por cruza, no decorrer das gerações, contribuiu para minimizar o efeito fundador e, dessa forma, manter a variabilidade genética da raça em nível satisfatório.

O CR entre os indivíduos da população apresentou alterações expressivas ao longo dos anos, com valores mais baixos no período de 1976 a 1990 (1,37%) (Figura 2). No período subsequente, o CR apresentou incrementos graduais e alcançou valor máximo de 5,64%. Em todo o período estudado, o CR médio foi de 3,87%, com maior coeficiente individual de 12,13%. Os baixos valores de CR observados nos primeiros anos de formação da raça provavelmente

foram consequência do reduzido número de gerações conhecidas. O coeficiente de relação pode mostrar diferentes tendências e evolução ao longo das gerações, em função da quantidade de informações do pedigree (Oravcová & Margetín, 2011). No presente trabalho, os incrementos verificados para o CR após 1990 foram atribuídos à utilização de elevada proporção (48,28%) de reprodutores provenientes de apenas quatro rebanhos.

O coeficiente médio de endogamia (F), para toda a população, foi de 6,92%, e a média dos animais endogâmicos foi de 12,57%, sendo que 29,65% dos animais apresentaram F superior a 10% e um animal alcançou valor de 54,83%. No período de 1976 a 1983, o F foi nulo, mas aumentou gradualmente, de 1984 a 1990, para 3,07%. Em 1991, ocorreu aumento expressivo e abrupto, com valor máximo de 12,22%, e, no período de 1992 a 2010, o F apresentou relativa estabilização, com média de 7,49%. Se admitirmos que valor de F superior a 10% representa risco elevado para ocorrência de depressão por endogamia (Paiva et al., 2011), a raça Santa Inês, com exceção do ano de 1991, apresentou médias anuais dentro de limites satisfatórios. A ausência de endogamia verificada nos primeiros sete anos de formação da raça não foi resultante da inexistência de animais endogâmicos na população, mas sim do número reduzido de ancestrais conhecidos até então, o que impossibilitou a determinação desse parâmetro. A elevação da endogamia em 1991 ocorreu pelo uso marcante de dois reprodutores, os quais contribuíram com 45,30% das progêneses desse ano. No entanto, a posterior estabilização da endogamia, de 1992 a 2010, possivelmente deveu-se ao controle dos acasalamentos endogâmicos.

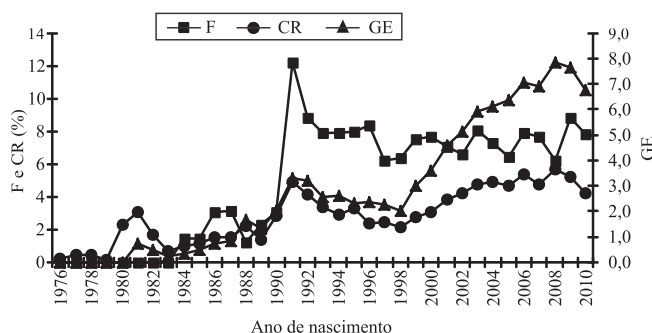


Figura 2. Variação da endogamia (F) e do coeficiente médio de relação (CR) e valores médios de gerações equivalentes (GE), em ovinos da raça Santa Inês.

Em relação ao gênero, o valor médio de F foi de 8,20%, para os machos, e de 6,55% para as fêmeas. Essa diferença, de acordo com Oliveira et al. (2011), pode ser consequência da maior pressão de seleção exercida sobre os machos, a qual promove o aumento de laços genéticos entre os reprodutores.

Já o aumento da endogamia e do coeficiente de relação apresentou relação direta com o aumento do número de gerações equivalentes. Esse achado, segundo Queiroz et al. (2000), pode ser justificado pelo melhor conhecimento e controle da genealogia, haja vista que, no decorrer das gerações, a possibilidade de um ancestral importante aparecer diversas vezes no pedigree é maior.

As estatísticas F de Wright, para toda a população, apresentaram valores de -0,0050 para o parâmetro Fis, 0,0556 para Fst e 0,0509 para Fit. O valor negativo e próximo de zero do Fis, que mede o desvio da casualidade nos acasalamentos, revela pequeno predomínio de acasalamentos entre subpopulações, o que contribuiu para minimizar a endogamia. É provável que o valor negativo obtido para Fis tenha sido resultado do consórcio de reprodutores, prática utilizada por produtores dos rebanhos avaliados, para redução de custo na aquisição de animais melhoradores. Esse procedimento, se bem conduzido, pode ser estratégia para conectar rebanhos e favorecer o melhoramento genético da raça. O baixo valor de Fst encontrado indica ausência de estruturação da população, uma vez que 100% das fazendas analisadas utilizaram reprodutores externos (Tabela 2).

Tabela 2. Tipo de rebanho, de acordo com a utilização de reprodutores.

Tipo de rebanho ⁽¹⁾	Nº	Reprodutores			Porcentagem de comprados
		Comprados	Próprios	Venda ⁽²⁾	
Núcleo	0	Não	Sim	Sim	0,0
Multiplicador 1	39	Sim	Sim	Sim	53,0
Multiplicador 2	3	Sim	Não	Sim	100,0
Comercial 1	7	Sim	Sim	Não	91,8
Comercial 2	4	Sim	Não	Não	100,0
Isolado	0	Não	Sim	Não	0,0

⁽¹⁾Núcleo, rebanho isolado dos demais ou em que os criadores não utilizavam reprodutores externos, mas forneciam reprodutores para outros rebanhos; multiplicador 1, rebanho em que eram utilizados reprodutores externos e próprios e forneciam reprodutores; multiplicador 2, rebanho em que eram utilizados apenas reprodutores externos e forneciam reprodutores; comercial 1, rebanho em que eram utilizados reprodutores externos e próprios e não forneciam reprodutores; comercial 2, rebanho em que eram utilizados apenas reprodutores externos e não forneciam reprodutores; isolado, rebanho em que eram utilizados apenas reprodutores próprios e não forneciam reprodutores. ⁽²⁾Reprodutores ou sêmen.

A maioria dos rebanhos (79,0%) foi classificada como rebanhos multiplicadores, em que os criadores, além de utilizar reprodutores externos e próprios, também vendem reprodutores. Os demais (21%) foram classificados como rebanhos comerciais, uma vez que eram utilizados reprodutores externos, ou próprios, e não se vendiam reprodutores. Nenhum rebanho foi classificado como núcleo (rebanho que não utiliza reprodutores externos). A utilização frequente de reprodutores comprados, observada em 100% dos rebanhos, pode contribuir para a manutenção da endogamia em nível aceitável, na raça Santa Inês.

O tamanho efetivo da população apresentou valor zero, nos três primeiros anos de formação da raça Santa Inês; porém, ao longo das gerações, houve incremento gradual, tendo alcançado valor máximo de 539 animais na última geração (Figura 3). Esse incremento pode ser atribuído à baixa ocorrência de acasalamentos endogâmicos, bem como ao aumento da relação reprodutor/matriz verificada nas quatro últimas gerações (2,33, 2,63, 2,60 e 3,14, respectivamente).

Há controvérsias quanto ao valor mínimo para o tamanho efetivo da população. Goddard & Smith (1990) sugerem um mínimo de 40 animais, para aumentar o retorno econômico, enquanto Frankham (1995) recomenda um mínimo de 50, para a prevenção da depressão por endogamia, e um mínimo de 500 animais, para a manutenção do potencial evolutivo.

Os rebanhos que forneceram reprodutores apresentaram número efetivo de 14,55 para pais, 12,29 para avôs, 9,87 para bisavôs e 8,57 para tetravôs, o que representa, respectivamente, 27,45, 23,19, 18,63 e 16,17% do número total de rebanhos. Esses números sugerem menor risco de elevação

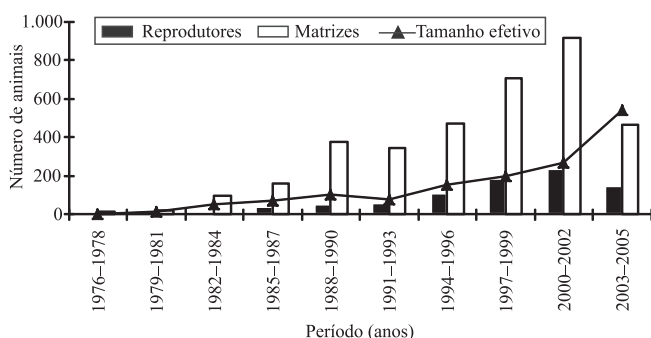


Figura 3. Variação do tamanho efetivo, número de reprodutores e número de matrizes da raça Santa Inês.

da endogamia que aqueles relatados em ovinos da raça Mallorquina, cujo número efetivo de rebanhos que forneceram reprodutores para as três primeiras gerações representou 18,72, 8,09 e 7,87% do número total de rebanhos (Goyache et al., 2010). O desejável é que o número efetivo de rebanhos seja mais próximo do número real, uma vez que um baixo número efetivo de rebanhos pode levar, a médio e longo prazo, ao aumento da endogamia e à redução do tamanho efetivo da população (Muniz et al., 2012).

Conclusões

1. O pedigree da raça Santa Inês apresenta alto número de gerações equivalentes e nível elevado de integralidade.

2. O coeficiente médio de endogamia nas últimas gerações é satisfatório, mas requer monitoramento por estar próximo ao limite recomendável.

3. O fluxo de genes entre os rebanhos é o principal fator para o aumento do tamanho efetivo e a manutenção da variabilidade genética da raça Santa Inês.

Agradecimentos

À Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (Arco) e à Associação de Criadores de Caprinos e Ovinos da Bahia (Accoba), pela disponibilização dos dados.

Referências

- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F. e; TORRES, R. de A. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, p.2327-2334, 2009. DOI: 10.1590/S1516-35982009001200006.
- CHALH, A.; MANSOURI, D.; HAMOUDA, M.B.; GAZZAH, M.E. Assessment of mating management effect on genealogical parameters highlighting the genetic variability in a not closed fat-tailed Barbarine sheep pedigree. *Archiv Tierzucht*, v.55, p.612-625, 2012.
- DELGADO, J.V.; BARBA, C.; CAMACHO, M.E.; SERENO, F.T.P.S.; MARTÍNEZ, A.; VEGA-PLA, J.L. Caracterización de los animales domésticos en España. *Animal Genetic Resources Information*, v.29, p.7-18, 2001. DOI: 10.1017/S1014233900005162.
- DOSSA, L.H.; WOLLNY, C.; GAULY, M. Spatial variation in goat populations from Benin as revealed by multivariate analysis of morphological traits. *Small Ruminant Research*, v.73, p.150-159, 2007. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2007.01.003.

- FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v.29, p.305-327, 1995. DOI: 10.1146/annurev.ge.29.120195.001513.
- GHAFOURI-KESBI, F. Using pedigree information to study genetic diversity and re-evaluating a selection program in an experimental flock of Afshari sheep. **Archiv Tierzucht**, v.55, p.375-384, 2012.
- GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.1113-1122, 1990. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(90)78771-1.
- GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ÁLVAREZ, I. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **Información Técnica Económica Agraria**, v.106, p.3-14, 2010.
- GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005. DOI: 10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x.
- LÔBO, R.N.B. **Genecoc**: programa de melhoramento genético de caprinos e ovinos de corte. 2003. Disponível em: <<http://srvgen.cnpc.embrapa.br/pagina/principal.php>>. Acesso em: 10 out. 2012.
- MAIWASHE, A.N.; BLACKBURN, H.D. Genetic diversity in and conservation strategy considerations for Navajo Churro sheep. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2900-2905, 2004.
- MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; MARTINS FILHO, R.; AZEVEDO, D.M.M.R. Histórico genético e populacional do rebanho Nelore Puro de Origem no Sertão Nordeste. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.713-718, 2009. DOI: 10.1590/S0100-204X2009000700010.
- MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; PEREIRA, D.G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, p.1163-1169, 2008. DOI: 10.1590/S0100-204X2008000900010.
- MARCONDES, C.R.; VOZZI, P.A.; CUNHA, B.R.N.; LÔBO, R.B.; ARAÚJO, C.V.; MARQUES, J.R.F. Variabilidade genética de búfalos em rebanho-núcleo com base na análise de pedigree. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.62, p.706-711, 2010. DOI: 10.1590/S0102-09352010000300027.
- MEUWISSEN, T.I.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.305-313, 1992. DOI: 10.1186/1297-9686-24-4-305.
- MORAIS, O.R. O melhoramento genético dos ovinos no Brasil: situação atual e perspectivas para o futuro. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2000, Belo Horizonte. **Anais**. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2000. p.266-272.
- MUNIZ, L.M.S.; SOUZA, L.A.; BARBOSA, A.C.B.; AMBROSINI, D.P.; OLIVEIRA, A.P.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; DUARTE, R.A.B. A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de *pedigree*. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, p.1656-1664, 2012. DOI: 10.1590/S0102-09352012000600035.
- OLIVEIRA, P.S.; SANTANA JÚNIOR, M.L.; PEDROSA, V.B.; OLIVEIRA, E.C. de M.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Estrutura populacional de rebanho fechado da raça Nelore da linhagem Lemgruber. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.46, p.639-647, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011000600010.
- ORAVCOVÁ, M.; MARGETÍN, M. Preliminary assessment of trends in inbreeding and average relatedness of the former Valachian sheep. **Slovak Journal of Animal Science**, v.44, p.90-96, 2011.
- PAIVA, S.R.; FACÓ, O.; FARIA, D.A. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v.43, p.1449-1457, 2011. DOI: 10.1007/s11250-011-9873-6.
- PEDROSA, V.B.; SANTANA JUNIOR, M.L.; OLIVEIRA, P.S.; ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v.93, p.135-139, 2010. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2010.05.012.
- QUEIROZ, S.A. de; ALBUQUERQUE, L.G. de; LANZONI, N.A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1014-1019, 2000. DOI: 10.1590/S1516-35982000000400010.
- RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER J.I. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, v.79, p.676-681, 1996. DOI: 10.3168/jds.S0022-0302(96)76413-5.
- SILVA, L.S.A.; FRAGA, A.B.; SILVA, F.L.; BEELEN, P.M.G.; SILVA, R.M.O.; TONHATI, H.; BARROS C.C. Growth curve in Santa Inês sheep. **Small Ruminant Research**, v.105, p.182-185, 2012. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2011.11.024.
- SOUSA, W.H.; MORAIS, O.R. Programa de melhoramento genético para ovinos deslanados do Brasil: ovinos da raça Santa Inês. In: SINCORTE, I., 2000, João Pessoa. **Anais...** João Pessoa: Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, 2000. p.223-229.
- TAHMOORESPUR, M.; SHEIKHLOO, M. Pedigree analysis of the closed nucleus of Iranian Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, v.99, p.1-6, 2011. DOI: 10.1016/j.smallrumres.2011.01.017.
- TEIXEIRA NETO, M.R.; CRUZ, J.F. da; RAMOS, A.A.; CARNEIRO, P.L.S.; AZEVEDO, D.M.M.R.; BOZZI, R.; MALHADO, C.H.M. Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis. **Ciência Rural**, v.42, p.2037-2042, 2012. DOI: 10.1590/S0103-84782012001100021.
- WRIGHT, S. **Evolution and the genetics of populations: variability within and among natural populations**. Chicago: University of Chicago, 1978. v.4, 580p.
- WRIGHT, S. Evolution in Mendelian populations. **Genetics**, v.16, p.97-159, 1931.