

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS AGRARIAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA
MESTRADO EM ZOOTECNIA

MICHELLI DE FATIMA SIEKLICKI

ESTUDO DE GENÉTICA DE POPULAÇÃO E ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA
RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ

PONTA GROSSA

2018

MICHELLI DE FATIMA SIEKLICKI

**ESTUDO DE GENÉTICA DE POPULAÇÃO E ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA
RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ**

Dissertação apresentada como requisito parcial à obtenção do título de mestre na Universidade Estadual de Ponta Grossa, Genética, Melhoramento e Reprodução Animal.

Orientador: Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

PONTA GROSSA

2018

Ficha Catalográfica

Elaborada pelo Setor de Tratamento da Informação BICEN/UEPG

S571 Sieklicki, Michelli de Fatima
 Estudo de genética de população e
 endogamia em animais da raça Holandesa no
 estado do Paraná/ Michelli de Fatima
 Sieklicki. Ponta Grossa, 2018.
 55f.

 Dissertação (Mestrado em Zootecnia -
 Área de Concentração: Produção Animal),
 Universidade Estadual de Ponta Grossa.
 Orientador: Prof. Dr. Victor Breno
 Pedrosa.

 1.Fundadores. 2.Intervalo de geração.
 3.Parâmetros. 4.Tamanho efetivo.
 I.Pedrosa, Victor Breno. II. Universidade
 Estadual de Ponta Grossa. Mestrado em
 Zootecnia. III. T.

CDD: 636.082



PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

TERMO DE APROVAÇÃO

MICHELLI DE FÁTIMA SIEKLICKI

ESTUDO DE GENÉTICA DE POPULAÇÃO E ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ

Dissertação aprovada como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre no Curso de Pós-Graduação em Zootecnia – Mestrado em Zootecnia, Setor de Ciências Agrárias e Tecnologia da Universidade Estadual de Ponta Grossa, no dia 05 de março de 2018, pela seguinte banca examinadora:

Prof. Dr. VICTOR BRENO PEDROSA (UEPG)
(Orientador)

Prof. Dr^a. ALINE ZAMPAR (UDESC/CHAPECÓ)

Prof. Dr. DIEGO DE CORDOVA CUCCO (UDESC/CHAPECÓ)

Ponta Grossa, 05 de Março de 2018.

DEDICATÓRIA

Dedico aos meus pais Wilmar José Sieklicki e Elizete Terezinha Sieklicki, pelo apoio e incentivo a nunca desistir e chegar onde eu quiser.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela minha vida.

Aos meus pais e irmãos por todo amor e incentivo.

À minha família pela compreensão e carinho.

Ao meu namorado Murilo Tramontin Costa pela ajuda, amizade e carinho de sempre.

Ao Prof. Victor Breno Pedrosa pela grande orientação (desde o tempo da graduação), pela paciência tida, pelos conselhos, pelas oportunidades proporcionadas e pela amizade construída em todos estes anos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

À Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa (APCBRH) pelo fornecimento do banco de dados.

Aos colegas e professores do curso de pós-graduação em Zootecnia da Universidade Estadual de Ponta Grossa.

Aos colegas do Laboratório de estudos em Melhoramento Animal (LeMA) pela troca de conhecimentos, em especial ao Henrique por toda a ajuda, pelos ensinamentos e pela sua amizade.

E a todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, o meu muito obrigado.

“Pouco conhecimento faz com que as pessoas se sintam orgulhosas.
Muito conhecimento, com que se sintam humildes.”
Leonardo da Vinci

RESUMO

O objetivo deste estudo foi avaliar a estrutura populacional e endogâmica dos rebanhos da raça Holandesa no estado do Paraná, a fim de verificar o processo de distribuição dos genes entre os animais ao longo dos anos. Os dados utilizados foram fornecidos pela Associação Paranaense dos Criadores da Raça Holandesa – APCBRH, com arquivo de pedigree de 206.796 animais, nascidos entre 1970 a 2014. Foram obtidos resultados para integridade do pedigree, pedigree completo, número efetivo de fundadores (f_e) e número efetivo de ancestrais (f_a), intervalo de gerações (IG), coeficiente de endogamia (F), tamanho efetivo de população (N_e), coeficiente médio de relação (CR) e número de progênies por reprodutor. Para o cálculo dos parâmetros populacionais e endogamia foram utilizados os softwares POPREP e ENDOG v.4.5. Com base no conjunto de dados, o pedigree completo apresentou animais com parentesco conhecido até a sexta geração. O intervalo de geração médio na população foi de 6,3 anos. Para o coeficiente médio de endogamia o resultado foi de 4,99%. Ne variou durante os períodos, variando de 22 a 114, enquanto a taxa de endogamia existente nestes mesmos períodos mostrou uma tendência decrescente nos últimos anos até 2014. Para o resultado de CR foi estimado em 0,71%. O número efetivo de fundadores (f_e) foi de 418 animais e ancestrais (f_a) foram 400 animais. Adicionalmente, foram identificados os reprodutores com maior número de progênies na população. De acordo com o nível de endogamia apresentado, pôde-se observar que disseminação do material genético dos principais reprodutores entre as gerações, resultou em bons indicadores de diversidade genética, o que permitiu propiciar uma boa estruturação genética dos rebanhos, facilitando a condução dos programas de seleção genética da raça, no referido estado.

Palavras-chave: fundadores, intervalo de geração, parâmetros, tamanho efetivo.

ABSTRACT

The objective of the present study was to evaluate the population structure and inbreeding of Holstein herds in the state of Paraná. The data used were provided by the Holstein Association of Paraná (APCBRH), which included a pedigree file of 206,796 animals born between 1970 and 2014. Results were obtained pertaining to pedigree integrity, complete pedigree, effective number of founders (f) and effective number of ancestors (f_a), generation interval (GI), inbreeding coefficient (F), size effective population (N_e), mean ratio coefficient (CR), and number of progenies per breeder. The POPREP and ENDOG v.4.5 software were used to calculate the relevant population parameters and inbreeding. Based on the data set, the pedigree completeness presented animals with known relationship up to a sixth generation. The mean generation interval in the population was 6.3 years. For the average inbreeding coefficient, the result was 4.99%. N_e varied during the periods, ranging from 22 to 114, while the rate of inbreeding in these same periods showed a decreasing trend in the last years until 2014. The CR was estimated to be 0.71%. The effective number of founders (f_e) was 418 animals and ancestors (f_a) were 400 animals. In addition, the reproducers with the highest number of progenies in the population were identified. According to the level of inbreeding presented, it was observed that the dissemination of the genetic material of the main breeders between the generations, resulted in good indicators of genetic diversity, which allowed to propitiate a good genetic structuring of the herds, facilitating the conduction of the breeding programs genetic selection of the breed in the said state.

Keywords: founders, generation interval, parameters, effective size.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Totalidade dos animais no pedigree juntamente com o nível de identificação dos ancestrais até a terceira geração em bovinos da raça Holandesa no estado do paraná	33
Figura 2 - Associação de todas as gerações conhecidas na população da raça Holandesa no estado do Paraná	34
Figura 3 - Média de pedigree completo para 1 ^a a 6 ^a gerações da população da raça Holandesa no estado do Paraná.	35
Figura 4 - Tendência de endogamia por geração de animais da raça Holandesa no estado do Paraná.	38
Figura 5 - Coeficiente de Endogamia (F) e Tamanho efetivo populacional (Ne) distribuídos em função do ano de nascimento para animais endogâmicos da raça Holandesa.	39
Figura 6 - Mães com maior número de progênies na população da raça Holandesa no estado do Paraná.	40
Figura 7 - Pais com maior número de progênies na população da raça Holandesa no estado do Paraná.	41

LISTA DE TABELA

Tabela 1- Intervalo de geração das passagens gaméticas e intervalo médio de geração na população da raça Holandesa no estado do Paraná.....	36
Tabela 2- Distribuição dos animais da raça Holandesa por ano e níveis de endogamia (Categoria 1 = 0-10%, 2 = 11-20% e 3 = 21-30%).....	37

LISTA DE SIGLAS

APCBRH	Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa
CR	Coeficiente médio de relação
F	Coeficiente de Endogamia
ΔF	Taxa de endogamia
<i>fa</i>	Número efetivo de ancestrais
<i>fe</i>	Número efetivo de fundadores
Id mat	Índice linha materna
Id pat	Índice linha paterna
IG	Intervalo de Geração
MOET	Ovulação Múltipla e Transferência de Embriões
TP	Teste de Progenie

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	12
1.1. INTRODUÇÃO	12
1.2. REVISÃO DE LITERATURA.....	13
1.3. METODOLOGIA	18
1.4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	22
CAPÍTULO 2 – ESTUDO DE GENÉTICA DE POPULAÇÃO E ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ	26
2.1. INTRODUÇÃO	26
2.2.1. Banco de Dados.....	28
2.2.2. Estrutura Genética da População e Endogamia	28
2.3. RESULTADOS.....	33
2.4. DISCUSSÕES	42
2.5. CONCLUSÕES	51
2.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	52

CAPÍTULO 1 – REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1.1. INTRODUÇÃO

Conhecer a estrutura populacional é importante não somente para definir alguns ajustes, mas também para avaliar o programa de seleção que será adotado dentro de uma determinada população (MALHADO et al., 2013). Além disso, alguns parâmetros podem ser determinados, como o tamanho efetivo e a diversidade genética, os quais influenciam diretamente na variabilidade genética, e também dentro do melhoramento genético dos animais é de suma importância o conhecimento dos mesmos (AMARAL, 2012). Dada a importância de que a pecuária leiteira é uma das mais importantes atividades, e a qual o melhoramento genético está sempre em evolução, principalmente com o aumento da utilização de modernas tecnologias reprodutivas (BOLIGON et al., 2005).

Deste modo, o eficiente monitoramento e gestão do acasalamento em rebanhos de gado leiteiro para se otimizar a rentabilidade estão se tornando cada vez mais importantes, pois métodos de seleção comumente utilizados, podem aumentar os níveis de endogamia e diminuir a variabilidade genética (BELONSKY; KENNEDY, 1988). Em relação ao tamanho das rebanhos que variam geralmente entre algumas dezenas e centenas de indivíduos, a endogamia ao longo das gerações não tem como ser evitada. Uma questão importante é de como gerenciar esta endogamia dentro dos programas de melhoramento, e o primeiro passo é uma análise dos dados existentes de um pedigree (HINRICHS; THALLER, 2011).

Tal maneira que a análise de pedigree estabelecida como uma mensuração útil, é considerada importante na identificação de circunstâncias que afetam a história da genética dentro de uma população (VALERA et al., 2005). Desta forma, a caracterização e gerenciamento dos níveis de endogamia, tem objetivos importantes dentro dos programas de criação do gado leiteiro, mantendo assim a diversidade genética e evitando que ocorram acúmulos de efeitos prejudiciais associados à endogamia (HOWARD et al., 2017). Com isso, este trabalho teve como objetivos: (i) identificar quantos animais são os fundadores que transmitiram sua genética por gerações até o rebanho atual da raça Holandesa; (ii) avaliar a variabilidade genética dos animais da raça Holandesa; (iii) avaliar o coeficiente de endogamia da raça Holandesa no estado do Paraná.

1.2. REVISÃO DE LITERATURA

A identificação dos melhores animais geneticamente, está ligada juntamente com a utilização das biotecnologias reprodutivas, as quais além de difundir este material genético de maneira mais acelerada, também contribuem para o rápido progresso genético, podendo levar um aumento da endogamia devido ao número reduzido de animais selecionados para serem progenitores da próxima geração (CANAZA-CAYO et al., 2014). E juntamente, se têm os efeitos ocasionados pelos programas de melhoramento sendo particularmente importantes na população de gado Holandês, que foram originalmente estabelecidos pela importação de germoplasma dos EUA, Canadá e Europa (SILVA et al., 2016). Dentro disso, criadores podem estar utilizando os touros de maior destaque, porém, aumentam as chances de animais com maior parentesco entre si e animais descenderem de um grupo pequeno de touros altamente selecionados no passado (PAIVA, 2010).

O progresso genético foi obtido em esquemas de teste de progênie convencional (TP) através da ampla utilização dos melhores touros testados como progênie, do qual foi ativado por meio da inseminação artificial. No entanto, o teste de progênie implica em longos intervalos de geração e enormes custos associados à manutenção dos touros e constituição de um grupo progênie (BOUQUET; JUGA, 2013). Contudo, a avaliação da estrutura populacional e a diversidade genética dos animais, ocorrem a partir de informações relacionadas ao pedigree (FARIA et al., 2001).

Através de alguns parâmetros como o tamanho efetivo, endogamia e intervalo de gerações, é que se tem informações sobre a estrutura populacional (MALHADO et al., 2008). Pode-se dizer que a contribuição genética dos pais (macho e fêmea) não é a mesma, fato contrário proposto pelo modelo de população ideal, mesmo com a produção da progênie para a próxima geração, assim ocasionando alterações na frequência alélica dos animais e na estrutura populacional (OLIVEIRA, 2010). Adicionalmente, em um pedigree com o acúmulo dos melhores animais, se torna praticamente impossível que, em uma determinada geração de gado leiteiro, não se encontrem animais sem múltiplos laços genéticos com certos indivíduos (CROQUET et al., 2007).

Um parâmetro que pode ser utilizado como indicador do grau de endogamia na população é o coeficiente médio de relação (CR), definido por Gutierrez et al. (2003) e Goyache et al. (2003) como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente na população em todo o pedigree ser pertencente a um determinado animal. Também, é definido como a dupla probabilidade de dois alelos, escolhidos aleatoriamente, serem idênticos por descendência.

Desta forma, ele pode ser interpretado como a representação do animal em todo o pedigree, independentemente do conhecimento de seu próprio pedigree. O coeficiente médio de relação de um fundador indica a sua contribuição genética para a população, portanto seu uso como alternativa de conhecimento da endogamia a longo prazo, leva em consideração a porcentagem do pedigree completo (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005). Sendo assim, este parâmetro pode ser utilizado para equilibrar a contribuição genética, evitando que ocorram perdas genéticas decorrentes de práticas de manejo inadequadas (GOYACHE et al., 2003).

Tendo alguma deterioração das características nos animais, devido à endogamia, ela pode ser detectada ao longo dos anos através das estimativas do coeficiente de endogamia (F) e da taxa de aumento da endogamia (ΔF) (CASSEL; ADAMEC; PEARSON, 2003). O coeficiente de endogamia, quantifica a probabilidade de dois alelos presentes no mesmo locus serem idênticos por descendência, do mesmo modo que, a equivalência da metade do grau de parentesco entre seus pais, é medida a partir da correlação entre os gametas que se unem para formar um zigoto (PAIVA, 2006). Sendo assim, o tamanho da população pode influenciar, pois quanto menor seu tamanho em gerações passadas, maior será o valor de F e maior o número de ancestrais comuns (BREDA et al., 2004).

Outro parâmetro populacional importante é o tamanho efetivo (N_e), definido pelo número de animais reprodutores que poderiam gerar a mesma taxa de endogamia ou variâncias nas frequências alélicas, caso estes fossem criados nas condições de uma população idealizada (CABALLERO, 1994). Quando muitos descendentes forem gerados a partir de um pequeno número de animais que são pais, a consequência será um aumento na endogamia, enquanto que a variância no tamanho efetivo será maior, salientando que estes dois parâmetros são inversamente proporcionais. (FARIA et al., 2001). Dentro da conservação genética de uma população, o N_e se torna muito importante, devido aos vários fatores relacionados como a perda na variabilidade genética, à deriva genética e suas possibilidades de adaptação às mudanças ambientais. Deste modo, uma das maneiras de redução do tamanho efetivo pode ser resultado do excessivo aumento na intensidade de seleção (CARNEIRO; MALHADO; MARTINS FILHO, 2010).

Boichard; Maignel e Verrier (1997) mencionaram a respeito do monitoramento da variabilidade genética de uma população, através da origem dos genes, baseando-se em alguns parâmetros: número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais. Número efetivo de fundadores (f_e) representa o número de animais que possuem igual contribuição e produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população em estudo. Os mesmos autores definiram que ancestral é todo o animal antecessor, seja fundador ou não, que explica a

variabilidade genética da população referência, a qual é definida pelos animais que possuem ambos os progenitores conhecidos. Portanto, o número efetivo de ancestrais (f_a) representa o número mínimo de animais, necessário para explicar a total diversidade da população.

Um outro resultado existente entre os parâmetros f_e e f_a para verificação do uso de fundadores, é a razão entre eles (f_e/f_a), em que o resultado reflete diretamente na variabilidade genética (MUASYA; PETERS; KAHN, 2013). Pois, quanto maior é a distância entre f_e e f_a , ou seja, quanto maior o valor de um em relação ao outro, menor é a participação de todos os fundadores na população ao longo das gerações. O ideal seria que os valores de f_e e f_a fossem o mais próximo entre si, ou que houvesse uma diferença entre eles menor possível (ALBUQUERQUE, 2010).

Em bovinos leiteiros, há um enorme interesse em aumentar o número de descendentes obtidos a partir de mães de touros elite por meio de biotécnicas reprodutivas como a ovulação múltipla e transferência de embriões (MOET) ou seleção de óvulos seguido da fertilização *in vitro* (BOUQUET; JUCA, 2013). A transferência de embriões e a fertilização *in vitro*, levaram ao aumento da intensidade de seleção através de uma redução do número de pais necessários para produzir a próxima geração de reprodutores, mas também mudanças na estrutura dos sistemas de transferência de embriões e a ovulação múltipla, reduziram o intervalo de gerações, em consequência têm levado a uma maior ênfase na informação de parentes, em vez de dados sobre o desempenho individual do animal (WEIGEL, 2001). No entanto, Pryce et al. (2010) mostraram que o uso intensivo destas técnicas em animais de um mesmo grupo poderia resultar na elevação da taxa de endogamia. Porém, manter um maior número de animais de outras localidades para realizar a ovulação múltipla e transferência de embriões é recomendado por manter as taxas de endogamia em um nível razoável (KORPIAHO; STRANDÉN; MANTYSAARI, 2003).

Embora esquemas de melhoramento sejam importantes para limitar o aumento da endogamia em uma população, há também uma necessidade de se desenvolver sistemas eficientes os quais possam detectar defeitos genéticos emergentes (AGERHOLM et al., 2001). Entre alguns dos efeitos desfavoráveis causados pela endogamia, estão aqueles ligados a reprodução e produção dos animais. Para se manter a diversidade genética, a conservação dela dentro e entre a raça é necessário (ENGELSMA et al., 2011).

A estrutura genética de uma população é caracterizada pelo número de subpopulações dentro dela, as frequências das diferentes variantes genéticas (alelos) em cada subpopulação, e o grau de isolamento genético das subpopulações (HALDANE, 1954). Segundo Echeverri; Saldamando e Herrera (2015), as inúmeras interações que ocorrem entre os genes, são

responsáveis pela expressão fenotípica de cada característica, seja ela produtiva e reprodutiva, tornando-se necessário o conhecimento das estruturas genéticas dentro das populações.

Em programas de melhoramento com gado leiteiro, a endogamia é difícil de ser evitada, devida à intensa pressão de seleção (HINRICHS et al., 2015). A consequência do processo de endogamia é a redução na variabilidade genética dentro de uma população e no desempenho, principalmente para as características que estão associadas com a aptidão de um indivíduo (por exemplo, fertilidade). Embora o impacto da endogamia em grandes populações seja insignificante, o seu efeito em pequenas populações em que a reprodução seletiva é praticada, este fator não pode ser ignorado (MAIWASHE et al., 2006). Da mesma forma, a endogamia irá assegurar uma fixação das características de maior interesse e uniformidade racial.

O grau de endogamia, descrito como sendo o coeficiente de endogamia (F) ou, formalmente, pela probabilidade de que dois alelos em um locus tomado ao acaso sejam idênticos por descendência (SANTANA; JOSAHKIAN, 2010). Ainda, Falconer (2004) menciona que a descendência idêntica em um locus pode causar a perda da variabilidade genética, com uma maior chance de aparecimento dos genes recessivos prejudiciais no estado homozigoto e depressão por endogamia. Quando ocorre aumento da homozigose, decorrente de alguns ancestrais em algum ponto no passado serem desconhecidos, os genes que se fazem presentes na população passam a ser diferentes por ascendência, representando este ponto como a população-base, tendo seu coeficiente de endogamia igual a zero (FALCONER, 1987).

A perda da heterozigosidade e a diminuição da variabilidade genética são consequências das altas taxas de endogamia ao longo das gerações (FALCONER; MACKAY, 1996). Além disso, os parâmetros com base na probabilidade da origem genética dos animais, em diferentes rebanhos (ROBERTSON, 1953), fundadores (animais sem pais conhecidos), e antepassados também têm sido usados para avaliar as mudanças que ocorrem na população ao longo de um curto período de tempo (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Segundo Pedrosa et al. (2010), a causa de uma maior endogamia, é devido aos resultados do uso intensivo de alguns reprodutores, tendo uma intensidade de seleção alta, assim, apenas um pequeno número de descendentes com uma relação de família forte, será responsável pela manutenção de quase toda a cadeia genética na população. Sendo este um aspecto de grande influência na análise genealógica da estrutura de uma população, devido ao seu efeito sobre a probabilidade de genes perdidos entre as gerações e a consequente redução na variabilidade genética.

O que pode resultar na depressão por endogamia, termo proposto por Dickerson (1963), que é o resultado de todo processo em que se aumenta a frequência de genes recessivos

deletérios, e é caracterizada por uma diminuição no desempenho médio fenotípico dos animais. Falconer e Mackay (1996) definiram a depressão endogâmica como a redução do valor fenotípico médio mostrado por caracteres relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, embora a literatura mostre que a depressão por endogamia possa afetar qualquer característica sob seleção.

Conforme descrito anteriormente, os diferentes estudos que avaliam a depressão por endogamia nas espécies animais tem sido baseados em uma grande variedade de modelos e hipóteses, no entanto, na maioria deles, a depressão por endogamia é estimada como um coeficiente de regressão linear entre um valor fenotípico e o coeficiente de endogamia (LEROY, 2014). Shimbo et al. (2000) ressaltaram que no momento em que os criadores selecionam animais para transmitir suas características raciais aos seus descendentes, se torna inevitável o acasalamento entre parentes.

Diferentes estudos indicam o aumento da consanguinidade nas populações de gado leiteiro pelo mundo. Como mencionado por Van Wyk; Fair e Cloete (2009), a diversidade genética precisa se encontrar em níveis desejáveis, para que os animais respondam melhor as mudanças que ocorrem durante a seleção. Segundo Sanchez; Toro e Garcia (1999), a redução das taxas de endogamia juntamente com um menor efeito de depressão de endogamia nas populações, podem contribuir para o melhor uso da variabilidade genética.

1.3. METODOLOGIA

Através das informações dos animais, foram obtidos resultados para os parâmetros que caracterizam a população. Dos quais dispõem de integridade do pedigree, pedigree completo, número efetivo de fundadores (*fe*) e número efetivo de ancestrais (*fa*), intervalo de gerações (IG), coeficiente de endogamia (*F*), tamanho efetivo de população (*Ne*), coeficiente de relação médio (*CR*) e número de progênies por reprodutor.

Para o nível de integridade do pedigree, sendo este importante para concluir o desempenho dos dados disponíveis, para descrevê-lo foi através do cálculo do número de gerações conhecidas e pela contagem da proporção de antepassados conhecidos às várias gerações anteriores, em que o parâmetro foi estimado pela média da soma de $(1/2) n$, em que o n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada antepassado conhecido.

Na estimação de um conhecimento mais completo da ascendência de um indivíduo em suas gerações passadas, foi realizada através do conhecimento completo de pedigree. A qualidade de completude do pedigree para as gerações foi seguida como proposto por MacCluer et al. (1983), determinando a proporção de indivíduos com informações parentais. Para determinar a profundidade do pedigree d , foi calculado um índice separadamente para as linhas paternas (Id_{pat}) e maternas (Id_{mat}) como a seguinte fórmula:

$$Id_{pat} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i,$$

em que a_i é a proporção de ancestrais conhecidos nas gerações i e d é o número de gerações consideradas. A média de completude do pedigree geral para cada animal, Id , foi calculada como a média harmônica dos índices paternos e maternos da seguinte forma:

$$Id = \frac{4Id_{pat} Id_{mat}}{Id_{pat} + Id_{mat}},$$

em que, se os ancestrais de um indivíduo em uma dada geração específica (d) forem conhecidos, então $Id = 1$ ou se um dos pais (pai ou mãe) for desconhecido, $Id = 0$.

Para estimativa dos parâmetros com base na concentração da origem de ambos animais e genes, foram calculados o número efetivo de fundadores (*fe*) e o número de ancestrais (*fa*). O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição, que produziram uma quantidade similar de diversidade genética como a observada na população em estudo, (PEDROSA et al., 2010). Este parâmetro é calculado de acordo com Boichard, Maignel e Verrier (1997) como:

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

em que f_e é o número efetivo de fundadores e q_k é a probabilidade de origem da contribuição genética de um ancestral k , indicando o real número de fundadores. O número efetivo de ancestrais (f_a) representa o número mínimo de animais (fundador ou não) que são necessários para explicar a diversidade genética completa de uma população. Este parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores que representam as perdas da diversidade genética a qual foi produzida pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutores. A determinação deste parâmetro é calculada como:

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

em que f_a é o número efetivo de antepassados e q_j é a combinação marginal de um antepassado j , que é a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicado por outros antepassados escolhidos antes (PEDROSA et al., 2010).

O intervalo de geração (IG) foi obtido na apresentação dos valores com base na média de idade dos pais ao nascimento das progênes (FALCONER e MACKAY, 1996), em que foram obtidos valor para intervalo médio de geração e para as passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha. A determinação da probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente a partir de toda a população, está se referindo ao cálculo de coeficiente médio de relação (CR). Por isso, este pode ser interpretado como uma possível determinação de quanto o animal pode contribuir geneticamente para a sua população (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

O coeficiente de endogamia (F) de um indivíduo é resultado da probabilidade de se ter dois genes que são idênticos por descendência, sendo o mesmo calculado de acordo com Meuwissen e Luo (1992). Para determinação do coeficiente médio de endogamia de uma determinada geração t , utilizou-se a seguinte fórmula (FALCONER e MACKAY, 1996):

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$

em que o ΔF é a taxa de endogamia de uma geração para outra ou uma nova endogamia. O aumento individual de endogamia (ΔF) foi calculado para cada geração de acordo com a fórmula:

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

em que, F_t e F_{t-1} representam a estimativa de endogamia média da geração atual e da geração anterior, respectivamente (FALCONER e MACKAY, 1996).

Para a estimativa do tamanho da população efetiva “realized” (N_e) (GUTIÉRREZ et al., 2003), pode ser calculada através do $\overline{\Delta F}$ que pode ser facilmente calculado pela média do ΔF_i dos n indivíduos incluídos em uma dada subpopulação de referência, tais como:

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

Sendo que esta forma de calcular o tamanho efetivo da população não é dependente da política de acasalamento de uma população de referência, mas nos acasalamentos realizados ao longo do pedigree de cada indivíduo (PEDROSA et al., 2010). Mas cada geração $F_t > F_{t-1}$, caracteriza o efeito remoto e fechado da endogamia (FALCONER; MACKAY, 1996). No erro padrão de N_e foi calculado a partir do desvio padrão de $\overline{\Delta F}$ e a raiz quadrada do tamanho (n) da população de referência como a fórmula a seguir:

$$\sigma N_e = 2N_e^2 \sigma \Delta F \left(\frac{1}{\sqrt{N_e}} \right)$$

O coeficiente médio de relação (AR) é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente em toda a população no pedigree seja pertencente a um determinado animal. E o mesmo pode ser utilizado como um complemento de F , pois pode prever a consanguinidade de uma população à longo prazo considerando a porcentagem de pedigree completo originado por um determinado fundador (GUTIERREZ; GOYACHE, 2005). De acordo com os mesmos autores o AR pode ser calculado utilizando-se um algoritmo para obter um vetor c' definido como:

$$c' = \left(\frac{1}{n} \right) 1'A$$

em que A é o numerador da matriz de parentesco de tamanho $n \times n$. Por outro lado, o numerador da matriz de parentesco pode ser obtido através da matriz P , em que $P_{ij} = 1$ se j for pai de i , e 0 caso contrário, o que define os pais dos animais (QUAAS, 1976), por meio de:

$$A = \left(I - \frac{1}{2}P \right)^{-1} D \left(I - \frac{1}{2}P' \right)^{-1}$$

em que I é a matriz identidade e D é a matriz diagonal com elementos não zero obtidos por:

$$d_{jj} = 1 - \frac{1}{4} a_{jj} - \frac{1}{4} a_{kk}$$

sendo j e k os pais do indivíduo i . A partir da segunda fórmula tem-se:

$$A \left(I \frac{1}{2} P' \right) = \left(I \frac{1}{2} P \right)^{-1} D$$

Pré multiplicando ambos os lados por $\left(\frac{1}{n} \right) 1'$ obtém-se:

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

e utilizando a primeira fórmula:

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

Multiplicando c' dentro de parênteses e isolando o c' :

$$c' = \left(\frac{1}{n}\right) 1' \left(I - \frac{1}{2} P\right)^{-1} D + \frac{1}{2} c' P'$$

Na obtenção dos números de progênies por reprodutor (mãe e pai), foi baseada no tamanho da população em que se refere ao número de descendentes dos animais que geraram a próxima geração (FALCONER e MACKAY, 1996).

Para o resultado dos cálculos relacionados aos parâmetros populacionais e endogamia foram utilizados os softwares POPREP (GROENEVELD et al., 2009) e ENDOG v.4.5 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

1.4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGERHOLM, J. S. et al. Complex vertebral malformation in Holstein calves. **Journal of Veterinary Diagnostic Investigation**, v. 13, n. 4, p. 283-289, 2001.
- ALBUQUERQUE, A. L. S. Estrutura de um rebanho leiteiro da raça Pardo-suíça no estado do Ceará. 2010. 48 F. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Ceará, Fortaleza (Ceará), 2010.
- AMARAL, R. S. Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em Nelore Mocho do Nordeste do Brasil. 2012. 107 F. Tese (Doutorado). Universidade Estadual da Bahia, Itapetinga, 2012.
- BELONSKY, G. M.; KENNEDY, B. W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding values in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, v. 66, n. 5, p. 1124-1131, 1988.
- BOLIGON, A. A. et al. Herdabilidade e tendência genética para as produções de leite e de gordura em rebanhos da raça Holandesa no estado do rio Grande do Sul. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, n. 5, p. 1512-1518, 2005.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, n. 1, p. 5-23, 1997.
- BOUQUET, A.; JUGA, J. Integrating genomic section into dairy cattle breeding programmes: a review. **Journal Animal**, v. 7, n. 5, p. 705-713, 2013.
- BREDA, F. C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2017-2025, 2004.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Journal Heredity**, v. 73, n. 1, p. 657-679, 1994.
- CANAZA-CAYO, A. W. C. et al. Population structure of Girolando breed. **Ciência Rural**, v. 44, n. 11, p. 2072-2077, 2014.
- CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; MARTINS FILHO, R. Estrutura Populacional e sua aplicação na conservação e melhoramento genético animal. In: VI Congresso Nordestino de produção Animal, 2010, Mossoró: RN. **SNPA 29^a**, Mossoró: RN, 2010.
- CASSEL, B. G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R. E. Effect of incomplete pedigrees on estimates os inbreeding and inbreeding depression for days do firs servisse and summit milk yeld in Holstein and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, v. 86, n. 9, p. 2967-2976, 2003.
- CROQUET, C. et al. Linear and curvilinear effects of inbreeding on production traits for Wallon Holstein cows. **Journal of Dairy Science**, v. 90, n. 1, p. 465-471, 2007.
- DICKERSON, G. E. Experimental evaluation of selection theory in poultry. Genetics Today: International Congresso of Genetics, 11., 1963, London. **International Congress of Genetics**. London: Pergamon Press, 1963. p. 747-761.

ECHEVERRI, J.; SALDAMANDO, C. I.; HERRERA, A. L. Genetic structure analysis of a Holstein cow population in Colombia. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, v. 28, n. 1, p. 54-63, 2015.

ENGELSMA, K. A. et al. Consequences for diversity when prioritizing animals for conservation with pedigree or genomic information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 128, n. 6, p. 473-481, 2011.

FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. **1. ed.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, p. 279, 1987.

FALCONER, D. S. Introduction to Quantitative Genetics. **Genetics**, v. 167, n. 4, p. 1529-1536, 2004.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. **4. ed.** Longman Editors, Essex, UK, 1996.

FARIA, F. J. C. et al. Parâmetros populacionais do rebanho Sindi registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n. 6S, p. 1989-1994, 2001.

GOYACHE, F. et al. Usando informações de pedigree para monitorar a variabilidade genética das populações ameaçadas da extinção: a raça de ovinos Xalda das Astúrias como exemplo. **Jornal de Melhoramento Animal e Genética**, v. 120, p. 95-105, 2003.

GUTIÉRREZ, J. P. et al. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, n. 1, p. 43-63, 2003.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 3, p. 172-176, 2005.

GROENEVELD, E. et al. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 3, p. 1158-1178, 2009.

HALDANE, J. B. Na exact test for randomness of mating. **Journal of Genetics**, v. 52, n. 1, p. 631-635, 1954.

HINRICHS, D. et al. Estimation of ancestral inbreeding effects on stillbirth, calving ease and birthweight in German Holstein dairy cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 132, n. 1, p. 59-67, 2015.

HINRICHS, D.; THALLER, G. Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 9, p. 4726-4733, 2011.

HOWARD, J. T. et al. Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 8, p. 6009-6024, 2017.

KORPIAHO, P. I.; STRANDÉN, I.; MANTYSAARI, E. A. Bull selection across age classes and variable female reproductive rates in an open nucleus breeding scheme of dairy cattle. **Acta Agriculturae Scandinavica A: Animal Science**, v. 53, n. 2, p. 74-82, 2003.

LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. **Animal Genetics**, v. 45, n. 5, p. 618-628, 2014.

MAIWASHE, A. et al. Rate of inbreeding and effective population size in four major South African dairy cattle breeds. **South African Journal of Animal Science**, v. 36, n. 1, p. 50-57, 2006.

MACCLUER, J. W. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **The Journal of Heredity**, v. 74, n. 6, p. 394-399, 1983.

MALHADO, C. H. M. et al. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 9, p. 1163-1169, 2008.

MALHADO, C. H. M. et al. Inbreeding depression on production and reproduction traits of buffaloes from Brazil. **Animal Science Journal**, v. 84, n. 4, p. 289-295, 2013.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305-313, 1992.

MUASYA, T. K.; PETERS, K. J.; KAHN, A. K. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. **Animal Genetic Resources**, v. 52, n. 2, p. 127-137, 2013.

OLIVEIRA, H. P. Q. Estudo da estrutura genética populacional e dos efeitos do programa de melhoramento genético em um rebanho Nelore. Tese (Doutorado), Pirassununga – SP: Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, 2010.

PAIVA, A. L. da C. Endogamia na raça Holandesa no Brasil. Dissertação (mestrado), Viçosa – MG: Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2006.

PAIVA, A. L. da C. Avaliação de métodos de controle de endogamia utilizando dados simulados. Tese (doutorado), Viçosa – MG: Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2010.

PEDROSA, V. B. et al. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 93, n. 2-3, p. 135-139, 2010.

PRYCE, J. E. et al. Deterministic models of breeding scheme designs that incorporate genomic selection. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 11, p. 5455-5466, 2010.

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

ROBERTSON, A. A numerical description of breed structure. **The Journal of Agricultural Science**, v. 43, n. 3, p. 334-336, 1953.

SANCHEZ, L.; TORO, M.; GARCIA, C. Improving the efficiency of artificial selection: more selection pressure with less inbreeding. **Genetics**, v. 151, n. 3, p. 1103-1114, 1999.

SHIMBO, M. V. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas de bovinos da raça Nelore. **In: Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**, Belo Horizonte, MG, 3. p. 388-390, 2000.

SANTANA, J. G.; JOSAHKIAN, A. L. Efeitos da endogamia em zebuínos com ênfase na raça Nelore. **Caderno de Pós-Graduação da FAZU (Faculdade Associados de Uberaba)**, v. 1, n. 1, p. 1-8, 2010.

SILVA, M. H. M. A. et al. Population genetic structure in the Holstein breed in Brazil. **Journal Tropical Animal Health and Production**, v. 48, n. 2, p. 331-336, 2016.

VALERA, M. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Science**, v. 95, n. 1-2, p. 57-66, 2005.

VAN WYK, J. B.; FAIR, M. D.; CLOETE, S. W. P. Case study: the effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. **Livestock Science**, v. 120, n. 3, p. 218-224, 2009.

WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v. 84, supplement, p. 177-184, 2001.

CAPÍTULO 2 – ESTUDO DE GENÉTICA DE POPULAÇÃO E ENDOGAMIA EM ANIMAIS DA RAÇA HOLANDESA NO ESTADO DO PARANÁ

2.1. INTRODUÇÃO

No âmbito da agropecuária, a bovinocultura leiteira mundial é um dos setores em que o monitoramento e gerenciamento de dados é mais aprimorado. Este tipo de controle é primordial não somente para otimização da lucratividade, mas também para uma melhor aplicação de métodos de seleção que proporcionem progresso genético aos rebanhos leiteiros (SILVA et al., 2016). Ao selecionar indivíduos que serão os futuros reprodutores dos rebanhos, é fundamental conhecer o grau de parentesco dos animais a fim de evitar elevados índices de endogamia, proporcionados por acasalamentos de indivíduos que possuem antepassado(s) em comum. Níveis de endogamia elevados podem propiciar consequências indesejáveis na deriva genética, perda de heterose e diminuição da variância genética aditiva (HINRICHS; THALLER, 2011). Cabe ressaltar porém, que a consanguinidade torna-se inevitável em populações em que ocorre seleção de animais (MARRAS et al., 2014) e, desta maneira a utilização de estratégias específicas de acasalamentos seria fundamental para limitar o avanço de endogamia, evitando possíveis consequências indesejáveis às futuras gerações (MEUWISSEN, 1997).

Outra forma de explicação para aumento da endogamia nos programas de melhoramento com bovinos leiteiros, está relacionado a utilização de biotecnologias reprodutivas, como transferência de embrião, inseminação artificial e fertilização *in vitro* (MCPARLAND et al., 2014). Por meio destas técnicas a probabilidade de gerar animais consanguíneos aumenta consideravelmente, visto que há uma intensificação na difusão de material genético de reprodutores específicos. Com isto, torna-se necessário uma análise mais criteriosa da genealogia estrutural das populações (PEDROSA et al., 2010). Para tanto, dentro dessa estrutura populacional, a qual é determinada por frequências alélicas dos diferentes indivíduos, devem ser realizadas avaliações que visam investigar as possíveis mudanças na distribuição da variabilidade genética, juntamente com o tamanho efetivo da população, coeficiente de endogamia e intervalo de gerações, com base nas informações de pedigree (BARROS et al., 2017). É importante ressaltar que alguns parâmetros avaliados junto ao pedigree podem alterar a variabilidade genética da população como o número de fundadores, número de antepassados, e tamanho da população, sendo que esses, devem ser considerados para uma melhor implementação de programas de melhoramento animal (BERNARDES et al., 2016). Como afirmam Barros et al. (2017), a magnitude das mudanças estruturais na população, avaliadas

pelo pedigree visam investigar as subpopulações formadas e as proporções desta mudança, das quais decorrem de uma alta seleção.

No Brasil, os principais rebanhos leiteiros utilizam material genético importado, principalmente advindos de touros provados em países como os Estados Unidos, Canadá e Europa (HAMMAMI et al., 2009). Com isto, machos que se destacam internacionalmente, tendem a tornar-se progenitores em diversos países, e, por muitas vezes, os filhos destes mesmos touros, em um intervalo relativamente curto, também têm seu material genético disseminado mundialmente que, por consequência, induzem a um significativo aumento da porcentagem de endogamia (NORMAN; POWELL, 1999).

Dentre as raças leiteiras, a Holandesa é reconhecida mundialmente, não somente por suas elevadas taxas produtivas, mas também por seu material genético disponível em todos os continentes, principalmente nos últimos 50 anos (HAMMAMI et al., 2007). Relacionado principalmente ao uso intensivo da seleção artificial, para ganhos em características de produção de leite (RODRÍGUEZ-RAMILO et al., 2015). Sendo esta uma raça em evidência, são comuns os experimentos que avaliem os parâmetros e os ganhos genéticos obtidos ao longo dos anos. No entanto, são poucos os levantamentos científicos relacionados a estrutura populacional na raça Holandesa, bem como os efeitos causados por uma possível consanguinidade existente nos rebanhos. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a estrutura populacional e endogâmica dos rebanhos da raça Holandesa no estado do Paraná, a fim de verificar o processo de distribuição dos genes entre os animais ao longo dos anos.

2.2. MATERIAL E MÉTODOS

2.2.1. Banco de Dados

Os dados utilizados para realização deste estudo foram fornecidos pela Associação Paranaense dos Criadores de Bovinos da Raça Holandesa – APCBRH. Este banco de dados era referente às informações colhidas pela associação em que continham características de produção de leite, proteína e gordura, de animais da raça Holandesa, provenientes de rebanhos que estão alocados em propriedades localizadas no estado do Paraná.

Antes de ocorrer a consistência dos dados, o arquivo era composto por 177.058 animais dos quais eram dispostos de 3.065 rebanhos com animais nascidos desde 1967 à 2014. Decorreram ajustes com datas de nascimento, touros foram acrescentados ao arquivo (baseando-se em fontes online para descobrir ano de nascimento, pai e mãe), assim como as mães foram realocadas, pois não se tinha ideia de quais e quantas fêmeas tinham se tornado mães. Após a organização e limpeza destes dados, estava criado o pedigree completo, que incluiu a identidade do animal, seu pai e mãe, e ano de nascimento. Do qual se teve um aumento de 16,76% de animais, os quais compunham 200.856 fêmeas e 5.940 machos, compondo então 206.796 animais na totalidade, nascidos no período entre 1970 e 2014. Desses animais, 45.905 possuíam um ou ambos os pais desconhecidos e 160.891 formaram a população de referência. Sendo a consistência destes dados realizada no SAS (2009).

2.2.2. Estrutura Genética da População e Endogamia

A partir de um conjunto mínimo de informações dos animais, foram obtidos resultados para os parâmetros que caracterizam a população: integridade do pedigree, pedigree completo, número efetivo de fundadores (f_e) e número efetivo de ancestrais (f_a), intervalo de gerações (IG), coeficiente de endogamia (F), tamanho efetivo de população (N_e), coeficiente médio de relação (CR) e número de progênies por reprodutor.

Para o nível de integridade do pedigree, importante para concluir o desempenho dos dados disponíveis, para descrevê-lo foi através do cálculo do número de gerações conhecidas e pela contagem da proporção de antepassados conhecidos a várias gerações anteriores, em que o parâmetro foi estimado pela média da soma de $(1/2)^n$, onde o n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada antepassado conhecido.

Na estimação de um conhecimento mais completo da ascendência de um indivíduo em suas gerações passadas, foi realizada através do conhecimento completo de pedigree. A qualidade de completude do pedigree para as gerações foi seguida como proposto por MacCluer

et al. (1983), determinando a proporção de indivíduos com informações parentais. Para determinar a profundidade do pedigree d , foi calculado um índice separadamente para as linhas paternas (Id_{pat}) e maternas (Id_{mat}) como a seguinte fórmula:

$$Id_{pat} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d ai,$$

em que a_i é a proporção de ancestrais conhecidos nas gerações i e d é o número de gerações consideradas. A média de completude do pedigree geral para cada animal, Id , foi calculada como a média harmônica dos índices paternos e maternos da seguinte forma:

$$Id = \frac{4Id_{pat} Id_{mat}}{Id_{pat} + Id_{mat}},$$

em que, se os ancestrais de um indivíduo em uma dada geração específica (d) forem conhecidos, então $Id = 1$ ou se um dos pais (pai ou mãe) for desconhecido, $Id = 0$.

Para estimativa dos parâmetros com base na concentração da origem de ambos animais e genes, foram calculados o número efetivo de fundadores (fe) e o número de ancestrais (fa). O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição, que produziram uma quantidade similar de diversidade genética como a observada na população em estudo, (PEDROSA et al., 2010). Este parâmetro é calculado de acordo com Boichard, Maignel e Verrier (1997) como:

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

em que fe é o número efetivo de fundadores e q_k é a probabilidade de origem da contribuição genética de um ancestral k , indicando o real número de fundadores. O número efetivo de ancestrais (fa) representa o número mínimo de animais (fundador ou não) que são necessários para explicar a diversidade genética completa de uma população. Este parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores que representam as perdas da diversidade genética a qual foi produzida pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutores. A determinação deste parâmetro é calculada como:

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

em que fa é o número efetivo de antepassados e q_j é a combinação marginal de um antepassado j , que é a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicado por outros antepassados escolhidos antes (PEDROSA et al., 2010).

O intervalo de geração (IG) foi obtido na apresentação dos valores com base na média de idade dos pais ao nascimento das progênes (FALCONER; MACKAY, 1996), em que foram

obtidos valor para intervalo médio de geração e para as passagens gaméticas: pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha. A determinação da probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente a partir de toda a população, está se referindo ao cálculo de coeficiente médio de relação (CR). Por isso, este pode ser interpretado como uma possível determinação de quanto o animal pode contribuir geneticamente para a sua população (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

O coeficiente de endogamia (F) de um indivíduo é resultado da probabilidade de se ter dois genes que são idênticos por descendência, sendo o mesmo calculado de acordo com Meuwissen e Luo (1992). Para determinação do coeficiente médio de endogamia de uma determinada geração t , utilizou-se a seguinte fórmula (FALCONER; MACKAY, 1996):

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$$

em que o ΔF é a taxa de endogamia de uma geração para outra ou uma nova endogamia. O aumento individual de endogamia (ΔF) foi calculado para cada geração de acordo com a fórmula:

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

em que, F_t e F_{t-1} representam a estimativa de endogamia média da geração atual e da geração anterior, respectivamente (FALCONER; MACKAY, 1996).

Para a estimativa do tamanho da população efetiva “realized” (N_e) (GUTIÉRREZ et al., 2003), pode ser calculada através do $\overline{\Delta F}$ que pode ser facilmente calculado pela média do ΔF_i dos n indivíduos incluídos em uma dada subpopulação de referência, tais como:

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

Sendo que esta forma de calcular o tamanho efetivo da população não é dependente da política de acasalamento de uma população de referência, mas nos acasalamentos realizados ao longo do pedigree de cada indivíduo (PEDROSA et al., 2010). Mas cada geração $F_t > F_{t-1}$, caracteriza o efeito remoto e fechado da endogamia (FALCONER; MACKAY, 1996). No erro padrão de N_e foi calculado a partir do desvio padrão de $\overline{\Delta F}$ e a raiz quadrada do tamanho (n) da população de referência como a fórmula a seguir:

$$\sigma N_e = 2N_e^2 \sigma \Delta F \left(\frac{1}{\sqrt{N_e}} \right)$$

O coeficiente médio de relação (CR) é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente em toda a população no pedigree seja pertencente a um determinado animal. E o mesmo pode ser utilizado como um complemento de F, pois pode prever a

consanguinidade de uma população à longo prazo considerando a porcentagem de pedigree completo originado por um determinado fundador (GUTIERREZ; GOYACHE, 2005). De acordo com os mesmos autores o CR pode ser calculado utilizando-se um algoritmo para obter um vetor c' definido como:

$$c' = \left(\frac{1}{n}\right) 1'A$$

em que A é o numerador da matriz de parentesco de tamanho $n \times n$. por outro lado, o numerador da matriz de parentesco pode ser obtido através da matriz P , em que $P_{ij} = 1$ se j for pai de i , e 0 caso contrário, o que define os pais dos animais (QUAAS, 1976), por meio de:

$$A = \left(I - \frac{1}{2}P\right)^{-1} D \left(I - \frac{1}{2}P'\right)^{-1}$$

onde I é a matriz identidade e D é a matriz diagonal com elementos não zero obtidos por:

$$d_{jj} = 1 - \frac{1}{4} a_{jj} - \frac{1}{4} a_{kk}$$

sendo j e k os pais do indivíduo i . A partir da segunda fórmula tem-se:

$$A \left(I - \frac{1}{2}P'\right) = \left(I - \frac{1}{2}P\right)^{-1} D$$

Pré multiplicando ambos os lados por $\left(\frac{1}{n}\right) 1'$ obtém-se:

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

e utilizando a primeira fórmula:

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

Multiplicando c' dentro de parênteses e isolando o c' :

$$c' = \left(\frac{1}{n}\right) 1' \left(I - \frac{1}{2}P\right)^{-1} D + \frac{1}{2} c' P'$$

Na obtenção dos números de progênes por reprodutor (mãe e pai), o qual foi baseada no tamanho da população onde se refere ao número de descendentes dos animais que geraram a próxima geração (FALCONER; MACKAY, 1996). Desta maneira as variações que ocorrem no tamanho da família devido as contribuições, são influenciadas pela taxa de endogamia e tamanho efetivo da população. Sendo assim as estatísticas resumidas de descendes por reprodutor que mais se destacou, foram divididas para a linha materna e paterna através das distribuições resumidas nas Figuras 6 e 7.

Para o resultado dos cálculos relacionados aos parâmetros populacionais e endogamia foram utilizados os softwares POPREP (GROENEVELD et al., 2009) e ENDOG v.4.5 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

2.3. RESULTADOS

O nível de integridade do pedigree, também denominado integralidade, representa a quantidade de animais com parentesco conhecido e serve como parâmetro do quão informativo é o pedigree utilizado. Com base no conjunto de dados total disponível para o presente estudo, a primeira geração de antepassados apresentou grau de integralidade de 78,02%. Posteriormente, a segunda geração de antepassados foi composta de 39,91%, seguido pela terceira geração com 17,42% (Figura 1), mostrando uma esperada diminuição progressiva para 4,51; 0,77 e 0,14, das gerações subsequentes. A partir da geração de avós nota-se expressiva diminuição da porcentagem de animais conhecidos de origem paterna. Tal fato está relacionado ao natural viés do conjunto de dados direcionado a linha materna, tipicamente existente em estudos de bovinos leiteiros e que, no presente caso, é reforçado pela utilização quase exclusiva de sêmen importado, o que dificulta o rastreamento das informações dos ascendentes dos touros em questão. Contudo, o presente estudo teve um conhecimento dos animais até a sexta geração (Figura 2).

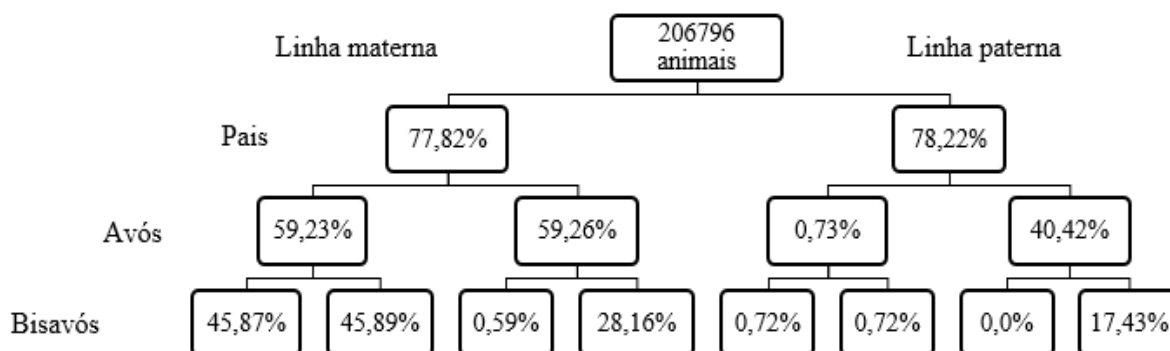


Figura 1 - Totalidade dos animais no pedigree juntamente com o nível de identificação dos ancestrais até a terceira geração em bovinos da raça Holandesa no estado do Paraná

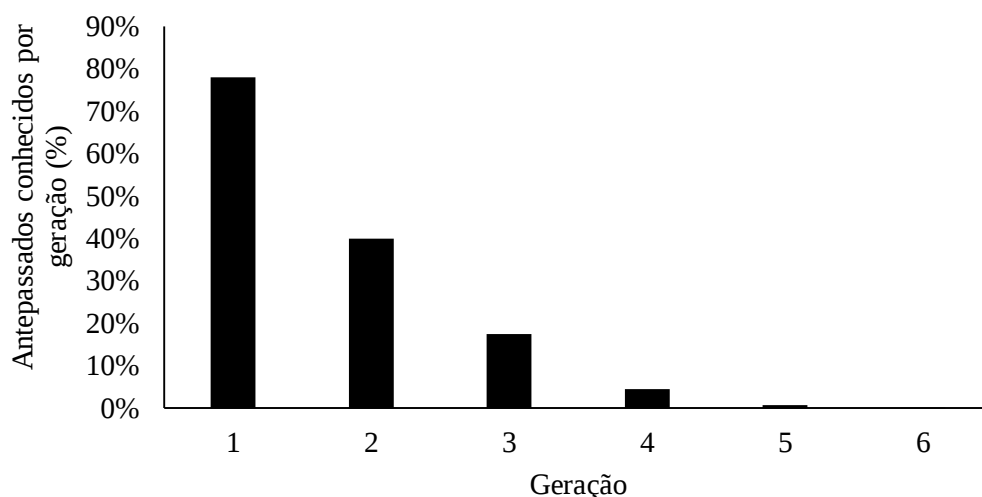


Figura 2- Associação de todas as gerações conhecidas na população da raça Holandesa no estado do Paraná

Na Figura 3 pode ser observado o demonstrativo das gerações ao longo dos anos. Nota-se que o conhecimento adquirido a despeito da geração 1 e as gerações subsequentes, torna-se, naturalmente, mais completo conforme os anos posteriores a avaliação inicial. Com isto, evidencia-se por exemplo, que para geração 1, após meados de 2010, o conhecimento médio do pedigree completo se encontra em torno de 96%. No entanto, considerando as sucessivas gerações e principalmente a geração 6 é a que possui todos seus ancestrais conhecidos e está com um valor médio de pedigree completo de 25%. O que torna a única diferença entre as gerações, a separação dos indivíduos de seus ancestrais mais distantes.

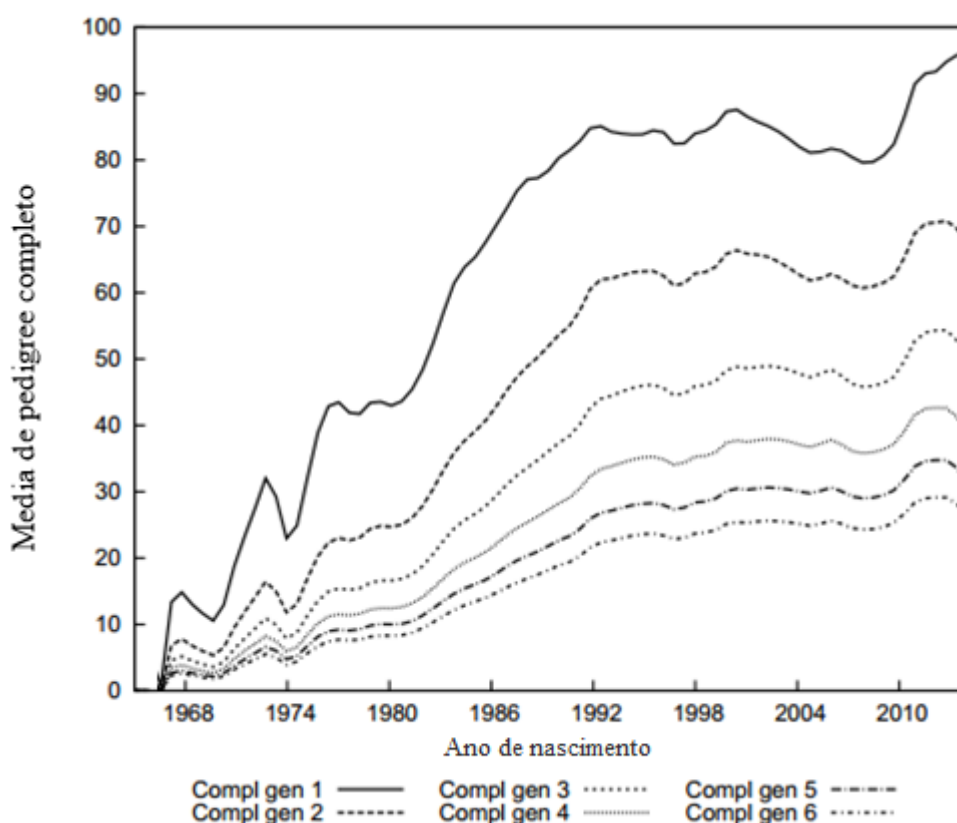


Figura 3- Média de pedigree completo para 1ª a 6ª gerações da população da raça Holandesa no estado do Paraná.

O intervalo de geração (IG – média de idade dos pais ao nascimento da prole) tem como fator importante afetar o progresso genético de um rebanho com base no seu período de tempo. Quanto mais curto o intervalo de geração mais rápida é a mudança genética da população. Na Tabela 1 encontram-se os valores de intervalo de gerações entre os pais e suas progênes e o intervalo médio de geração. A média de intervalo de geração na população estudada foi de 6,3 anos, e para as passagens gaméticas o intervalo de geração teve uma maior discrepância entre elas. A idade do pai ao nascimento da filha (pai – filha) foi 8,5 anos, maior em relação aos demais, seguido por 7,0; 5,6; 4,1 anos para as passagens gaméticas de pai – filho, mãe – filho e mãe – filha, respectivamente para o rebanho da raça Holandesa. O fato do alto valor entre pai – filha pode ser explicado pelo uso intenso de touros com idade avançada, o que é ocasionado e explicado principalmente pela utilização de sêmen.

Tabela 1- Intervalo de geração das passagens gaméticas e intervalo médio de geração na população da raça Holandesa no estado do Paraná.

Passagens Gaméticas	Nº de Observações	Intervalos (anos)
Pai – filho	697	7,0
Pai – filha	75.300	8,5
Mãe – filho	58	5,6
Mãe – filha	75.254	4,1
Intervalo médio de geração	-----	6,3

As proporções de genes idênticos por descendência são calculadas e determinadas para uma população a partir do conhecimento do seu pedigree (CANAZA-CAYO, 2013). Logo, recomenda-se o constante monitoramento dos animais selecionados para serem os futuros reprodutores dos rebanhos, para que, desta forma, haja possibilidade do controle dos níveis de endogamia das populações (BREDÁ et al., 2004). A Tabela 2 demonstra a distribuição dos animais ao longo dos anos do estudo, em que, os níveis de endogamia foram distribuídos em três categorias, a saber: primeira categoria, entre 0-10%, na qual concentrou-se o maior número de animais endogâmicos; segunda categoria, entre 11-20%, com um número substancialmente pequeno de animais endogâmicos; terceira categoria, entre 21-30%, nesta categoria os poucos animais possuem um nível de endogamia muito mais elevado em relação ao rebanho; quarta categoria, entre 31-40%, não encontrou-se animais endogâmicos com estes níveis.

Tabela 2- Distribuição dos animais da raça Holandesa por ano e níveis de endogamia (Categoria 1 = 0-10%, 2 = 11-20% e 3 = 21-30%)

Ano	Categorias		
	1	2	3
1970 - 1975	2726	0	1
1976 - 1980	8095	0	2
1981 - 1985	19707	6	9
1986 - 1990	28460	25	17
1991 - 1995	29624	17	14
1996 - 2000	29821	15	15
2001 - 2005	30416	44	6
2006 - 2010	37921	39	12
2011 - 2014	18100	32	3

O coeficiente de endogamia (F) obtido, considerando toda população avaliada, entre indivíduos com e sem endogamia, foi de 0,21%. De acordo com Stachowicz et al. (2011), quando o arquivo de pedigree é incompleto, e ainda, assumindo que o cálculo de F é subestimado ao incluir uma grande quantidade de animais não endogâmicos, habitualmente considera-se o F médio como demonstrativo da endogamia média do rebanho. No presente estudo, o F médio foi de 4,99%, em que os valores mínimos e máximos de endogamia individual foram de 0,01% e 25,15%, respectivamente. A estimação da endogamia do presente pedigree, demonstrou que dentre um total de 206.796 animais, 12.192 (5,89%) apresentaram algum nível de endogamia. Dos 12.192 animais endogâmicos, foi observado que 60,86% dos animais eram progênie, 39,03% eram de vacas e 0,11% eram dos touros. Para a média de endogamia encontrada em cada uma das classes descritas, a progênie apresentou 4,55%, seguida por 7,25% e 0,22% das vacas e touros, respectivamente.

A Figura 4 apresenta a tendência de endogamia através das gerações, demonstrando especificamente o valor de distribuição dos animais e seus respectivos coeficientes de endogamia por cada geração. Começando pelas gerações mais tardias, ou seja, dos animais mais velhos em que a endogamia é mais alta com 17,07% (14ª geração) e esta mesma endogamia com o passar das gerações diminui seu valor e se estabiliza em 1,5%, para 1ª, 2ª e 3ª geração.

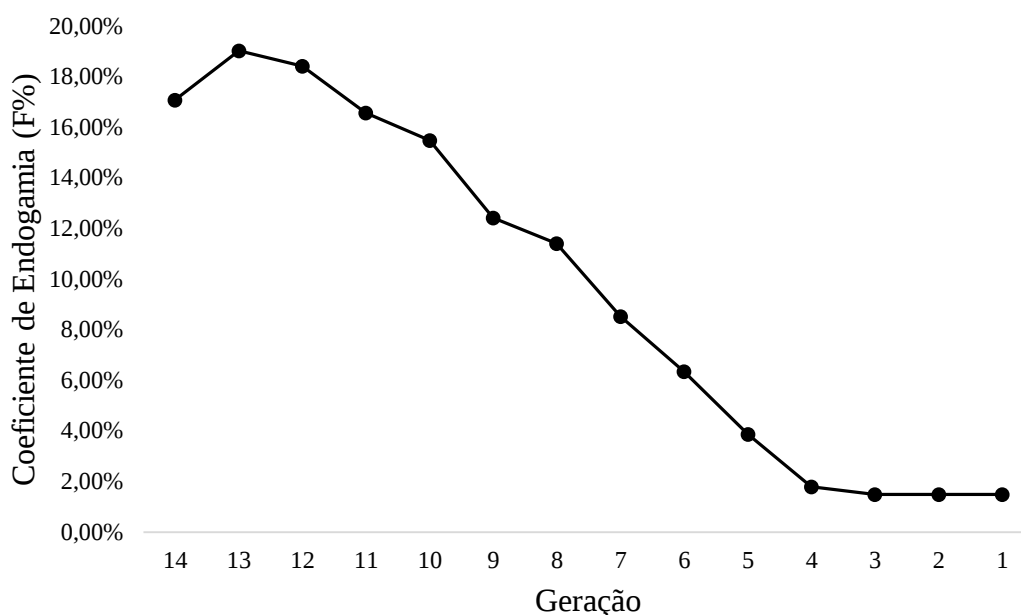


Figura 4- Tendência de endogamia por geração de animais da raça Holandesa no estado do Paraná.

Outro parâmetro importante a ser interpretado e útil na prevenção de elevados níveis de endogamia é o tamanho efetivo da população (N_e). O N_e é amplamente utilizado como ferramenta para analisar a variabilidade genética da população, por ser um indicador do número equivalente de animais não aparentados (WEIGEL, 2003). Visto que o coeficiente de endogamia e o tamanho efetivo da população têm relação inversamente proporcional, segundo Pedrosa et al. (2010), com o aumento de consanguinidade na população tende-se a ampliar as relações de parentesco e, naturalmente, isto implicará na diminuição do tamanho efetivo da população.

Para apresentação dos resultados do tamanho efetivo da população (N_e) e do coeficiente de endogamia (F) (Figura 5), foram agrupados os animais endogâmicos da raça Holandesa em períodos equivalentes a cinco anos, para facilitar a ilustração dos achados, no longo período analisado. Percebe-se que os valores para F e N_e são inversamente relacionados, enquanto o coeficiente de endogamia diminui seus valores com o passar dos anos, o tamanho efetivo aumenta. Lembrando que o N_e é definido como o número de animais que dará origem a endogamia da população estudada (EDMANDS, 2007). Na Figura 5 observa-se que houveram oscilações nos valores de F com início em 12,75% nos anos de 1980-1984, seguindo com uma queda proporcional nos valores para 9,19%; 6,49%; 4,66%; 3,85%; 2,31% e 2,60% no último período de 2010-2014; o mesmo ocorreu com valores de N_e , porém estes aumentaram com o passar dos anos, com um valor de 22 no período de 1980-1984, para 31, 45, 63, 77, 129 em anos seguintes e 114 para o último ano de 2010-2014.

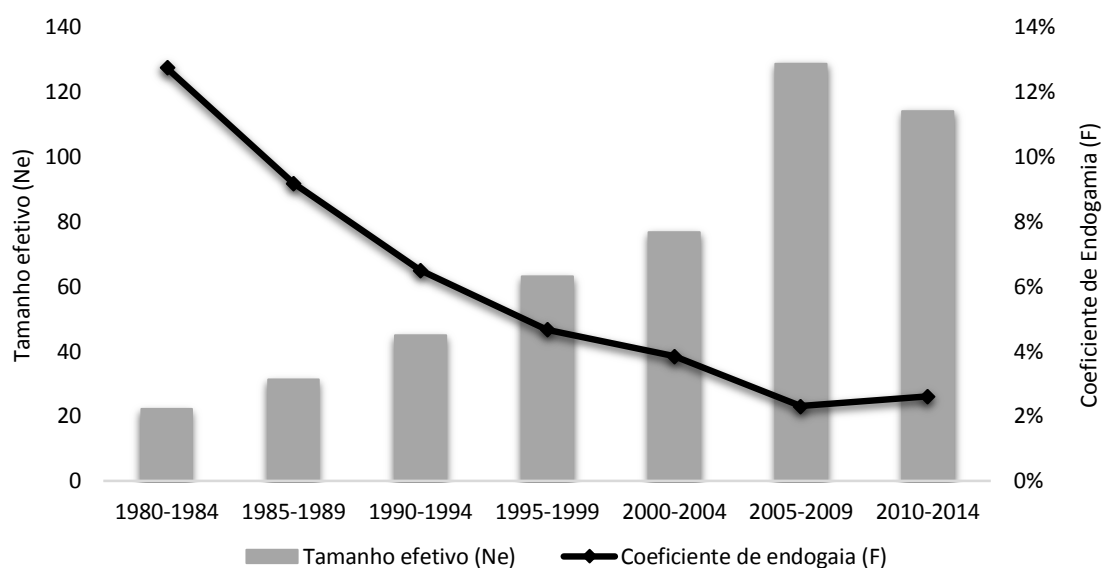


Figura 5- Coeficiente de Endogamia (F) e Tamanho efetivo populacional (Ne) distribuídos em função do ano de nascimento para animais endogâmicos da raça Holandesa.

Utilizando o coeficiente médio de relação (CR), é possível determinar o quanto o animal contribui geneticamente em sua população. Segundo Gutierrez e Goyache (2005), é também considerado como um outro indicador de endogamia na população, pois define qualquer probabilidade de um alelo ao acaso pertencer à um indivíduo. Para a população em estudo o CR foi estimado em 0,71%, sendo este valor um indicativo da contribuição genética dos fundadores, a qual está sendo transmitida para as gerações seguintes. O número total de animais na população referência, aquela em que os animais têm ambos os pais conhecidos, foi 160.891. Referente a população base, foi identificado o número de animais responsáveis pela variabilidade genética na população, ou seja, indivíduos fundadores e ancestrais. O número de animais fundadores representou 35.091 animais, sendo que o número efetivo de fundadores (fe) foi 418, número este que representa os animais igualmente contribuintes na produção da diversidade genética da população. Para entanto, o número efetivo de ancestrais (fa) e o número total de ancestrais contribuintes na população de referência foram estimados em 400 e 34.131, respectivamente. Ressaltando que o número efetivo de ancestrais representa o número mínimo de animais (fundadores ou não) os quais explicam a diversidade genética completa da população em estudo. Resultados dos valores de fe e fa tem o intuito de contribuir com monitoramento da variabilidade genética dentro de uma população, pois através da distância existente entre estes resultados, que obtemos uma mensuração de quanto os animais fundadores tiveram participação dentro da população ao longo das gerações, sendo que quanto maior a

distância menor é a contribuição (MUASYA; PETERS; KAHN, 2013). E desta forma, a distância entre fe e fa , a qual é muito pequena, aponta alta participação dos animais fundadores na população ao longo das gerações.

Segundo Boichard, Maignel e Verrier (1997), o desequilíbrio existente entre a população base e a população referência, devido a ocorrência de perda na diversidade genética que existe nos animais fundadores, pode ser estudada através da relação entre o número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais (fe/fa). O resultado desta relação foi 1,045, indicando não existir alta redução da variabilidade genética, pois quanto maior este valor da relação, maiores os estrangulamentos existentes na genética com perdas de genes de origem.

Cabe ressaltar ainda, a importância não somente em mostrar o quanto o material genético foi disseminado no rebanho, mas além disto, identificar quais animais tem destaque nesta população. As Figuras 6 e 7 apresentam uma classificação, respectivamente das mães e dos pais com maior número de progênie na população em estudo. Considerando isso, o ancestral reprodutor que deixou o maior número de filhas na população foi AX117760, com mais de 1400 progênie, sendo que a Figura 7 também mostra mais 29 animais com maior número de progênie. Nota-se a importância de muitos de muitos reprodutores para a formação da população em estudo. Mesmo nas fêmeas (Figura 6), que habitualmente não apresentam um número elevado de progênie, há matrizes com destacada contribuição genética para os rebanhos da raça Holandesa no estado do Paraná.

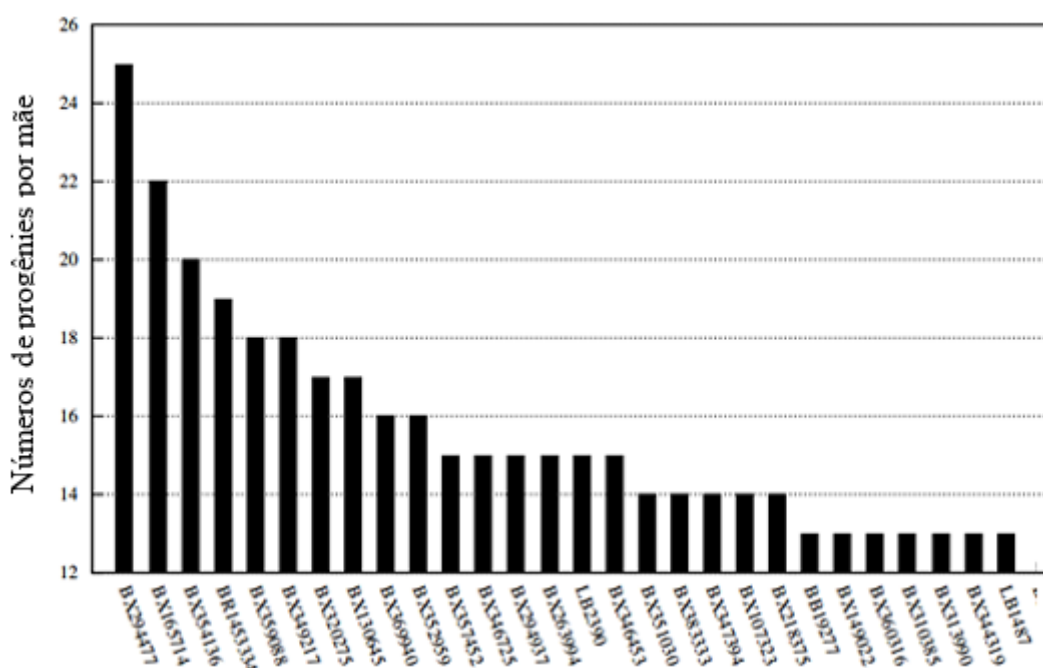


Figura 6- Mães com maior número de progênie na população da raça Holandesa no estado do Paraná.

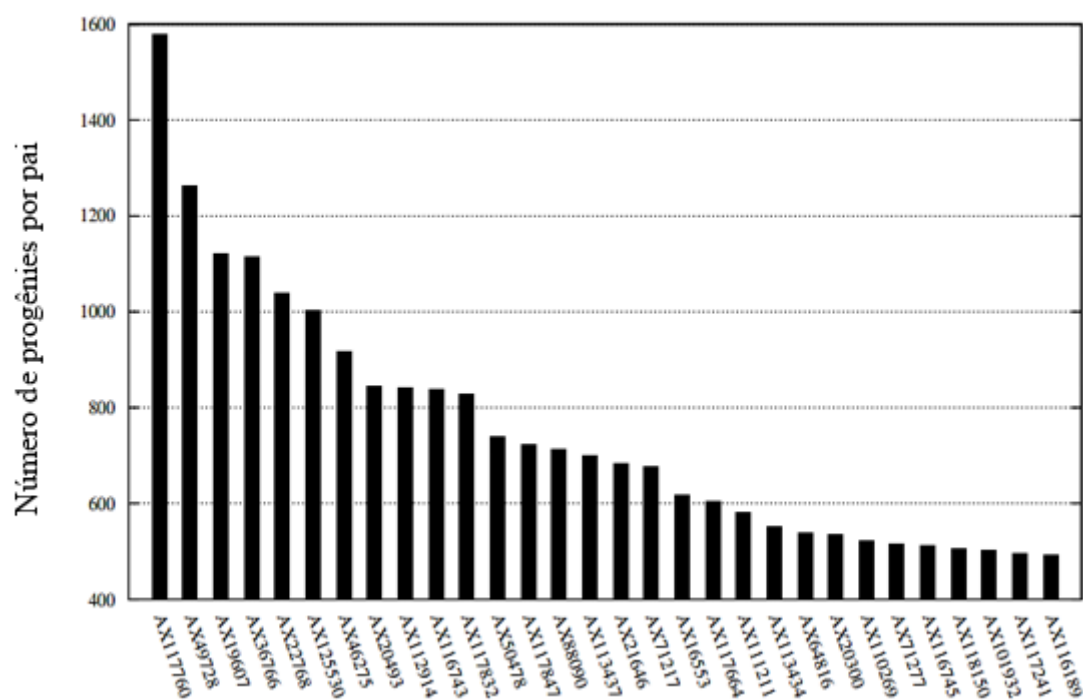


Figura 7- Pais com maior número de progênes na população da raça Holandesa no estado do Paraná.

2.4. DISCUSSÕES

De acordo com o estudo do nível de integralidade do pedigree pôde-se observar que o conhecimento das duas primeiras gerações de antepassados foi bastante informativa, demonstrando a qualidade no controle de dados realizado pela Associação Paranaense de Criadores de Bovinos da Raça Holandesa do Estado do Paraná. A elevada integralidade do pedigree permitirá um bom conhecimento do histórico populacional, além de um melhor nível informativo à respeito do parentesco entre os indivíduos (HINRICHS; THALLER, 2011). Assim, haverá maior possibilidade de conexão das informações de relacionamento entre os indivíduos, melhorando o conhecimento de ancestrais comuns e, como consequência tornando a estimação do coeficiente de endogamia mais confiável (GUTIERREZ et al., 2003).

Entretanto, a partir da geração dos avós o nível de integralidade do pedigree para a linha paterna quando comparada a linha materna passa a ser menos informativa. Tal fato está relacionado a utilização de sêmen de touros criados e selecionados no exterior, o que dificulta o conhecimento completo da sua linhagem no banco de dados utilizado no Brasil. Esta problemática também é mencionada por Rokouei et al. (2010) em um estudo de populações na raça Holandesa do Irã, na qual o nível de integralidade é elevado nas duas primeiras gerações de antepassados, com diminuição significativa a partir da terceira geração, por conta da elevada utilização de sêmen importado.

Cabe ressaltar, no entanto, que a pouca informação de origem paterna não deixa que o pedigree da população seja incompleto, pois na bovinocultura leiteira os estudos têm um enfoque maior na linha materna, o que se deve à retenção das fêmeas nos rebanhos para produção de leite. Os machos, por sua vez, são geralmente descartados no Brasil e por isso não constam nos registros da associação, uma vez que não são utilizados no processo reprodutivo. Ao avaliar o nível de conhecimento dos pedigrees de rebanhos de bovinos leiteiros no Brasil, o conteúdo de informação do pedigree neste estudo (78,02% primeira geração) demonstrou ser o mais completo quando comparado ao de outras raças. Canaza-Cayo et al. (2014), apresentaram um conhecimento de 61,1% na primeira geração ao estudar a população de bovinos da raça Girolando no Brasil. Nível inferior de integralidade do pedigree também foi observado para raça Pardo Suíça criada em rebanhos brasileiros, segundo Albuquerque (2010), em que os valores de integridade do pedigree foram de 53,13% (pais) e 50,81% (mães).

Com relação ao conhecimento da profundidade do pedigree, o número máximo das gerações que separou o indivíduo do seu ancestral mais distante foi de 6 gerações. Este fato foi decorrente da dispersão das informações para gerações posteriores, onde naturalmente se

tornam menos completas. Mas, como mostrado na Figura 3, para média de pedigree completo segundo as gerações mais antigas, o conhecimento dos animais pertencentes àquela determinada geração é mais intensa, onde se tem todos os ancestrais conhecidos. Desta forma, o grau de profundidade do pedigree se torna importante (MACCLUER et al., 1983), pois a partir dele se têm a identificação dos antepassados conhecidos (pais, avós, bisavós, etc) com base em proporções percentuais, da qual se distingue as vias paternas e maternas, sendo este, quanto mais profundo, melhor a qualidade dos demais parâmetros avaliados na população (GUTIÉRREZ et al., 2003).

Uma questão ainda mais importante que o número de gerações, é o intervalo de geração existente nas populações, visto que este parâmetro está diretamente relacionado ao ganho genético dos rebanhos. O resultado do intervalo médio de geração de 6,3 anos foi condizente com o esperado, já que mesmo no estado do Paraná, alguns rebanhos são criados em sistema à pasto, o que ocasionalmente, resulta em animais um pouco mais tardios e como consequência pode elevar o intervalo médio de gerações. De acordo com Leroy (2014), o intervalo médio de gerações para a raça Holandesa é de 5 anos nos rebanhos de países como Estados Unidos e Canadá, em que os sistemas de alimentação são quase que exclusivamente confinados e há intensa seleção para diminuição dos intervalos de geração. No entanto, quando o sistema de produção foi semelhante ao observado no presente estudo, os resultados de intervalo de gerações foram bastante semelhantes, como o valor médio de 6,12 anos para a raça Holandesa na Espanha (RODRÍGUEZ-RAMILO et al., 2015). Ao avaliar os resultados apresentados em estudos com rebanhos leiteiros no Brasil, estes foram bastante elevados como visto em Paiva (2006) com 7,33 para a raça Holandesa, Peixoto et al. (2010) com 7,48 na raça Guzerá e Reis Filho et al. (2010) com 8,41 na raça Gir. Tal fato possivelmente está relacionado aos sistemas mais extensivos adotados nos rebanhos citados acima, além de menores taxas de reposição de reprodutores (touros e vacas), quando comparados aos rebanhos da raça Holandesa do estado do Paraná.

Em relação as passagens gaméticas, verifica-se que o intervalo de geração médio de pai-progênie se sobressaiu em relação à mãe-progênie, pois no Brasil existe uma intensa utilização do mesmo sêmen de um reprodutor em várias mães, e com o emprego da inseminação artificial os touros continuam vivos e podem dispor de seu sêmen por muitos anos, sendo que não se tem uma rápida substituição dos melhores reprodutores (VAHLSTEN, 2004), acarretando neste intervalo de geração maior. Porém com a entrada da era genômica este fato tende a diminuir, devido a maior substituição dos animais, e a maior disponibilidade de melhores touros. Comparando-se as fêmeas, os produtores não têm uma alta rotatividade dentro da propriedade

pois necessitam ter um rebanho estável gerando lucros (GARCÍA-RUIZ et al., 2016). Possivelmente, as fêmeas do presente estudo, com um IG médio maior decorrente de serem animais tardios e não sofrerem muita seleção, somente são descartadas de um rebanho quando não tem mais a capacidade de se reproduzir, visto que não há descarte baseado em mérito genético.

De acordo com Rodríguez-Ramilo et al. (2015), no estudo com a raça Holandesa na Espanha, também encontraram valores para intervalo médio de geração de pai-progênie (pai-filho 6,06 e pai-filha 5,24) maiores, se comparados à mãe-progênie (mãe-filho 3,88 e mãe-filha 3,77). Nos Estados Unidos foi encontrado para a raça Holandesa maiores valores para as passagens gaméticas de pai-progênie, das quais pai-filho e pai-filha resultaram em 6,9 anos para o intervalo de geração (GARCÍA-RUIZ et al., 2016).

As proporções de probabilidade da origem genética ajudam a entender o desenvolvimento histórico de uma população (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997). Através da diversidade existente entre a ascendência, ficam disponíveis as informações de previsão a tendência futura de endogamia (MUASYA; PETERS; KAHN, 2013). Desta forma, a proporção de genes idênticos por descendência é caracterizado a partir de um coeficiente de endogamia, que irá determinar o conhecimento do pedigree (CANAZA-CAYO et al., 2014), como representado no presente estudo com uma distribuição dos animais por ano e níveis de endogamia (Tabela 2), demonstrando que a população de bovinos leiteiros da raça Holandesa no estado do Paraná tem um provável controle dos acasalamentos e que os níveis de endogamia são relativamente baixos. Em nosso estudo, evidenciou-se que no início da década de 80 a concentração de animais com alguma porcentagem de endogamia aumentou consideravelmente, o que deve estar relacionado a pouca quantidade de animais controlados naquela época, em que os poucos rebanhos controlados utilizavam os mesmos reprodutores por um longo período, associados ainda a um baixo número de touros disponíveis.

O valor máximo de endogamia para algum indivíduo foi de 25%, conforme apresentado na Tabela 2 (categoria 3). Animais com elevada endogamia individual habitualmente estão ligados a ênfase na escolha de touros e mães com melhores valores para determinada característica. Devido a intensidade excessiva na utilização reprodutiva de determinados animais e, muitas vezes, da utilização continua até mesmo de filhos e netos destes, espera-se um aumento do coeficiente de endogamia, inclusive a níveis indesejados. Assim, quando um animal tem sua genética difundida amplamente, podem ocorrer problemas com as altas pressões de seleção (PAIVA, 2006). Bem como, os programas de seleção devem propor diferentes estratégias para manter a diversidade genética (FERNÁNDEZ et al., 2011).

Weigel e Lin (2002), em estudo com diversas raças leiteiras nos Estados Unidos afirmam que uma leve redução no ganho genético pode ser necessária para que haja um melhor controle das taxas de endogamia, atribuindo então um balanço economicamente viável entre a seleção e a endogamia. No entanto, devido aos avanços nas técnicas de identificação de reprodutores, como visto no processo de seleção genômica, há uma maior propensão ao aumento da endogamia, graças ao aumento na intensidade de seleção de machos, futuros touros comerciais. Desta forma, Weigel (2001) analisando as raças leiteiras nos Estados Unidos encontrou um crescimento na taxa de endogamia, que na década de 80 era 1%, passando para 5% no início dos anos 2000. Muitos estudos apontam que aumentos consideráveis de endogamia, podem ocasionar redução no valor médio de algumas características (LEROY, 2014). Pois dentre tantos fatores dos quais possibilitam a utilização mais concentrada de alguns animais como reprodutores, o acarretamento de problemas nas características devido ao acúmulo de endogamia se torna inevitável (HOWARD et al., 2017).

Para o presente estudo o F médio foi de 4,99% que, conforme Dezetter et al. (2015), pode ser considerado um nível de endogamia controlado e que não deve influenciar significativamente as características de importância econômica. Hinrichs e Thaller (2011) e Stachowicz et al. (2011), em estudos com a raça Holandesa, respectivamente na Alemanha e no Canadá encontraram valores de F médio de 4,9% e 6%. Os referidos autores mencionam que dentro de suas populações, para estes valores a possibilidade de se acumular efeitos negativos no rebanho e em suas características, tende a se tornar um agravante caso os mesmos aumentem consideravelmente devido à má administração de seleção dos animais e a perda da diversidade genética.

Poucos estudos utilizando a raça Holandesa apresentaram valores baixos de F médio, como os de Hammami et al. (2007) utilizando rebanhos da Tunísia e Luxemburgo, em que o F médio foi de 2,12% e 3,10%, respectivamente. Os referidos autores relacionam os baixos valores com a elevada diversidade genética apresentada nas referidas populações e também aos baixos índices de pedigree completo. Cabe ressaltar que o coeficiente de endogamia é um valor relativo, que depende muito do nível de integridade do pedigree dos animais que estão em estudo. Portanto pode-se dizer que o valor de F encontrado no presente trabalho, em relação aos valores encontrados na literatura, está dentro dos níveis desejados (DEZETTER et al., 2015), não oferecendo portanto, riscos a população com relação ao aumento na homozigose.

Uma questão importante entre o presente estudo e o de Hinrichs e Theller (2011) com animais da raça Holandesa, está relacionado ao número de animais endogâmicos. No presente estudo o número de animais foi considerado baixo (12.192 animais, ou seja, 5,89%), levando

em consideração o total de animais encontrados no pedigree (206.796 animais), entretanto o estudo citado como exemplo, de um total de 73.946 animais 69,42% (51.334) são animais endogâmicos, mostrando que a quantidade de animais da raça Holandesa no estado do Paraná que possuem algum nível de endogamia são aceitos de um modo que o valor econômico relacionado as características de maior interesse não estejam sendo afetadas, e sim, complementadas pela melhor variabilidade genética existente.

Se avaliarmos somente o F médio por sexo, podemos observar que as fêmeas são as maiores responsáveis por elevar os índices de endogamia (7,25%). Tal fato pode ser explicado por serem animais que permanecem muito tempo dentro do rebanho dando origem a muitas progênes que carregarão o material genético das gerações antecessoras. Adicionalmente, muitos rebanhos utilizam o sêmen dos mesmos touros em mães e filhas, o que eleva o coeficiente de endogamia das fêmeas ao longo dos anos. Em fêmeas da raça Holandesa na Alemanha as vacas apresentaram um F médio de 5% no ano (HINRICHS; THALLER, 2011), pouco acima do valor médio de toda a população. Neste caso, as fêmeas não elevaram de maneira impactante o nível médio de endogamia, pois na população em questão, as taxas de reposição são controladas com base em um programa de seleção genética que considera o descarte de fêmeas com base no mérito genético e nos coeficientes de endogamia.

Uma tendência de endogamia através das gerações, pode ser analisada a partir da Figura 4 (gráfico de gerações em ordem decrescente, dos animais mais velhos para os mais novos). Observa-se que os animais mais velhos (animais fundadores) apresentaram valores de F relativamente mais elevados até a 12ª geração. A partir desta, os valores para F diminuem com o passar das gerações e estabilizam nas gerações 3, 2 e 1 com valores de F 1,5%, para as mesmas. Para estas três gerações mais recentes, houve uma maior diversidade genética associada ao aumento do número de animais e rebanhos controlados e uma maior gama de touros com sêmen disponível no mercado. Com isto, os níveis de endogamia foram reduzidos e, por consequência houve um aumento da heterozigosidade. Em contraste, Stachowicz et al. (2011) observaram que os níveis de endogamia foram crescentes nos últimos anos. Isto pode ser justificado pelo característico comportamento dos coeficientes de endogamia nos rebanhos norte-americanos, em que a utilização de material genético concentrada em alguns machos de elevado mérito genético resultou em maiores índices endogâmicos nestas populações. Como agravante para estes rebanhos, pode-se constatar um aumento expressivo da endogamia nos primeiros anos da seleção genômica fato que conforme apresentado na Figura 5, também passou a atingir os rebanhos brasileiros que da penúltima a última gerações voltaram a apresentar inclinação positiva na curva de endogamia e diminuição no tamanho efetivo. No entanto, com

o passar dos anos, este fato estará mais bem controlado e uma diminuição da endogamia através das gerações deverá ocorrer, visto que por meio da seleção genômica os melhores indivíduos serão selecionados e não mais as melhores famílias (VANRADEN et al., 2011).

O gerenciamento de F , em muitas populações é visto como uma forma em se evitar que valor da endogamia extrapole a níveis indesejáveis, porém não existe um valor perigoso de F , pois dependerá da geração que está se analisando. Em grupos de população fechada sempre haverá alguns animais com elevado valores médios de F , desta forma se torna importante para uma população a relação entre a endogamia e o tamanho efetivo da população, pois desta forma, pode-se avaliar o impacto da endogamia em todo o rebanho e não somente em indivíduos específicos (WOOLIAMs et al., 2015).

O tamanho efetivo é uma definição do número de indivíduos de ambos os sexos que contribuem geneticamente para uma população, e quanto maior seu valor, maior possibilidade de diversificação genética na população, sendo este inversamente proporcional ao nível de endogamia. Assim sendo, a Figura 5 demonstrou o agrupamento de animais em períodos equivalentes a cinco anos (dentro de todo o período analisado), apresentando resultados de N_e e F para a população em estudo. Como observado, houve oscilações nos valores de F e N_e durante os períodos analisados e o coeficiente de endogamia apresentou uma tendência de redução por período analisado, conforme mencionado anteriormente.

Em relação ao N_e , os maiores valores foram obtidos no período entre 2005-2009 e o menor em 1980-1984. Neste caso, os anos anteriores à 2005 o tamanho efetivo da população se encontra baixo, o que demonstra que poucos são os animais que estão sendo utilizados na população para reprodução, contribuindo para as elevações dos níveis de endogamia e consequentemente maior acasalamento entre parentes. Mas a medida que seguem os anos o N_e aumenta, em razão de os criadores procurarem por animais reprodutores fora da sua zona populacional de criação dos animais. Visto que mesmo com a utilização de reprodutores na população, o acasalamento está sendo monitorado adequadamente para que haja uma baixa porcentagem de endogamia. E esta alta do N_e no período entre 2005-2009 está relacionado com a maior utilização das tecnologias reprodutivas, juntamente com o aumento do número de animais controlados favorecendo o melhor uso dos mesmos, e na maior disponibilidade de touros no mercado. Fato este, propicia maior diversidade genética entre os animais favorecendo a melhoria nos níveis de endogamia.

Considerado como um parâmetro importante, o N_e constitui-se de um parâmetro chave dentro da conservação genética de uma população, ocasionado pela sua relação inversa com o aumento da endogamia (BARROS, 2009). E quanto menor for o tamanho da população em

gerações anteriores, consequentemente maior será o número de ancestrais em comum (BREDA et al., 2004). Desta forma, na Figura 5, a oscilação que ocorre entre os valores de tamanho efetivo da população juntamente com valores de endogamia, são fatores elementares a se considerar diante de que a diversidade genética na população é de grande importância. Por isso, não é indicado se dizer que quanto maior ou menor a diversidade existente em uma população melhor. Meuwissen (2009) relatou sobre a importância de se manter uma diversidade genética adequada através do seu gerenciamento, onde se faz necessário que tenham taxas aceitáveis de endogamia e N_e . Diante do presente estudo, a queda acentuada no valor de endogamia durante os períodos pode não ser totalmente desejada, pois sabe-se que quanto menor o F maior a heterozigosidade existente entre os animais, e isso pode ser desfavorável a ponto de não se ter uma fixação de genes desejáveis e importantes dentro da população que favoreçam a produção. Mas a partir do momento que a fixação destes genes ocorrer, a maior diversidade genética pode ser destacada, propiciada pela elevada N_e , a qual terá uma maior variabilidade genética dentro da população (WEIGEL, 2003), propiciando melhoria dos rebanhos. Segundo Aggrey, Lin e Cheng (1995), as oscilações que ocorrem nas populações com maior ou menor valor de N_e é consequência das mudanças aleatórias da frequência gênica no período de seleção. Uma sugestão de tamanho efetivo da ordem de 500 animais para manutenção do potencial evolutivo indefinido, foi relatado por Frankham (1995), porém outros autores recomendaram valores entre 30 a 250 animais para não haver decréscimo no valor adaptativo dos animais (MEUWISSEN; WOOLLIAMS, 1994). E diante destes resultados para N_e , observa-se que o presente estudo está entre os níveis considerados pelos autores. Por isso, ter um equilíbrio entre a endogamia e o tamanho efetivo da população é necessário, onde se destaca a diversidade genética, uma vez que, tanto a fixação de genes quanto a maior variabilidade genética são importantes dentro de uma população.

Resultados para N_e na raça Holandesa no Brasil, apresentou grande variação, atingindo valor de 3.016 animais (SILVA et al., 2016), muito maior ao comparado com animais da mesma raça no Paraná. O aumento de N_e conforme os anos passam, está muito relacionado com o uso intensivo do material genético através da inseminação artificial, entretanto esta grande diferença entre animais no Brasil e no Paraná pode ser resultado do melhor controle dos animais. No entanto, os valores encontrados para o presente estudo são consideravelmente maiores aos relatados por Rodríguez-Ramilo et al. (2015), com valores de N_e variando de 61,3 à 101, os quais concluíram que seus baixos valores podem acarretar em um acúmulo de endogamia decorrente da seleção de poucos animais.

Segundo Falleiro et al. (2014) a estimativa de parâmetros populacionais como o tamanho efetivo de população e os coeficientes de endogamia, podem ser subestimados devido à falta de integridade existente no pedigree. Desta maneira, as estimativas de endogamia podem ser influenciadas tanto pelo acasalamento entre animais intimamente relacionados, como também por uma possível subestimação resultante da falta de informações completas sobre o pedigree (MALHADO et al., 2012). Desta forma, utiliza-se o coeficiente médio de relação (CR), visto que baixos valores para CR significam animais com baixo nível de compartilhamento de alelos em relação à população (GOYACHE et al., 2010). O valor de CR observado neste estudo foi 0,71%, sendo esta a porcentagem de contribuição genética dos fundadores. Gutiérrez et al. (2003) mencionaram que valores de CR abaixo de 1% representam uma grande diversidade de touros utilizados ao longo da história para formação das populações. E, o resultado de CR obtido no presente estudo demonstra que não houve exagero por parte dos criadores na intensidade de utilização dos mesmos reprodutores, propiciando uma diversidade genética benéfica aos programas de melhoramento genético. Pavlik et al. (2012), em estudo com a raça Holandesa na Eslováquia, relataram CR de 2,72%, que levou os autores a concluir que naquele país poucos reprodutores foram utilizados de maneira intensiva, resultando em diminuição da variabilidade genética e consequentemente dificultando o processo de seleção.

Ao analisar a população referência, o número efetivo de fundadores (f_e) foi de 418 animais e o número efetivo de ancestrais (f_a) foi de 400 animais. Tais valores podem ser considerados muito próximos entre si, indicando que existe um baixo efeito fundador, ou seja, tem uma grande quantidade de animais contribuindo para a variabilidade genética da população. Em outros casos a diferença entre estes valores é consideravelmente grande, o que implica em um número pequeno de antepassados contribuindo com uma perda na diversidade genética, a qual é acelerada com a pressão de seleção dos animais e pode causar maiores taxas de endogamia futura (SORENSEN; SORENSE; BERG, 2005; HAMMAMI et al., 2007) também relataram sobre a desigualdade existente entre os dois valores, ressaltando a contribuição desequilibrada entre fundadores e antepassados ocasionada parcialmente pela baixa integridade do pedigree e pela contribuição de poucos reprodutores, e da mesma forma que recomendam o uso de novos animais para que haja um enriquecimento e maximização do ganho genético junto com uma manutenção da diversidade. Desta forma, destacando que os trabalhos citados acima possuem resultados mais baixos que o presente estudo, pode-se induzir que ocorra um aumento considerável de endogamia devido aos poucos animais transmitindo a genética dentro da população, salientando também que a diferença encontrada entre os valores de f_e e f_a mostram o quanto a participação dos fundadores ao longo das gerações foi pequena. No Irã, animais da

raça Holandesa obtiveram valor para tamanho efetivo de fundadores e antepassados com uma enorme diferença, tendo o fe 19 vezes maior que fa , e relatando que pode haver incompletude das informações do pedigree e perda da diversidade genética dentro desta população (DADAR et al., 2014).

Baseado nos resultados de fe e fa , faz-se uma relação entre eles a qual através do seu resultado vai indicar se há desequilíbrio entre a população base e a população referência, com perdas na diversidade genética. O resultado encontrado para este estudo ($fe/fa = 1,045$) foi considerado bom, não indicando existir alta redução da variabilidade genética dentro da população e estrangulamentos com perdas de genes de origem, conforme os indicadores apontados por Boichard, Maignel e Verrier (1997).

Diante de tantos resultados, é importante identificar quais foram os animais mais utilizados e com maior destaque dentro da população. Através da Figura 6 foi possível observar que 28 matrizes tiveram destacado número de progênie, enfatizando que o material genético das vacas também pode ser disseminado em elevada escala, principalmente com o uso de técnicas como a transferência de embriões e a fertilização *in vitro* onde podem propagar-se por muitas gerações. Já na Figura 7 têm-se o conhecimento dos pais com maior número de progênie, destacando-se 30 touros. O primeiro animal possui um número de progênie muito superior aos demais, constatando sua grande utilização do material genético através do sêmen importado dentro da população. O grande número de descendentes a partir destes touros no pedigree, demonstra a amplitude do efeito desses animais na estrutura genética na população atual da raça Holandesa no Paraná. Afim serem evitados altos níveis de endogamia na progênie, fazer o controle de acasalamentos entre os animais mesmo do seu material genético é essencial, o qual minimiza o número de alelos recessivos letais e principalmente melhora o processo de melhoramento genético dos rebanhos (HOWARD et al., 2017).

2.5. CONCLUSÕES

De acordo com o nível de endogamia encontrado, verificou-se que a distribuição genética ao longo dos anos não resultou no aumento do grau de parentesco entre os animais da população. O elevado número de animais fundadores e contínua mudança de touros sem parentesco entre as gerações, propiciou significativa variabilidade genética entre os rebanhos. Ressalta-se a importância do contínuo gerenciamento do processo de seleção para que os índices de endogamia permaneçam controlados, mantendo a variabilidade genética adequada nas próximas gerações.

2.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGGREY, S. E.; LIN, C. Y.; CHENG, K. M. Size of breeding populations required for selection programs. **Theory Applied Genetic**, v. 91, n. 4, p. 553-556, 1995.

ALBUQUERQUE, A. L. S. **Estrutura de um rebanho leiteiro da raça Pardo-suíça no estado do Ceará**. 2010. 48 F. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal do Ceará, Fortaleza (Ceará), 2010.

BARROS, E. A. Estrutura populacional e variabilidade genética do núcleo de conservação da raça Marota no Piauí. 2009. 63 F. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2009.

BARROS, E. A. et al. Population structure and genetic variability of the Segurena sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, v. 149, n. 10, p. 128-133, 2017.

BERNARDES, P. A. et al. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. **Livestock Science**, v. 187, p. 96-101, 2016

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, n. 1, p. 5-23, 1997.

BREDA, F. C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2017-2025, 2004.

CANAZA-CAYO, A. W. Avaliação genética da produção de leite e de características reprodutivas de bovinos da raça Girolando. 2013. 119 F. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

CANAZA- CAYO, A. W. et al. Population structure of Girolando breed. **Ciência Rural**, v. 44, n. 11, p. 2072-2077, 2014.

DADAR, M. et al. Rates of inbreeding and genetic diversity in Iranian Holstein Cattle. **Japanese Society of Animal Science**, v. 85, n. 10, p. 888-894, 2014.

DEZETTER, C. et al. Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein, montbéliarde, and normande cows. **Journal of Dairy Science**, v. 98, n. 7, p. 4904-4913, 2015.

EDMANDS, S. Between a rock and a hard place: evaluating the relative risks of inbreeding and outbreeding for conservation and management. **Molecular Ecology**, v. 16, p. 463-475, 2007.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. **4. ed.** Longman Editors, Essex, UK, 1996.

FALLEIRO, V. B. et al. Population structure and genetic variability of Angus and Nelore Herds. **Journal of Agricultural Science**, v. 6, n. 12, p. 276, 2014.

FERNANDEZ, J. et al. Management of genetic diversity in small farm animal populations. **Animal**, v. 5, n. 11, p. 1684-1698, 2011.

FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v. 29, n. 103, p. 305-327, 1995.

GARCÍA-RUIZ, A. et al. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 113, n. 28, p. 3995-4004, 2016.

GOYACHE, F. et al. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. **Información Técnica Económica Agraria**, v. 106, n. 1, p. 3-14, 2010.

GUTIÉRREZ, J. P. et al. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, n. 1, p. 43-63, 2003.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 3, p. 172-176, 2005.

GROENEVELD, E. et al. POPREP: a generic report for population management. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 3, p. 1158-1178, 2009.

HAMMAMI, H. et al. Genetic Diversity and Joint-Pedigree Analysis of Two Importing Holstein Populations. **Journal of Dairy Science**, v. 90, n. 7, p. 3530-3541, 2007.

HAMMAMI, H. et al. Environmental sensitivity for milk yield in Luxembourg and Tunisian Holstein by herd management level. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n. 9, p. 4604-4612, 2009.

HINRICHS, D.; THALLER, G. Pedigree analysis and inbreeding effects on calving traits in large dairy herds. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 9, p. 4726-4733, 2011.

HOWARD, J. T. et al. Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. **Journal of Dairy Science**, v. 100, n. 8, p. 6009-6024, 2017.

LEROY, G. Inbreeding depression in lestock species: review and meta-analysis. **Animal Genetics**, v. 45, n. 5, p. 618-628, 2014.

MACCLUER, J. W. et al. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. **The Journal of Heredity**, v. 74, n. 6, p. 394-399, 1983.

MCPARLAND, S. et al. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal of Animal Science**, v. 85, n. 2, p. 322-331, 2014.

MALHADO, C. H. M. et al. Population structure and genetic variability in the Murrah dairy breed of water buffalo in Brazil accessed via pedigree analysis. **Tropical Animal Health and Production**, v. 44, n. 8, p. 1891-1897, 2012.

MARRAS, G. et al. Analysis of runs of homozygosity and their relationship with inbreeding in five cattle breeds farmed in Italy. **Animal Genetics**, v. 46, n. 2, p. 110-121, 2014.

MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, n. 4, p. 305-313, 1992.

MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, n. 7-8, p. 1019-1026, 1994.

MEUWISSEN, T. H. E. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 75, n. 4, p. 934, 1997.

MEUWISSEN, T. H. E. Genetic management of small populations: A review. **Acta Agriculture Scandinavica**, v. 59, n. 2, p. 71-79, 2009.

MUASYA, T. K.; PETERS, K. J.; KAHN, A. K. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. **Animal Genetic Resources**, v. 52, n. 2, p. 127-137, 2013.

NORMAN, H. D.; POWELL, R. L. Dairy cows of high genetic merit for yields of milk, fat and protein selection for high yielding dairy cows. **Journal of Animal Science**, v. 12, n. 8, p. 1316-1323, 1999.

PAIVA, A. L. da C. **Endogamia na raça Holandesa no Brasil**. Dissertação (mestrado), Viçosa – MG: Universidade Federal de Viçosa, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, 2006.

PAVLIK, I. et al. Analysis of Holstein Bulls in Slovakia. **Scientific Papers: Animal Science and Biotechnology**, v. 45, n. 1, p. 230-234, 2012.

PEDROSA, V. B. et al. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, v. 93, n. 2-3, p. 135-139, 2010.

PEIXOTO, M. G. C. D et al. Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzarat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, v. 131, n. 2-3, p. 168-174, 2010.

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

REIS FILHO, J. C. et al. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 12, p. 2640-2645, 2010.

RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T. et al. Genome-wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the Spanish holstein population. **PLoS ONE**, v. 10, n. 4, p. 1-11, 2015.

ROKOU EI, M. et al. Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. **Journal of Dairy Science**, v. 93, n. 7, p. 3294-3302, 2010.

SAS Institute Inc. Statistical Analysis System user's guide. Version 9.2. Cary: SAS Institute, USA, 2009.

SILVA, M. H. M. A. et al. Population genetic structure in the Holstein breed in Brazil. **Journal Tropical Animal Health and Production**, v. 48, n. 2, p. 331-336, 2016.

SORENSEN, A. C.; SORENSEN, M. K.; BERG, P. Inbreeding in Danish dairy cattle populations. **Journal of Dairy Science**, v. 88, n. 5, p. 1865-1872, 2005.

STACHOWICZ, K. et al. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 10, p. 5160-5175, 2011.

VAHLSTEN, T. Coefficients of relationship and inbreeding among Finnish Ayrshire and Holstein-Friesian. **Agricultural and Food Science**, v. 13, n. 4, p. 338-347, 2004.

VANRADEN, P. M. et al. Genomic inbreeding and relationship among Holsteins, Jerseys, and Brown Swiss. **Journal of Dairy Science**, v. 94, n. 11, p. 5673-5682, 2011.

WEIGEL, K. A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v. 84, supplement, p. 177-184, 2001.

WEIGEL, K. A. Controlling Inbreeding. 2003. Disponível em: http://www.wisc.edu/dysci/uwex/genetics/pubs/10_Controlling_Inbreeding.pdf. Acesso em: 02/10/2017.

WEIGEL, K. A.; LIN, S. W. Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs. **Journal of Dairy Science**, v. 85, n. 9, p. 2376-2383, 2002.

WOOLIAMS, J. A. et al. Genetic contributions and their optimization. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 132, n. 2, p. 89-99, 2015.